



CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y DE ESTUDIOS
AVANZADOS DEL INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
UNIDAD ZACATENCO
DEPARTAMENTO DE
GENÉTICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

**“POBLACIONES PREHISPÁNICAS Y CONTEMPORÁNEAS MAYA
MEXICANAS: AFILIACIÓN GENÉTICA A TRAVÉS DEL LINAJE
MATERNO Y MICROSCOPIA ELECTRÓNICA DE BARRIDO DE ALTA
RESOLUCIÓN Y ESPECTROSCOPIA DE ENERGÍA DISPERSIVA DE LOS
RESTOS ANTIGUOS”**

T E S I S

Que presenta

M en C. Mirna Isabel Ochoa Lugo

Para obtener el grado de

DOCTORA EN CIENCIAS

EN LA ESPECIALIDAD DE

GENÉTICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Directoras de la Tesis:

Dra. María de Lourdes Muñoz Moreno

Dra. Javiera Cervini Silva

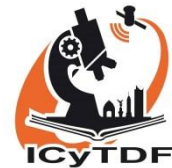
Ciudad de México

Julio, 2016.



Gracias a CONACYT por la beca otorgada a la autora de este proyecto con Numero de Registro 227698 para la realización de mis estudios de Doctorado, gracias por ser una institución comprometida con el desarrollo científico, que contribuyó al desarrollo de este proyecto, el cual se llevó a cabo en el Laboratorio 1 del Departamento de Genética y Biología Molecular de CINVESTAV-IPN, Unidad Zacatenco, Ciudad de México.

Este trabajo fue apoyado en parte por la Secretaría de Ciencia y Tecnología del D. F. (ICYT-PINV11-47)



Gracias a ICyT por la beca otorgada para la realización de mis estudios de Doctorado, gracias por ser una Institución comprometida con el desarrollo científico, que contribuyó al desarrollo de este proyecto, el cual se llevó a cabo en el Laboratorio 1 del Departamento de Genética y Biología Molecular de CINVESTAV-IPN, Unidad Zacatenco, Ciudad de México.

Directoras de tesis:

Dra. María de Lourdes Muñoz Moreno

Dra. Javiera Cervini Silva

Asesores de tesis:

Dra. Rosa María del Refugio Bermúdez Cruz, CINVESTAV

Dr. Luis Kameyama Kawabe, CINVESTAV

Dr. Michael H. Crawford, KU, EUA

Dr. Eduardo Palacios González, IMP

AGRADECIMIENTOS

COMITÉ TUTORIAL

Gracias a la Dra. María de Lourdes Muñoz Moreno por su dirección y apoyo incondicional en el desarrollo de este proyecto, así como a sus valiosos consejos en mi vida personal y académica, gracias por ser una excelente directora.

Gracias a la Dra. Javiera Cervini Silva por su co-tutoría y por todo su apoyo en el desarrollo de este proyecto, gracias por brindarme su confianza y valiosos conocimientos.

Gracias al Dr. Eduardo Palacios González por su asesoría en el desarrollo de este proyecto y por su colaboración para el uso del Microscopio Electrónico de Barrido y Espectroscopía de Energía Dispersiva, gracias por brindarme su confianza para la obtención de resultados.

Gracias al Dr. Michael H. Crawford por su asesoría en el desarrollo de este proyecto, por sus atenciones de calidad en mi Estancia en la Universidad de Kansas, por el curso y apoyo personal en las herramientas Bioestadísticas para Genética de Poblaciones, gracias por que conocí un excelente ser humano en todos los sentidos.

Gracias al Dr. Luis Kameyama Kawabe por su asesoría en el desarrollo de este proyecto, gracias por brindarme su paciencia y excelentes consejos que me enseñan a visualizar mi futuro en la ciencia.

Gracias a la Dra. Rosa María del Refugio Bermúdez Cruz por su asesoría en el desarrollo de este proyecto, gracias por cada una de sus preguntas que me hicieron crecer en mi área de investigación.

AGRADECIMIENTOS COLABORADORES DEL PROYECTO

GENÉTICA DE POBLACIONES ANTIGUAS

Gracias al Dr. Gerardo Pérez Ramírez por ser excelente apoyo auxiliar tanto en lo experimental como en el análisis de resultados y en el empleo de las herramientas Bioestadísticas para Genética de Poblaciones, gracias por ser mi amigo.

Gracias al Biol. Miguel Moreno Galeana por ser excelente apoyo auxiliar en el área experimental del estudio del DNA antiguo, gracias por ser mi amigo.

Gracias al M. en C. Adrián Martínez Meza por proporcionarme las muestras arqueológicas, así como material bibliográfico de su contexto arqueológico, gracias por ser mi amigo.

Gracias al Dr. Arturo Romano Pacheco que en Paz Descanse por proporcionarme muestras arqueológicas y colaboración en los diferentes sentidos de mi proyecto, gracias por ser un excelente ejemplo en el área de investigación de Antropología Física.

Gracias al Arqueólogo Eduardo Ramos por proporcionarme muestras arqueológicas y su colaboración en los diferentes sentidos de mi proyecto, gracias por su valiosa motivación para la vida misma.

Gracias a la Dra. Beaty Kristine por brindarme tus conocimientos en el empleo de las herramientas Bioestadísticas para Genética de Poblaciones, gracias por ser mi amiga, gracias por que conocí una excelente persona con una maravillosa familia.

Gracias al Sr. Hebert Cadena por su apoyo Técnico en el Laboratorio I, gracias por mantener un ambiente de limpieza, orden y calidad que facilitaron el desarrollo experimental de mi proyecto, gracias por ser mi amigo.

Gracias a la M. en C. Rosalinda Tovar por su apoyo como auxiliar de investigación y por su aporte certero en cada una de mis ensayos de ponencias, gracias por sus valiosos consejos.

AGRADECIMIENTOS

PERSONAL DEL DEPARTAMENTO DE GENÉTICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Gracias a la M. en C. Guadalupe Aguilar responsable de la Unidad de Secuenciación por el apoyo técnico en la obtención de secuencias de DNA antiguo.

Gracias a la Secretaria Gabriela Mora por sus servicios secretariales en el transcurso de este proyecto y por su valioso apoyo incondicional, por su humildad admirable, gracias por ser mi amiga.

Gracias a la Secretaria Antonia López Salazar por sus servicios secretariales en el transcurso de este proyecto, gracias por su paciencia y apoyo incondicional.

Gracias a todos mis profesores en la realización de mis cursos y conocimientos brindados y a cada uno de los alumnos que estuvieron en mi estancia y me toco conocer. Gracias a todos mis compañeros de los cursos de prerrequisito para el doctorado, donde hice valiosas amistades gracias a cada uno de ellos, mencionaré algunos, pero gracias a todos: Liz y Juan, Claudia y Roberto, Cuatli y Luz, Ocelotl, Ghobani, Juan de Dios, Janini, ay batallo mucho en recordar los nombres, pero a todos los visualizo, gracias por todo.

Gracias a mis compañeros de Laboratorio 1, por sus consejos, por aguantarme y aguantarlos, gracias por su valiosa amistad que cada uno brindo en las diferentes etapas de mi estancia de doctorado y cursos, entre otras actividades:

Cesar Armando Brito Carreón, Armando Totomoch Serra, Elías Munguía Vera, Eduardo Domínguez de La Cruz, Angélica Saldaña Martínez, Miriam Domínguez Cruz, Ashael Pérez Muñoz, Itzel Ramírez, Fernanda, Teresa, Ericel, y a las compañeras de nueva generación María Gutiérrez Sánchez y Karla Zabala Maldonado.

Gracias a la Biblioteca General por brindarme excelente material de consulta, y por su excelente calidez humana, gracias a cada uno de sus trabajadores.

Gracias al Departamento de Genética y Biología Molecular de CINVESTAV.

Gracias a mi amiga Antropóloga Física Jhanet Bastida Bernal que en Paz descanse, gracias por brindarme la amistad de su hermana Karen Melissa Prieto Bernal humana, sus papas y sus niñas, gracias por su amistad y confianza, gracias por todo su apoyo.

Gracias a cada uno de ustedes Dios lo siga llenando de Bendiciones.

Dedicatoria

A mis padres

Juana Guadalupe Lugo Rosas

Miguel Ángel Ochoa Torres

y

Rebeca Miranda Vega

Ricardo Ochoa Torres

Gracias Infinitamente
por lo que soy

La Ciencia se introduce en mi ser, provocando la entropía de mis pensamientos, dejando a la humanidad tantas preguntas, con una imaginación desbordante, a la cual, es necesario darle Sentido y lograr el Equilibrio.

ÍNDICE GENERAL

AGRADECIMIENTOS.....	viii
DEDICATORIA.....	xi
ÍNDICE GENERAL.....	xii
ÍNDICE DE TABLAS.....	xvi
ÍNDICE DE FIGURAS.....	xviii
RESUMEN.....	xxi
ABSTRACT.....	xxii
ABREVIATURAS.....	xxiii
I. INTRODUCCIÓN.....	1
1.1 Civilización Maya	3
1.1.1 Language Maya.....	4
1.1.2 Cronología Maya	4
1.2 Genoma Mitocondrial en Humano.....	6
1.2.1 Estructura del DNA mitocondrial	6
1.3 Haplogrupos mitocondriales.....	6
1.3.1 SNP de DNA mitocondrial asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2.....	8
1.3.1.1 Enfermedades producidas por defectos en el DNA mitocondrial.....	8
1.3.1.2 SNP A3243G asociado a Diabetes Mellitus Tipo 2.....	9
1.3.1.3 SNP T16189C asociado a Diabetes Mellitus Tipo 2.....	11
1.3.1.4 SNP de DNA mitocondrial asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2 en México.....	13
1.3.1.5 Haplogrupos y polimorfismos de DNA mitocondrial asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2.....	14
1.4 Restos óseos, DNA antiguo y DNA mitocondrial.....	15
1.5 Distribución de los linajes fundadores del DNA mitocondrial en América.....	17
1.6 Poblaciones Prehispánicas Maya bajo estudio.....	23
1.6.1 <i>Palenque</i> en Chiapas.....	23
1.6.1.1 Grupo B.....	24
1.6.1.2 Personajes importantes en la historia de México	

prehispanicos: Acompañantes de <i>La Reina Roja</i>	26
1.6.1.3 Estudio químico y morfológico, y su relación con la presencia de Hg en los restos de las poblaciones Mayas.....	28
1.6.2 <i>El Rey</i> , Cancún, Quintana Roo.....	29
1.7 Estudio de DNA mitocondrial contemporáneo y antiguo de las poblaciones Mayas.....	32
II.JUSTIFICACIÓN.....	38
III.HIPÓTESIS.....	39
IV.OBJETIVO.....	40
4.1 Objetivo General.....	40
4.2 Objetivos Particulares.....	40
V. MATERIALES Y MÉTODOS.....	41
5.1 Materiales.....	41
5.2 Métodos.....	42
5.2.1 Estudio Químico y Morfológico para determinar la presencia del DNA antiguo en las muestras prehispanicas de <i>Palenque</i> , Chiapas: los Acompañantes de <i>La Reina Roja</i>	42
5.2.1.1 Microscopía Electrónica de Barrido (SEM por sus siglas en ingles) Espectroscopía de Energía Dispersiva de Rayos X.....	42
5.2.2 Extracción de DNA Antiguo.....	42
5.2.2.1 Análisis del DNA.....	44
5.2.3 PCR de mtDNA.....	44
5.2.4 Análisis de los productos amplificados.....	45
5.2.5 Aislamiento del producto de amplificación mediante una purificación por columna.....	45
5.2.6 Secuenciación.....	45
5.2.7 Genotipificación de SNPs mediante PCR Tiempo Real..	46
5.2.8 Análisis Estadísticos.....	47
5.2.8.1 Determinación de Haplogrupos Mitocondriales.....	47
5.2.8.2 Análisis de Redes Haplotípicas.....	48

5.2.8.3 Fuerzas de Evolución: Pruebas de Neutralidad e Índice de Diversidad.....	48
5.2.8.4 Análisis de Varianza Molecular.....	49
VI. ESTRATEGIA EXPERIMENTAL.....	50
VII. RESULTADOS.....	51
7.1 Estudio Químico y Morfológico.....	51
7.1.1 Composición Química de los restos arqueológicos de los acompañantes de <i>La Reina Roja</i> (el Molar de la mujer y la Vértebra del niño)	51
7.1.1.1 Composición Química del Molar de la Mujer (<i>Esmalte, Dentina y Pulpa</i>)	51
7.1.1.2 Composición Química de la Vertebra del Niño.....	56
7.1.2 Niveles de Hg en los restos arqueológicos de los acompañantes de <i>La Reina Roja</i> (el Molar de la mujer y la Vértebra del niño).....	59
7.1.2.1 Hg en el Molar de la Mujer.....	59
7.1.2.2 Hg en la Vértebra del Niño.....	63
7.1.3 Morfología de los restos arqueológicos de los acompañantes de <i>La Reina Roja</i> (el Molar de la mujer y la Vértebra del niño).....	64
7.1.3.1 Morfología del Molar de la Mujer.....	64
7.1.3.2 Morfología de la Vertebra del Niño.....	69
7.2 Linaje materno de las poblaciones Mayas Prehispánicas de los sitios arqueológicos de <i>Palenque</i> en Chiapas y <i>El Rey</i> en Quintana Roo.....	70
7.2.1 Determinación de Haplogrupos de mtDNA de las poblaciones Mayas Prehispánicas.....	72
7.2.2 Distribución geográfica de Haplogrupos de DNA Mitocondrial.....	73
7.2.3 Análisis de Redes Haplotípicas para Haplogrupos de DNA Mitocondrial.....	74
7.2.3.1 Análisis de Redes Haplotípicas para Haplogrupo A.....	75

7.2.3.2 Análisis de Redes Haplotípicas para Haplogrupo C.....	78
7.2.4 Análisis de la diversidad de secuencia (Análisis demográfico)	82
7.2.4.1 Análisis de Varianza Molecular.....	83
7.2.4.2 Escalamiento Multidimensional.....	84
7.2.4.3 Fuerzas de Evolución: Diversidad Genética y Pruebas de Neutralidad.....	87
7.3 Estudio de la susceptibilidad de SNPs mitocondriales asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2 en muestras de poblaciones Prehispánicas Mayas Mexicanas.....	91
VIII.DISCUSIÓN.....	96
8.1 Estudio Químico y Morfológico de los restos arqueológicos de los acompañantes de <i>La Reina Roja</i> (el Molar de la mujer y la Vértebra del niño).....	96
8.2 Estudio de Linaje materno y Diversidad Genética Mitocondrial de las poblaciones Mayas Prehispánicas de los sitios arqueológicos.....	97
8.3 Estudio de la susceptibilidad de SNPs mitocondriales asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2 en muestras de poblaciones Prehispánicas Mayas mexicanas.....	106
IX.CONCLUSIÓN.....	107
X.PERSPECTIVAS.....	109
XI.BIBLIOGRAFÍAS.....	110
XII.ANEXO.....	210
12.1 ANEXO 1. Artículo.....	210
12.2 ANEXO 2. Estancia.....	296
12.3 ANEXO 3. Congresos.....	297
12.4 ANEXO 4. Diplomado.....	310
12.5 ANEXO 5. Cursos.....	312
12.6 ANEXO 6. Ponencias Nacionales.....	317

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla		pág.
	SNPs en Genoma Mitocondrial asociados a	
1	DMT2 en el Mundo.....	10
	Frecuencias de la mutación A3243G y el polimorfismo	
2	T16189C en pacientes de DMT2 de México.....	13
	Haplogrupos asociados con el riesgo y	
3	Susceptibilidad de DMT2.....	15
	Frecuencias de Haplogrupos de poblaciones Maya	
4	Contemporáneas y Prehispánicas.....	37
	Análisis EDS del Molar de la mujer acompañante	
5	de <i>La Reina Roja</i> ^a	54
	Valores promedio de parámetros diagenéticos del Molar	
6	de la mujer acompañante de <i>La Reina Roja</i>	55
7	Análisis EDS del Molar contemporáneo ^a	55
	Valores promedio de parámetros diagenéticos para el Molar	
8	Contemporáneo.....	56
	Análisis EDS de la Vértebra del niño acompañante	
9	de <i>La Reina Roja</i> ^a	57
	Valores promedio de parámetros diagenéticos para la	
10	Vértebra del niño acompañante de <i>La Reina Roja</i>	57
	Análisis EDS en el Molar de la mujer acompañante de	
11	<i>La Reina Roja</i> ^a	61
	Análisis EDS de las diferentes estructuras morfológicas	
	encontradas en Pulpa del Molar de la mujer acompañante	
12	de <i>La Reina Roja</i> ^a	67
13	Sitios polimórficos en la Región Hipervariable I.....	73
14	Haplotipos para poblaciones Maya Prehispánicas.....	82
	Análisis de Varianza Molecular basado en las principales	
	Poblaciones Mexicanas prehispánicas y contemporáneas Mayas	
	y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América del Norte,	
15	Central y del Sur).....	83

	Diversidad Genética de poblaciones Maya Prehispánica y Contemporáneas y otras de Asia, Beringia, América del Norte, Central y del Sur.....	89
16	Algunos Sitios Polimórficos en la Región Hipervariable I del DNA mitocondrial asociados a DMT2.....	94

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		pág.
1	Genoma mitocondrial y sus Haplogrupos.....	7
2	SNP A3243G del gen MTTL1 que codifica para el tRNA ^{Leu(UUR)} , asociado a DMT2.....	11
3	SNP T16189C asociado a DMT2.....	12
4	Frecuencia del SNP T16189C asociado a DMT2 a lo largo de la Ruta Antigua de la Migración Humana.....	13
5	Estructuras arquitectónicas de <i>Palenque</i>	24
6	Sitio arqueológico Grupo B de <i>Palenque</i>	25
7	Edificio 3 del Grupo B	26
8	Acompañantes de <i>La Reina Roja</i> . A Entierro Infantil. (Extremo poniente del sarcófago). B Entierro Femenino (Extremo oriente del sarcófago). Foto: Octavio Moreno.....	28
9	Sitio arqueológico “ <i>El Rey</i> ” en Quintana Roo.....	31
10	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Vértebra del niño acompañante de <i>La Reina Roja</i>	58
11	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución del Molar de la mujer acompañante de <i>La Reina Roja</i>	60
12	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución del Esmalte del Molar de la mujer acompañante de <i>La Reina Roja</i>	65
13	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Dentina del Molar de la mujer acompañante de <i>La Reina Roja</i>	66
14	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la parte interna de la Dentina del Molar de la mujer acompañante de <i>La Reina Roja</i>	66
15	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Pulpa del Molar de la mujer acompañante de <i>La Reina Roja</i>	67

16	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de las Fibras Nerviosas de la Pulpa del Molar de la mujer acompañante de <i>La Reina Roja</i>	69
17	Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Vértebra del niño acompañante de <i>La Reina Roja</i>	70
18	A) Extracción y B) Amplificación del DNA antiguo de las muestras Prehispánicas.....	71
19	Alineamiento de Secuencias Antiguas para Identificación de Haplogrupo.....	73
20	Frecuencias de Haplogrupos de DNA mitocondrial A, B, C y D de 10 muestras prehispánicas de <i>Palenque</i> en Chiapas y <i>El Rey</i> en Quintana Roo y su comparación con las poblaciones contemporáneas Mayas, de Asia, Bering, América del Norte, Central y Sur.....	74
21	Análisis de Redes Haplotípicas para haplogrupo A, secuencias (16110-16399 pb) de poblaciones Maya prehispánicas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).	76
22	Análisis de Redes Haplotípicas para haplogrupo A, secuencias (16213-16399 pb) de poblaciones Maya prehispánicas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).....	77
23	Análisis de Redes Haplotípicas para haplogrupo C, secuencias (16110-16399 pb) de poblaciones Maya prehispánicas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).....	79
24	Análisis de Redes Haplotípicas para haplogrupo C, secuencias (16213-16399 pb) de poblaciones Maya prehispánicas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).....	80
25	Escalamiento Multidimensional entre las poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas y contemporáneas, y otras	

	poblaciones (de Asia, Beringia, América del Norte, América Central y América del Sur), con numero de muestras= 47.....	85
26	Escalamiento Multidimensional entre las poblaciones prehispanicas Mayas mexicanas y contemporaneos, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América del Norte, América Central y América del Sur), con numero de muestras= 7.....	86
27	Identificación de SNPs mitocondriales asociados con el riesgo de DMT2, mediante PCR en Tiempo Real. Ejemplo del estudio del SNP A3243G en la muestra prehispanica de <i>Palenque</i> en Chiapas (MXCHPALENQUE_E4GB).....	92
28	Discriminación Alélica para el SNP mitocondrial A3243G, en las 10 muestras prehispanicas de <i>Palenque</i> en Chiapas y <i>El Rey</i> en Quintana Roo	93

RESUMEN

En México, las civilizaciones contemporáneas, a pesar de que estén aisladas, siempre van a tener una herencia adicional a la Indígena, la *Europea* (principalmente España) y *Africana* generalmente, debido a todas las mezclas de linaje que se han ido generando a través del tiempo y posterior a la conquista por los españoles. México es de los países que posee un alto número de restos óseos humanos antiguos, los antropólogos han registrado al menos 25,000 sitios arqueológicos. Esto da un gran potencial para estudiar desde el punto de vista antropológico y genético poblaciones prehispánicas, para enriquecer el conocimiento sobre la historia de los pobladores del México antiguo y contemporáneo. En estudios previos, se ha analizado el DNA antiguo, mediante los sitios de restricción específicos por haplogrupo o la secuenciación del DNA mitocondrial en restos de poblaciones prehispánicas Maya mexicanas y se ha observado que el 84% pertenecen al haplogrupo A, el 4% son haplogrupo B y 8% son haplogrupo C. En las poblaciones contemporáneas Maya mexicanas se han observado frecuencias del 51.9%, 22.2%, 14.8% y 7.4% para A, B, C y D, respectivamente. Así también se han encontrado algunos haplogrupos *Europeos*. Debido a esto se determinó el linaje materno de poblaciones Mayas prehispánicas (*Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo) y su relación con poblaciones contemporáneas. Además, se estudió la composición química y morfológica de estos restos antiguos para determinar su integridad y conservación del material genético de suma importancia para los estudios de los linajes maternos en estas muestras que incluyó a personajes históricos del Período Clásico como los acompañantes de *La Reina Roja* de *Palenque* en Chiapas. Esto contribuirá al conocimiento sobre origen de las poblaciones Mayas en la época prehispánica y su relación con las poblaciones contemporáneas.

ABSTRACT

In Mexico, the contemporary civilizations, although they are isolated, they will always have an additional indigenous heritage from *European* (mainly Spain) and *African* due to the Spanish Conquer, and because all admixtures that have been arise over time. Mexico is among the countries that have one of the highest quantities of ancient human remains, anthropologists have registered at least 25,000 archaeological sites. This gives us great potential to study from the anthropological point of view and genetic, pre-Hispanic populations, to enrich the knowledge about the history of the inhabitants of ancient and contemporary Mexico. Previously, studies on prehispanic of Mexican Maya remains made by analysis of specific restriction sites and sequencing of mitochondrial DNA have shown that 84% of the population belonged to haplogroup A, 4% to haplogroup B and 8% to haplogroup C. In contrast the contemporary Mexican Mayan populations displayed frequencies of 51.9%, 22.2%, 14.8% and 7.4% for A, B, C and D, respectively. These contemporary populations also showed European haplogroups. Because there are a few studies on prehispanic Maya population on population genetics, the objective of this study was to determine the maternal lineage of these (*Palenque* in Chiapas and *El Rey* in Quintana Roo) and determine their relationship with contemporary maternal lineage. Furthermore, we also study the chemical and morphological composition of these ancient remains including samples pertaining to the Classic Period with historical importance like the companions of *The Red Queen* from *Palenque* in Chiapas to determine conservation of biological genetic components that are very important for our genetic studies.

ABREVIATURAS

AIMS Análisis de Marcadores Genéticos Uniparentales de Ancestría

AMOVA Análisis de Varianza Molecular

ATP Adenosina Trifosfato

COXII Citocromo Oxidasa II

CRS Secuencia de Referencia de Cambridge

DAF Dirección de Antropología Física

D-loop Región No Codificante del Genoma Mitocondrial

DMT2 Diabetes Mellitus Tipo 2

DNA Ácido Desoxirribonucleico

DNAan DNA antiguo

EDS Espectroscopía de Energía Dispersiva

EDTA Etil Diamino Tetracético

MDS Escalamiento Multidimensional

MEBAR Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución

MELAS Síndrome de Encefalomiopatía Mitocondrial,
Acidosis Láctica y episodios Aploplejiformes

mtDNA DNA mitocondrial

NADH Nicotin Adenin Dinucleótido Reducido

NADHO Nicotin Adenin Dinucleótido Oxidado

OXPHOS Fosforilación Oxidativa

PCR Reacción en Cadena de la Polimerasa

RFLP Polimorfismos de Longitud de Fragmentos de Restricción

RHVI Región Hipervariable I

RHVII Región Hipervariable II

RNA Ácido Ribonucleico

rRNA RNA ribosomal

SNP Polimorfismo de un Solo Nucleótido

tRNA RNA de transferencia

tRNALys RNA de transferencia de Lisina

UMG Último Máximo Glacial

I. INTRODUCCIÓN

Los fenómenos sociales y naturales, forzaron el movimiento de los individuos en el territorio mexicano entre las poblaciones indígenas y posteriormente durante la conquista por los españoles y los africanos traídos a América como esclavos generando un proceso de mestizaje. En México, las etnias a pesar de que estén aisladas, siempre van a tener una herencia *Europea* (principalmente Española) y *Africana* adicional a la Indígena, debido a todas las mezclas de linaje que se han ido generando a través del tiempo (Muñoz *et al.*, 2012). De ahí nació el interés de estudiar, la historia de los pobladores del México antiguo y contemporáneo. Asimismo, y gracias a que tenemos la fortuna de ser uno de los países con una de las colecciones más grande restos humanos antiguos que incluye al menos 25,000 sitios arqueológicos (Muñoz *et al.*, 2012) tuvimos la posibilidad de desarrollar estudios de genética de poblaciones prehispánicas.

El DNA obtenido de restos antiguos se le conoce como DNA antiguo (DNAan) y proporciona información variada que puede ser aplicada a muchos campos de la ciencia como por ejemplo la genética de poblaciones, la medicina forense, la antropología física, la taxonomía evolutiva y la arqueología. Éste se ha usado también, para determinar distancias biológicas, enfermedades y parentesco en poblaciones.

La mayor parte del material genético que se encuentra en una célula, está en el núcleo y una pequeña parte está en las mitocondrias. Las mitocondrias poseen su propio material genético con la particularidad de que sólo se transmite por vía materna. Por sus características, el material genético mitocondrial ha brindado información muy valiosa sobre la evolución del hombre y sus migraciones. Así mismo, su análisis con técnicas de biología molecular y bioinformática ha apoyado el desarrollo de nuevas disciplinas tales como la Antropología Molecular. A esta disciplina, compete el estudio de las relaciones que guardan los individuos entre sí, o entre poblaciones de distintos lugares y entre las poblaciones a través del tiempo (Muñoz *et al.*, 2012).

En la actualidad el estudio del DNA mitocondrial (mtDNA) ha permitido clasificar a las poblaciones de todo el mundo en grupos diferenciados entre sí, por los cambios en sus secuencias conocidos como haplogrupos. En estudios recientes, ya se conoce la información genética del mtDNA de algunos restos de poblaciones prehispánicas mexicanas, ya que se ha secuenciado la región hipervariable I de 29 muestras para conocer su haplogrupo y haplotipo lo que permitirá hacer estudios de migración. Los haplogrupos son específicos para algunas poblaciones y regiones geográficas, lo que nos permitió establecer relaciones entre poblaciones antiguas y contemporáneas. Dentro de los haplogrupos específicos para las poblaciones dentro del continente americano están incluidos el A, el B, el C, el D y el X. El haplogrupo A se identifica por 2 cambios, uno en la posición 16290 de C→T y el otro en la posición 16319 de G→A. El haplogrupo B se caracteriza por el cambio de T→C en la posición 16189. El haplogrupo C se caracteriza por 2 cambios uno en la posición 16298 de T→C y el otro de C→T en la posición 16327; el haplogrupo D se caracteriza por el cambio de T→C en el nucleótido 16362; el haplogrupo X se caracteriza por los polimorfismos en las posiciones 16189 y 16278 (Wallace *et al.*, 1985; Torroni *et al.*, 1992;1993; Foster *et al.*, 1996; Merriwether *et al.*, 1997; Kumar *et al.*, 2011). Dentro de la región codificante el haplogrupo A se caracterizan por la ganancia del sitio de restricción en la posición 663 para la enzima Hae III; el haplogrupo B por una deleción de 9-pb en la región intergénica COXII y el tRNALys; el haplogrupo C por la ganancia de un sitio de restricción para la enzima Hinc II en la posición 13259; el haplogrupo D por la pérdida del sitio de restricción para la enzima AluI en el nucleótido 5176.

Se ha encontrado que las poblaciones contemporáneas mestizas mexicanas tienen los haplogrupos típicos *Amerindios* A, B, C, D, y X, así como algunos haplogrupos *Europeos* y *Africanos* (Wallace *et al.*, 1985; Torroni *et al.*, 1992; 1993; Foster *et al.*, 1996; Merriwether *et al.*, 1997).

1.1 Civilización Maya

La civilización Maya persistió aproximadamente tres mil años y fue considerada la más avanzada de América debido al desarrollo en la astronomía, las matemáticas, un sistema de calendario, la escritura jeroglífica y las innovaciones agrícolas. Su florecimiento ocurrió entre los años 250 y 900 d.C. La documentación histórica sugiere que los ancestros de los mayas llegaron a la Península de Yucatán a través del estrecho de Bering desde el norte de Asia. Con el tiempo, estos Maya emigraron al sur del lago de Petén, Guatemala, donde establecieron un reino con su capital y ciudad sagrada de la isla de Flores (Muñoz *et al.*, 2012b). La localización geográfica de la civilización Maya incluye en su extensión territorial los estados de Yucatán, Quintana Roo, Campeche, Tabasco, Chiapas, así como países tales como Guatemala, Belice, El Salvador y Honduras. El área Maya se caracteriza por una gran diversidad geográfica, tradicionalmente se divide según el relieve: en Tierras Altas y Tierras Bajas. Recientemente Sharer *et al.*, (1994), sugiere que el área Maya está constituida por tres zonas ambientales o ecológicas: 1) Al sur se distinguen las planicies de la Costa Sur (Costa del Pacífico) y el Área Meridional (Tierras Altas); 2) Las Tierras Altas, que cuentan con una elevación general de más de 800 msnm y un clima templado y frío, presentan la mayor diversidad ambiental de toda el área. Estas se subdividen en: las Tierras Altas Volcánicas en el sur de Chiapas y Guatemala. Y las Tierras Altas Metamórficas, al norte del eje volcánico; 3) Las Tierras Bajas que se subdividen en tres: las Tierras Bajas del Sur, Las Tierras Bajas Centrales que presentan un clima tropical húmedo o subhúmedo y una exuberante vegetación selvática perennifolia. Geográficamente las Tierras Bajas Centrales abarcan la cuenca del Usumacinta Bajo y Medio, el Peten guatemalteco y el territorio beliceño. Algunos autores incluyeron en esta región la cuenca del río Motagua Bajo y el noroeste de Honduras. Las Tierras Bajas del Norte abarcan la mitad norte de la península de Yucatán (Sharer *et al.*, 1994). El clima es tropical con lluvias en verano, y seco el resto del año. La precipitación pluvial es escasa, pero como el suelo está formado por rocas calizas que permiten gran infiltración, se han producido diversos

tipos de depósitos subterráneos como los cenotes. La vegetación consiste de selva baja caducifolia (De la Garza *et al.*, 1992).

1.1.2 Lenguaje Maya

Proto-Maya es el antepasado común de todos los idiomas Mayas modernos hoy en día y las lenguas Mayas clásicas documentadas en las inscripciones jeroglíficas (Law *et al.*, 2011). De acuerdo con el esquema de clasificación por Campbell y Kaufman (1985), Proto-Maya se dividió en 6 ramas principales: K'iche'an, Mamean, Q'anjob'alan, ch'olano-Tzeltalan, Yukatekan, y Wastekan, la primera división se produjo alrededor del año 2200 aC, cuando Wastekan trasladó al noroeste a lo largo de la costa del Golfo de México. Posteriormente, cada uno de los subgrupos fue dispersada y en la actualidad la familia de lenguas Maya incluye a aproximadamente 31 idiomas hablados por más de 5 millones de personas en Guatemala, México, Belice, Honduras, y en las comunidades de los EE.UU. y Canadá (Law *et al.*, 2013). Tres lenguas se han extinguido: Chikomuseltek (Campbell y Kaufman 1985; Ch'olti' (Houston *et al.*, 2000; Law *et al.*, 2013) y los lenguajes de inscripciones jeroglíficas Mayas grabadas desde aproximadamente 20,000 inscripciones jeroglíficas concisas (Law *et al.*, 2013). De la Garza *et al.*, 1992 reporta algunas de las lenguas que destacan en México la Maya yucateca, chontal, tzeltal, tzotzil, tojolabal, lacandona, kanjobal, chuj, quiché, cakchiquel, kekchí, pokoman y pokomchi.

1.1.3 Cronología Maya

La trayectoria histórica de la civilización Maya prehispánica se ha dividido en tres grandes periodos:

En el periodo Pre-Clásico (2000 a.C. a 250 d.C.), se estructuraron los rasgos que caracterizaron a la cultura Maya: la agricultura se convirtió en el fundamento económico, donde surgieron las primeras aldeas, centros ceremoniales y se iniciaron diversas actividades culturales en torno a la religión (De la Garza *et al.*, 1992).

El periodo Clásico (250 d.C. a 900 d.C.), constituyó una época de florecimiento en todos los órdenes: se dio un gran desarrollo en la agricultura, un aumento en la tecnología, una intensificación del comercio y se consolidó la jerarquización política, social, sacerdotal y militar. Asimismo, se construyeron grandes centros ceremoniales y ciudades, donde florecieron las ciencias y las artes (De la Garza *et al.*, 1992). En este periodo de 600 a 650 d.C. se extendió la fabricación y empleo del pigmento rojo llamado cinabrio (HgS), el cual fue utilizado en las culturas Mesoamericanas de los periodos Preclásico al Posclásico. El cinabrio se ha empleado en contextos funerarios (enterramientos, rituales y ofrendas), en la decoración de objetos de cerámica alabastro, concha, hueso o piedra verde y en algunos sitios que presentan pintura mural. La determinación de los pigmentos utilizados puede realizarse con ayuda de un microscopio electrónico de barrido, con esta técnica puede conocerse su composición elemental.

Hacia el siglo X, se presentó un colapso cultural, probablemente debida a una crisis económica y socio-política. Por lo que las grandes ciudades clásicas del área central fueron abandonadas y así se inició el periodo denominado Post-Clásico (950 d.C. a 1511 d.C., De la Garza *et al.*, 1992).

Las causas propuestas para este colapso se sugieren que son: desastres climatológicos tales como inundaciones, sequias o temblores; enfermedades incluyendo malaria y fiebre amarilla; desintegración del sistema agrícola, guerra civil y externa, sin embargo, ninguna de estas explicaciones ha sido sustentadas (Márquez *et al.*, 1991).

Contrariamente a lo que ocurrió en el área Central, donde no volvió a florecer la cultura Maya, en las áreas Norte y Sur se produjo primero una revitalización cultural, ocasionada en algunos centros, por la llegada de grupos extranjeros sobre todo procedentes del Altiplano central (De la Garza *et al.*, 1992).

El periodo Post-Clásico terminó con la conquista española, la cual puso fin al proceso cultural mesoamericano y los mayas quedaron sometidos y marginados en sus propios territorios.

1.2. Genoma Mitocondrial Humano

1.2.1 Estructura del DNA Mitocondrial

La secuencia del genoma mitocondrial humano es de 16,569 pares de bases, la cual fue reportada por Anderson *et al.*, (1981) y posteriormente actualizada en el año 1999 (Andrews *et al.*, 1999). Este genoma contiene información para 37 genes que codifican las 2 subunidades 12S y 16S del rRNA (RNA ribosomal) de la matriz mitocondrial; los genes para los 22 tRNA (RNA de transferencia), requeridos para la síntesis de proteínas mitocondriales en la misma matriz mitocondrial; los genes que codifican 13 polipéptidos que forman parte de los complejos multienzimáticos del sistema OXPHOS. En concreto, en el genoma mitocondrial se codifican 7 subunidades del Complejo I, 1 subunidad del Complejo III, 3 subunidades del Complejo IV, y 2 subunidades de la ATPasa (Complejo V). Estas proteínas corresponden a las subunidades I (COI), II (COII) y III (COIII) del citocromo c oxidasa, a la subunidad 6 de la ATPasa y al citocromo b; las subunidades de la NADH deshidrogenasa de la cadena respiratoria ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5 y ND6; y la subunidad 8 de la ATPasa. En la Figura 1 se puede apreciar el genoma completo del mtDNA.

1.3 Haplogrupos mitocondriales

Los haplogrupos se han definido como los polimorfismos particulares que se mantienen dentro de una población en el tiempo. En la figura 1 del genoma mitocondrial, se representan los haplogrupos africanos, europeos y asiáticos, en color azul y se resaltan en amarillo los haplogrupos A, B, C y D característicos para poblaciones Amerindias.

También existen polimorfismos específicos en la región D-loop característicos de los haplogrupos amerindios A, B, C, D y X. Esta región se ha dividido en 2, la RHVI (16024 a 16383) y la RHVII (57 a 372). La región D-loop contiene elementos de replicación y transcripción conforme se mencionó en la

introducción. De hecho, ya se establecieron los polimorfismos específicos para cada haplogrupo y subhaplogrupos para las poblaciones humanas en el genoma completo del mtDNA (Kumar *et al.*, 2011).

Los haplogrupos son específicos para algunas poblaciones y regiones geográficas, lo que ha permitido establecer las relaciones entre poblaciones antiguas y contemporáneas, así como entre diferentes poblaciones antiguas y entre poblaciones contemporáneas. Asimismo, a través de los haplogrupos se han establecido las migraciones de las poblaciones humanas en el mundo.

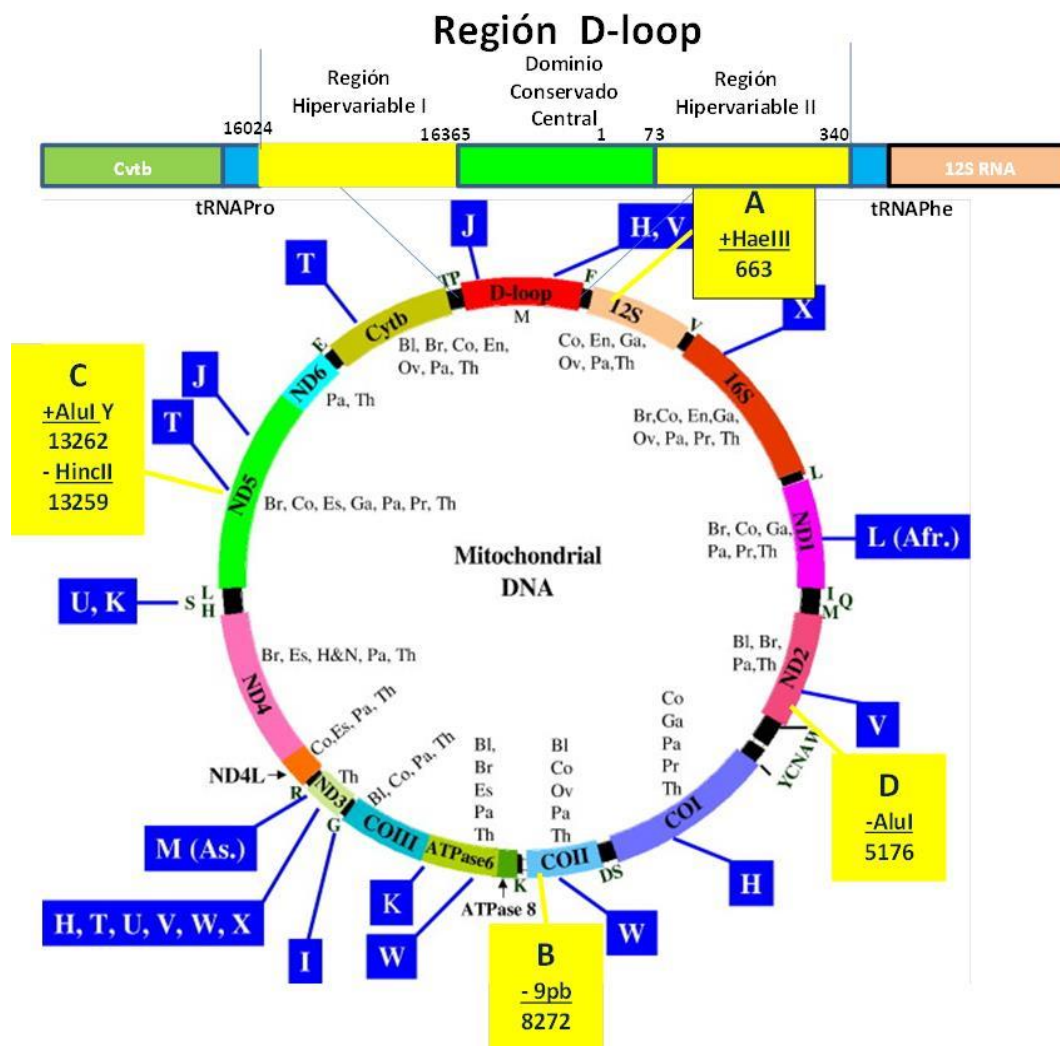


Figura 1. Genoma mitocondrial y sus Haplogrupos. En el genoma mitocondrial, se representan los haplogrupos Africanos, Europeos y Asiáticos, en color azul y se resaltan en amarillo los haplogrupos A, B, C y D característicos para poblaciones Amerindias; en la región D-loop conocida como Región Control también se han identificado polimorfismos específicos para la identificación de los haplogrupos Amerindios (del nucleótido 16024 al 16325) y la Región Hipervariable II (del nucleótido 73 a 340).

1.3.1 SNP de DNA mitocondrial asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2

1.3.1.1 Enfermedades producidas por defectos en el DNA mitocondrial.

Las enfermedades debidas a defectos en el mtDNA pueden ser debidas a mutaciones en su secuencia, deleciones, inserciones entre otros. Asimismo, se ha encontrado recientemente que algunas enfermedades Diabetes Tipo 2, Cáncer, Alzheimer, entre otras, se pueden asociar con haplogrupos o haplotipos específicos (Liao W.Q. *et al.*, 2008; Achilli A. *et al.*, 2008; Achilli A. *et al.*, 2011; Gabriel-Ortiz G. *et al.*, 2011; Loo *et al.*, 2014; Zhou *et al.*, 2015; Guardado-Estrada *et al.*, 2012;). Dentro de estas enfermedades está incluido por ejemplo el cáncer (Guardado-Estrada *et al.*, 2012;). Sabemos también que la Diabetes Mellitus tipo 2 tiene una alta frecuencia en la población mexicana incluyendo las etnias Mexicanas. Por lo cual resulta ser de gran interés determinar si en las poblaciones prehispánicas existe alguna de las mutaciones en mtDNA asociado a la susceptibilidad en nuestras poblaciones prehispánicas mayas. Actualmente existen muy pocos estudios en los que se demuestra la asociación de polimorfismos en el mtDNA asociados con la DMT2. Por ejemplo, se ha asociado con la Diabetes Tipo 2 el nucleótido A3243G del mtDNA causante del síndrome de MELAS (encefalopatía mitocondrial, acidosis láctica y episodios tipo infarto) y sordera; así también se ha encontrado asociado con la DMT2 el SNP T16189C localizado en la región no codificante del genoma mitocondrial (van den Ouweland J.M.W. *et al.*, 1992; Wang *et al.*, 2009; Saldaña-Martínez *et al.*, 2012: Tesis Maestría). Se ha propuesto que en las poblaciones mexicanas actuales la prevalencia de DMT2, ha ido en aumento debido a factores ambientales, a la disminución de actividad física, así como en el cambio del tipo de alimentación, todos ellos actuando generalmente en individuos susceptibles genéticamente (O'Rahilly S., 2009; Robert Sladek *et al.*, 2007).

Dentro del genoma del mtDNA que se hereda vía materna también se han encontrado algunos SNP asociados a Diabetes Tipo 2, tanto en la región codificante como en la no codificante. Mazzacara *et al.*, (2012), reportó mutaciones en el DNA

mitocondrial en más del 5% los pacientes afectados con Diabetes Tipo 2. Los SNP de mtDNA asociados a Diabetes Tipo 2, más estudiados a nivel mundial han sido hasta ahora los que se encuentran en las posiciones A3243G y en T16189C. En Europa, Asia y América (Tabla 1) se observa que el SNP A3243G presenta frecuencias regularmente en el rango de 0.3 a 0.48 % (Zhang *et al.*, 2004; Ng *et al.*, 2000; van den Ouweland J.M.W. *et al.*, 1992; Saldaña-Martínez *et al.*, 2012: Tesis Maestría) y el SNP T16189C presenta frecuencias en el rango de 8 al 60 % (Mountain *et al.*, 1995; Das *et al.*, 2007; Ji *et al.*, 2001; Tang *et al.*, 2006; Horai *et al.*, 1990; Kim *et al.*, 2002; Weng *et al.*, 2005; Malik *et al.*, 2002; Batista *et al.*, 1995; Poulton *et al.*, 2002).

1.3.1.2 SNP A3243G asociado a Diabetes Mellitus Tipo 2

El SNP A3243G es la mutación más frecuente del tRNA^{Leu(UUR)} gene *MTTL1* asociado a Diabetes Tipo 2 (Tabla 1, Figura 2). Este es responsable del 80% del síndrome de MELAS (encefalomiopatía mitocondrial, acidosis láctica y episodios aploplejiformes). El efecto de A3243G en la función mitocondrial se produce básicamente a nivel del complejo I de la cadena respiratoria, que posee gran cantidad de residuos de leucina, lo cual podría alterar el gradiente electroquímico a través de la membrana mitocondrial interna y llevar a una disminución de la síntesis de ATP. La mutación A3243G cambia la adenosina en la posición 14 del tRNA^{Leu(UUR)} a guanosina (Figura 2). Esta mutación resulta en la sustitución de leucina por fenilalanina en las proteínas mitocondriales o a una terminación prematura de la traducción. van den Ouweland *et al.*, 1992, observó que un paciente diabético que presenta el SNP A3243G, presenta una actividad disminuida de enzimas mitocondriales del complejo I, tales como *NADHO* oxidoreductasa y el citocromo C oxidasa.

Tabla 1. SNP's en el Genoma Mitocondrial asociados a DMT2 en el Mundo.

Población	SNP en Genoma Mitocondrial asociados a DMT2		Bibliografía	
	A3243G	T16189C	A3243G	T16189C
Europa Inglaterra Finlandia		8% 30%		Das <i>et al.</i> , 2007
Asia India China Hong Kong Japón Corea Taiwán Indonesia Panamá	0.47% 0.3%	12% 25% 34% 29% 38% 10-60% 29%	Zhang, 2004 Ng, 2000	Mountain <i>et al.</i> , 1995 Ji <i>et al.</i> , 2001; Tang <i>et al.</i> , 2006 Horai <i>et al.</i> , 1990 Kim <i>et al.</i> , 2002 Weng <i>et al.</i> , 2005 Malik <i>et al.</i> , 2002 Batista <i>et al.</i> , 1995
América Estados Unidos México Brasil	0.4% 0.48% 0.4%	11%	Ouweland, 1992 Saldaña- Martínez, 2012 (Tesis Maestría) Salles, 2007	Poulton <i>et al.</i> , 2002

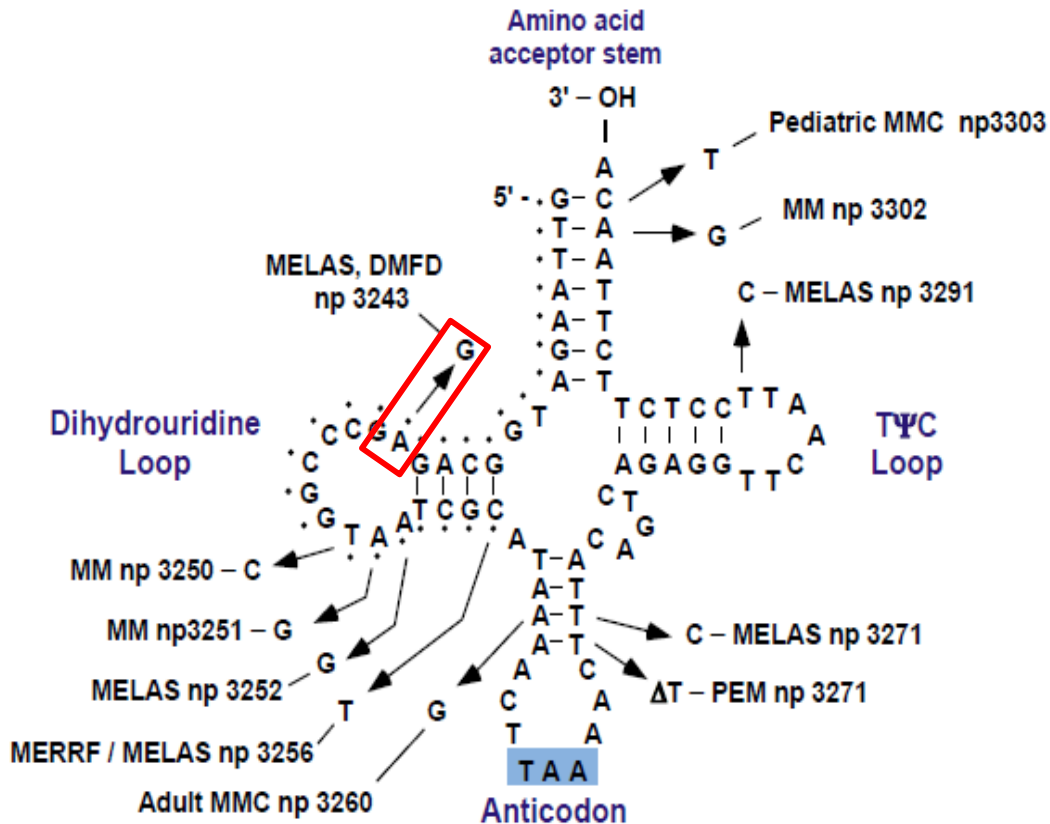


Figura 2. SNP A3243G del gen MTTL1 que codifica para el tRNA^{Leu(UUR)}, asociado a DMT2.

1.3.1.3 SNP T16189C asociado a Diabetes Mellitus Tipo 2

La región D-loop contiene tramos de homopolímero que exhiben polimorfismos grandes. El SNP T16189C, se localiza entre un homopolímero de los nt 16184 y 16193, cercanas a la secuencia control de replicación y transcripción. Cuando la mutación ocurre varios pacientes diabéticos presentan un homopolímero de 10 citosinas, produciendo heteroplasmia. Malik *et al.*, (2002) observó un aumento en la frecuencia del SNP T16189C conforme se incrementa el número de citosinas, para 10 citosinas el 8%, 11 citosinas el 39% y 12 citosinas el 53%, así también observó que la mayoría de los pacientes diabéticos con haplogrupo B, contienen el homopolímero de 12 citosinas (Figura 3). Otros autores han asociado el polimorfismo T16189C con la DMT2, observando el efecto en la función de la

cadena de transporte de electrones debido a la reducción en el número de copias del mtDNA. En la población Taiwanesa se observó la asociación de esta mutación con la DMT2 con una prevalencia del 34.4% (Lio *et al.*, 2007; Malik *et al.*, 2002).

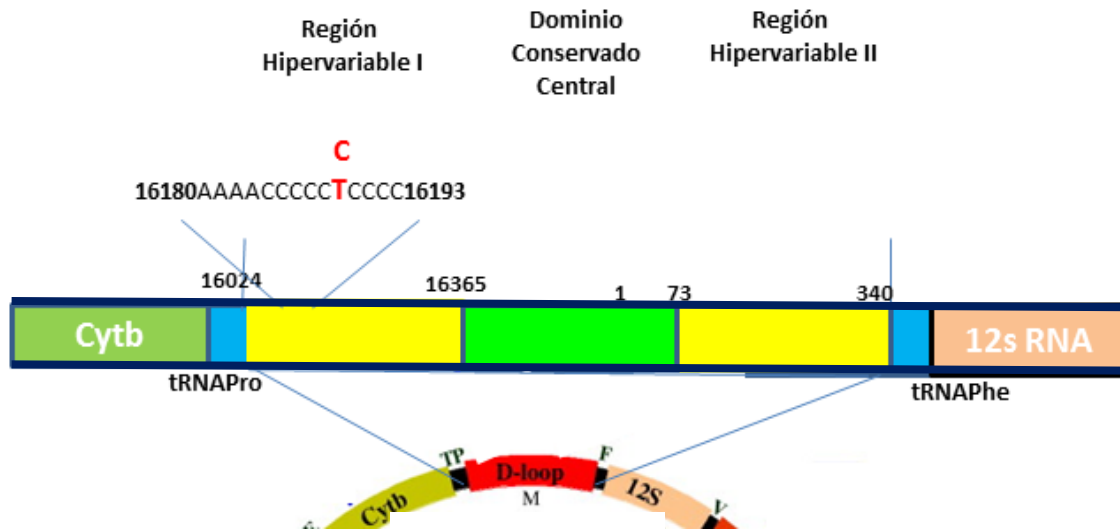


Figura 3. SNP T16189C asociado a DMT2.

La variante T16189C también se observó a lo largo de las migraciones en el mundo (Wang *et al.*, 2009) siguiendo la ruta de migración desde África a Asia encontrándose en una frecuencia del 8% en Inglaterra, del 30% en Finlandia, del 12% en India, del 25% en China, del 29% en Corea, del 34% en Japón, del 38% en Taiwán, del 10 al 60% en el Archipiélago de Indonesia Archipiélago, y del 29% en Panamá (Figura 4). Sus resultados sugieren el incremento de la DMT2 a lo largo de la ruta lo que sugieren puede explicar el alto grado de esta enfermedad en Asia. Asimismo, encontraron que el haplogrupo B y los polimorfismos T16189C y T16217C en la población China están asociados con la enfermedad (Wang *et al.*, 2009).

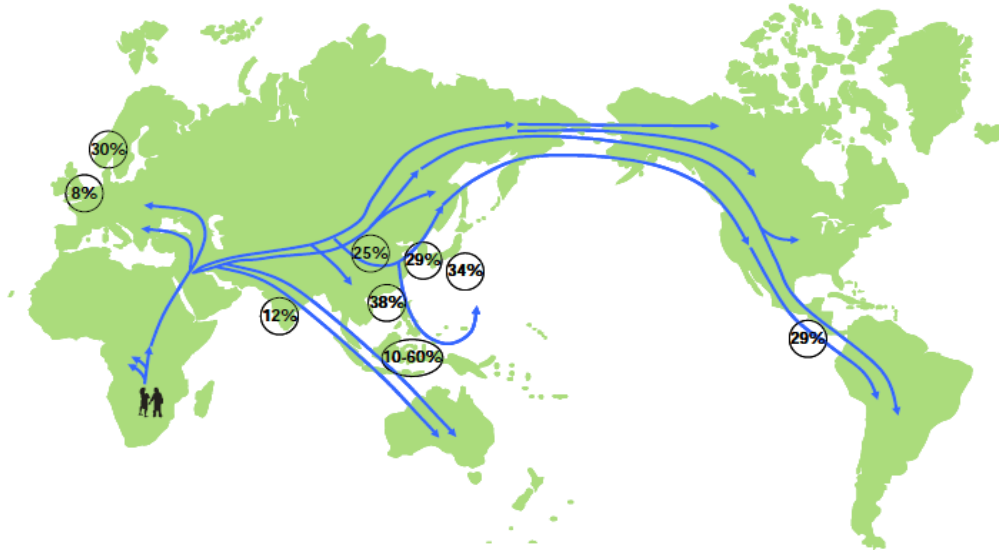


Figura 4. Frecuencia del SNP T16189C asociado a DMT2 a lo largo de la Ruta Antigua de la Migración Humana.

1.3.1.4 SNP de DNA mitocondrial asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2 en México

Saldaña Martínez (Tesis de Maestría 2012) reportó frecuencias del SNP A3243G y el polimorfismo T16189C en pacientes con DMT2 de poblaciones mexicanas (Tabla 2). Observó una frecuencia del 0.48% para el SNP A3243G y una frecuencia del 24% para el polimorfismo T16189C. Estas frecuencias están por debajo del rango de lo reportado para las poblaciones diabéticas en el continente Americano.

Tabla 2. Frecuencias de la mutación A3243G y el polimorfismo T16189C en pacientes DMT2 de México.

Muestra	Diabéticos Tipo 2	
	% en México	% Reportado
Polimorfismo T16189C	24	35±3 **
Mutación A3243G	0.48	0.5-2 *

* (Lindroos *et al.*, 2009)

** (Park *et al.*, 2008)

1.3.1.5 Haplogrupos y polimorfismos de DNA mitocondrial asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2

Como se ha mencionado anteriormente el haplogrupo B y los polimorfismos T16189C y T16217C en la población China están asociados con Diabetes Tipo 2 (Wang *et al.*, 2009). Otros reportes por el investigador Cho *et al.*, (2005), demuestran que el haplogrupo H2 fue asociado con una disminución del riesgo a Diabetes Tipo DMT2 y el haplogrupo H4 fue asociado con un incremento en el riesgo a esta enfermedad. Así también, se ha reportado a los haplogrupos F, B, A, N9a, M7a, M7b, G, D4a, D4b, D5 están asociados a riesgo de contraer DMT2 (Tabla 3) en poblaciones de Japón y Corea; asimismo se ha reportado que el haplogrupo N9a confiere resistencia a DMT2 (Fuku N. *et al.*, 2007). Por otro lado Alessandro Achilli *et al.* (2011), reportó que los haplogrupos mitocondriales en poblaciones *Europeas*, no juegan un papel importante como posible efecto protector en el desarrollo de Diabetes, y que los haplogrupos mitocondriales están significativamente asociados con un incremento en el riesgo a desarrollar esta enfermedad o complicaciones de Diabetes específicas tales como retinopatía teniendo la más alta frecuencia en los haplogrupos *Europeos* H, neuropatía para H3, nefropatía para U3 y deficiencias renales para V.

Tabla 3. Haplogrupos asociados con el riesgo y susceptibilidad de DMT2

Haplogrupos asociados con el riesgo s DMT2			Haplogrupos asociados a resistencia a la DMT2		
Haplogrupo	Población con DT2	Referencias	Haplogrupo	Población con DT2	Referencias
F	Japón y Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007	N9a	Japón y Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007
A	Japón y Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007	D4a	Japón y Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007
D5	Japón y Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007	H1	Este Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011
M7a	Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007	J1	Este Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011
M7b	Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007			
G	Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007			
D4b	Corea	Fuku N. <i>et al.</i> , 2007			
H3h	East Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011			
V	East Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011			
R0a2	East Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011			
T	East Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011			
U3a	East Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011			
JT	Este Eurasia	Achilli <i>et al.</i> , 2011			
D4	Este Asia	Achilli <i>et al.</i> , 2011			
M1	África	Achilli <i>et al.</i> , 2011			

1.4 Restos óseos, DNA antiguo y DNA mitocondrial

El DNA obtenido de restos antiguos se le conoce como DNA antiguo, y proporciona información variada que puede ser aplicada a muchos campos de la ciencia como por ejemplo la genética de poblaciones, la medicina forense, la antropología física,

la taxonomía evolutiva y la arqueología (Muñoz *et al.*, 2010). Uno de los primeros estudios de DNA antiguo fue realizado por Higuchi y col., 1984 quien examinó el DNA de músculo, tejido conectivo y piel, del espécimen de museo quagga (muerto hace 140 años), el cual se encontraba almacenado en el Museo de Historia Natural en Alemania, esta especie es llamada cebra (*Equus quagga*) de la familia de los équidos que vivió en África del Sur y empezó a extinguirse en 1883. El DNA recuperado fue de bajo peso molecular. El DNA obtenido fue transferido a papel de nitrocelulosa, e hibridado con el DNA genómico de la cebra de la montaña (*Equus zebra*), el cual había sido etiquetado con ^{32}P , observándose una intensa señal. Adicionalmente, mediante un árbol filogenético, demostraron como las secuencias del DNA mitocondrial de quagga están relacionadas con otros tres mamíferos, mostrando una asociación o parentesco más fuerte con cebra, y menos fuerte con bovino y humano (Higuchi *et al.*, 1984).

La momificación fue practicada en Egipto desde 2600 a.C., Paabo *et al.*, (1985), fue quien, por primera vez, realizó la clonación molecular de DNA antiguo de momias egipcias. Ellos estudiaron 23 momias y fragmentos de momias diferentes, con antigüedad diferente. Sus resultados mostraron que estos pertenecían a la dinastía sexta (2370 a 2160 a.C.), de tiempos Romanos tardíos. El DNA que obtuvieron de 1.6 g de tejido fue de aproximadamente 500 pb.

En estudios anteriores de restos antiguos el DNA era extraído de muestras de tejido seco (Doran *et al.*, 1986) donde analizaron el material suave y huesos conservados de humanos encontrados en un estanque pantanoso en el centro de Florida 1984-1985. Analizaron 40 individuos de ambos sexos y diferentes edades. Mediante radiocarbono se determinó que las edades fluctuaban en un rango de 7790 a 8290 años. De los 40 individuos encontrados, 9 presentaron materia intracraneal blanda y de ellos en solo 5 el tejido era reconocible. Basados en la estructura craneal y dental, y en su limitada evidencia esquelética post-craneal, identificaron 4 cráneos de mujer de aproximadamente 45 años y tres de hombres de entre 25 y 35 años. En este estudio se demostró la presencia de DNA humano, residuos de células y estructura anatómica del tejido.

Fue en 1987 cuando Mullis y Faloona reportaron el desarrollo de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa), que hace posible la amplificación in vitro de segmentos de DNA específicos. Esta técnica ha sido empleada ampliamente, en ciencia forense y arqueología molecular, así como también en genética poblacional. Debido a la degradación propia del DNA antiguo, solo se pueden amplificar pequeños fragmentos de DNA ya que este se encuentra fragmentado.

1.5 Distribución de los linajes fundadores del DNA mitocondrial en América

Todas las personas que vivimos actualmente en el planeta pertenecemos a la especie *Homo sapiens*. Evolucionamos recientemente, pero con una cultura y tecnología compleja y nos hemos dispersado a través del planeta y estamos ocupando diversos medios ambientes, lo que significa una alta variabilidad física en apariencia, aunque genéticamente somos casi idénticos uno de otro. El *Homo sapiens* arcaico vivió hace 300,000 años y el moderno aproximadamente hace 160,000 años.

El origen de las poblaciones nativas americanas, ha provocado que los investigadores generen debates y teorías, en América. Es fundamentalmente un tema arqueológico, pero una gran cantidad de disciplinas han generado cuestiones de dónde vienen, cómo llegaron aquí y cuando han llegado.

La teoría de la entrada del hombre a América desde Asia, a través del estrecho de Bering, es la más aceptada hasta la fecha.

Los primeros estudios por Wallace D.C. et al, 1985 reportó un dramático efecto fundador del DNA mitocondrial Amerindio, ellos analizaron el DNA de amerindios del Suroeste de América, mediante endonucleasas de restricción, así como por el análisis de RFLP. Ellos encontraron que el 40% de los amerindios mostraron un raro HincII RFLP asiático que caracteriza para haplogrupo C. Además, ellos sugieren que las tribus Amerindias fueron fundadas por un pequeño número de linajes femeninos y que las nuevas mutaciones se han corregido en estos linajes desde su separación de Asia.

Schurr T.G. et al. (1990) estudiaron la variación de secuencia de las poblaciones de Ticuna América del Sur, Maya de América Central y Pima de América del Norte mediante endonucleasas de restricción. Así también ellos reportaron mediante RFLP que las poblaciones amerindias tienen alta frecuencia del mtDNA con 6 sitios para Hinc II de Asia que caracteriza para haplogrupo C, una ganancia del sitio raro Hae III que caracteriza para haplogrupo A, y un sitio único de ganancia el Alu I que caracteriza para haplogrupo D, y la supresión de 9 pares de bases que caracteriza para haplogrupo B específica entre la subunidad de la citocromo c oxidasa II (COII) y genes tRNA Lys, ellos observaron que estas variaciones también eran frecuentes tanto en indígenas Pima y en los Mayas. Estos datos sugieren que el ADNmt amerindio deriva de al menos cuatro linajes maternos primarios, y que estos quedaron distribuidos en todo el continente americano.

Ward R.H. et al. (1991), estudió una población Amerindia de 63 individuos los Nuu-Chah-Nulth del noroeste del Pacífico, Wahshinton, observando una diversidad mitocondrial sustancial, la diversidad de secuencias entre los linajes Nuu-Chah-nulth es > 60% de la diversidad observada en los principales grupos étnicos como japoneses o los africanos subsaharianos. Ellos sugieren que el origen de los linajes Nuu-Chah-nulth es anterior a la entrada de los seres humanos en las América.

Torrioni et al. (1992) analizaron el mtDNA de 167 indios americanos de los cuales fueron 87 amerindios que hablan (Amerindios) y 80 Nadene hablantes (Nadene) la variación de la secuencia fue detallada por análisis de restricción. Todos haplogrupos del DNA mitocondrial de las poblaciones de americanos nativos fueron agrupados en los cuatro linajes definidos por las variantes del sitio de restricción: pérdida sitio HincII en la posición 13259, pérdida sitio AluI en np 5176, par 9-base (9- pb) CO II-tRNA^{Lis} y ganancia del sitio HaeIII en el nucleótido 663. El HincII np 13259 y AluI np 5176 linajes se observaron exclusivamente en amerindios, lo que demuestra que los amerindios del Norte, Centro y Sur América se originaron a partir de un linaje genético ancestral común. La supresión de 9 pb y HaeIII np 663 linajes fueron encontrados en ambos los Amerindios y Nadene, pero HaeIII np 663 linaje encontrado en Nadene había definido un sublinaje único por una pérdida sitio RsaI en np 16 329. La cantidad de variación de la secuencia acumulada en el sitio de

restricción HincII en el nucleótido 13259 y AluI la posición 5176 y en el linaje de la población amerindia con el sitio de restricción HaeIII en la posición del nucleótido 663 todos dieron los tiempos de divergencia en el orden de 20 mil años antes del presente. El tiempo de divergencia para la parte Nadene del sitio de restricción HaeIII el nucleótido 663 fue de unos 6,000-10,000 años. Por lo tanto, los antiguos Nadene migraron de Asia de forma independiente y considerablemente más recientemente que los amerindios.

Torrioni *et al.*, (1993) analizaron la variación del mtDNA de 321 individuos de 17 poblaciones Amerindios nativas mediante el análisis de restricción por endonucleasa y mtDNA amplificado por PCR. Ellos confirmaron que estos pertenecían a cuatro haplogrupos bien definidos A, B, C y D, cada uno definido por conjuntos específicos de asociaciones polimórficas. Torrioni *et al.*, (1992) estudiaron la distribución de los haplogrupos del mtDNA de los Amerindios y Na-Dene observando que el mtDNA de los Na-Dene del norte pertenecen al haplogrupo A y los del Sur a los haplogrupos B, C, y D con frecuencias de 30%, 4%, y 3%, resultado consistente con la aparición de la mezcla genética Amerindia. Por el contrario, los Amerindios del Norte, Centro y Sudamérica se caracterizan por haplotipos pertenecientes a los cuatro haplogrupos. Los cuatro haplogrupos del mtDNA están representados en las poblaciones del Norte, Centro y Sur de América, lo que apoya las migraciones originales y sugieren que el mtDNA de los indígenas americanos deriva del mtDNA de asiáticos. Así también Torrioni *et al.*, (1993) determinó que la secuencia de 341 nucleótidos en el DNA mitocondrial D-loop reveló que la variación de la secuencia de D-loop, correlacionó con los cuatro haplogrupos definidos por análisis de restricción, e indicó que la variación de D-loop, al igual que la variación de haplotipos, se presentó sobre todo después de la migración de los Amerindios ancestrales a través del puente terrestre de Bering. En este sentido, Foster *et al.*, (1996) vuelve a analizar los datos del mtDNA de individuos antiguos de la región de América nativa, corroborando lo estudiado anteriormente y demostró que sólo un análisis filogenético, acompañado por la apreciación de los factores demográficos, permitió discernir diferentes migraciones y estimar las fechas de los sucesos. Ellos emplearon 574 secuencias de la región del mtDNA control de antiguos Siberianos y

Americanos nativos y esto fue confirmado además con datos de lingüística, arqueológicos y evidencia climática que provoca la migración de una población antigua desde el noreste de Siberia a América desde hace 20,000-25,000 años atrás, y una muy rápida expansión de la población de origen Beringia se llevó a cabo al final del glaciador "Younger Dryas" hace 11,300 años atrás, para presentar las poblaciones esquimales y Na-Dene.

Al haber confirmado mediante un análisis filogenético de las secuencias de América y Siberia la cercanía en parentesco, no obstante, los estudios de los investigadores van en constante avance y es cuando Merriwether et al., (1996) analizaron la variación del mtDNA de 42 mongoles de Ulan Bator, mediante RFLP. Ellos analizaron en los mongoles los cuatro haplotipos identificados por Torroni et al., (1993) en Amerindios, tales como A (4,76%), B (2,38%), C (11,9%) y D (19,04%) y siete propuestos por Merriwether y Ferrell (1997) tales como A2 (4,76%), B (2,38%), C1(11,9%), D1 (7,14%), D2 (11,9%), X6 (16,7%), y X7 (9,5%). Sesenta y cuatro por ciento de estas 42 personas tenían "los haplotipos del linaje de fundador de los Amerindios". La presencia de los cuatro linajes fundadores identificados por el grupo de Torroni y siete de Merriwether y Ferrell, presentes para la ubicación de Mongolia con respecto a la del Estrecho Bering, indica que Mongolia es un lugar potencial para el origen de los fundadores del Nuevo Mundo. El haplotipo B, que se encuentra ampliamente distribuida en el Nuevo Mundo, está ausente en Siberia, llegamos a la conclusión de que Mongolia o una ubicación geográfica común a Mongoles y a los aborígenes de América Latina es más probable que permitan el origen de los fundadores del Nuevo Mundo.

Kolman y Bermingham (1997) reportaron diversidad mitocondrial en Amerindios Chocoan y Chibcha de Panamá. Ellos observaron que los grupos Chocoan presentaron altos niveles de diversidad mitocondrial, mientras que los grupos Chibchan presentaron diversidad mitocondrial reducida. De los cuatro haplogrupos definidos por Torroni *et al.*, (1993) (A, B, C y D) y los seis por Merriwether y Ferrell (1996) (A1, A2, B1, C1, C2 y D2), fueron detectados en los Embera-Wounan. Poblaciones Ngobé y Kuna revelan bajos niveles de diversidad mitocondrial con solo dos de los haplogrupos (A y B) y tres de los haplogrupos

definidos cercanamente (A1, A2 y B1) identificados en Chibchan y seis grupos Chibchan (Teribe, Cabecar, Bribri, Guatuso, Huetar y Boruca) también con haplogrupos A y B, y bajos niveles del haplogrupo D.

Achilli A. *et al.*, (2008) estudió 171 secuencias de la región completa de mtDNA obtenidas del Gene Bank las cuales empleó para la construcción filogenética, y así también analizaron 14 secuencias nativas de mtDNA nuevas de las cuales corresponden a: República Dominicana (N= 4), Canadá (N= 3) y Estados Unidos (N= 7). Ellos mostraron mediante filogenias las agrupaciones de los haplogrupos A2, B2, C1, D1 y revelan un gran número de sub-haplogrupos, pero sugieren que la población de Beringia antigua solo contribuyó con seis haplotipos fundadores. Los árboles filogenéticos muestran en las raíces de A2, B2, C1 y D1, junto con las secuencias completas perteneciente a los haplogrupos Americanos nativos menos comunes C4c, D2a, D3, D4h3 y X2a. Se observó que los clados derivados son generalmente en forma de estrella con tiempos de coalescencia que van desde 18,000 a 21,000 años. Ellos sugieren una estimación que indica una entrada humana y la propagación de los haplogrupos panamericanas en las Américas justo después del pico del Último Máximo Glacial, lo cual está de acuerdo con las edades indiscutibles de los primeros paleoindios en América del Sur.

Kumar S. *et al.*, (2011) estudiaron 568 genomas mitocondriales completos, con la finalidad de conocer raíces comunes entre linajes americanos y nativos *Siberia-Asiáticos*. Ellos sugieren que los fundadores de nativos americanos divergieron de sus progenitores *Siberia-Asiáticos* en algún momento durante el último máximo glacial y llegaron a América poco después del pico de LGM (~ 20-16 kya). La filogeografía del haplogrupo C1 sugieren que este haplogrupo fundador americano diferenciada en Siberia y Asia. La situación es menos clara para el haplogrupo B2, sin embargo, haplogrupos A2 y D1 puede haber diferenciado poco después de la divergencia de los fundadores Americanos nativos. La filogeografía de sublinajes dentro haplogrupos estadounidenses A2, B2, D1 y los subhaplogrupos C1b, C1c y C1d de C1 son complejos y en gran medida específicos de América del Norte, Central y Sur. Sin embargo, algunos sub-ramas (B2b, C1b, C1c, C1d y D1f) ya existían en América haplogrupos fundadores antes de la expansión en América.

Otra de las contribuciones importantes hechas en este campo fue, el descubrimiento de especímenes tipo Neandertal encontrados en 1856 en Alemania occidental. Los Neandertales son grupos de homínidos extintos que poblaron Europa y Asia Occidental desde hace 30,000 a 300,000 años. Se cree que en este periodo ellos convivieron con los humanos modernos. Krings *et al.*, (1997) reportaron que el mtDNA de estos especímenes tipo Neandertal fue extraído y se compararon las secuencias de estos, con secuencia de mtDNA humano moderno y así también, se realizó el análisis filogenético, mostrando que las secuencias de Neandertal caen dentro de la variación de humanos modernos. Sin embargo, recientemente se determinó que los Neandertales son una especie diferente (*Homo neanderthalensis*) a la del humano moderno resaltando la importancia de datar las muestras y efectuar los análisis morfológicos adecuados, ya que se ha confundido restos de humanos contemporáneos con los Neanderthales (Benazzi *et al.*, 2014) Estudios recientes muestran la información genética del mtDNA en restos de poblaciones prehispánicas mexicanas, se ha secuenciado la región hipervariable I de 40 muestras para conocer su haplogrupo y para poder hacer estudios de migración. Los haplogrupos son específicos para algunas poblaciones y regiones geográficas, lo que ha permitido establecer relaciones entre poblaciones antiguas y contemporáneas. También se ha estudiado a las poblaciones contemporáneas mestizas mexicanas, Peñaloza-Espinosa R.I. *et al.*, 2007, estudio 14 poblaciones (Mixteca-Alta, Mixteca-Baja, Otomi, Purépecha, Tzeltal, Tarahumara, Huichol, Nahua-Atocpan, Nahua-Xochimilco, Nahua-Zitlala, Nahua-Chilacachapa, Nahua-Ixhuatlancillo, Nahua-Necoxtla y Nahua-Coyolillo), estas comunidades son aisladas geográfica y culturalmente, ellos observaron que el 98.6% de los haplogrupos de mtDNA de estas poblaciones corresponden a los haplogrupos A1, A2, B1, B2, C1, C2, D1 y D2. Así también, observaron frecuencias de 1.88% para haplogrupo X6 en la población Tarahumara y 20% en Huicholes, y el haplogrupo L fue presente en 7.89% de los Nahua-Coyolillo. Muñoz *et al.*, 2010 reporta tanto haplogrupos típicos del continente Americano A, B, C y D, así como algunos haplogrupos Europeos en poblaciones mestizas mexicanas.

1.6 Poblaciones Prehispánicas Maya bajo estudio

1.6.1 *Palenque* en Chiapas

El verdadero nombre de la ciudad antigua de *Palenque* es Lakamha', que significa "El lugar de las grandes aguas", ello se puede deber a dos razones la primera obedece a que en el cerro de Don Juan donde se forma una gran cañada se registran constantes precipitaciones pluviales que dan origen a diversos arroyos que cruzan *Palenque* en un fluido de sur a norte hasta su encuentro con el arroyo Michol. *Palenque* se fundó como una aldea dedicada a la agricultura.

En base a los datos arqueológicos sabemos que *Palenque* fue ocupada desde el periodo Preclásico Superior hacia 100 años a.C. Las evidencias de esta antigua población, proceden únicamente de los restos de materiales cerámicos tipo Chicanel, excavados en pozos y rellenos de algunos edificios (Rands *et al.*, 1974). Sigue su ocupación durante el Clásico Temprano (300 a 600 d.C.), pero es hasta el Clásico Tardío (600 a 900 d.C.) donde presenta su mayor esplendor ejerciendo el control político y económico de la región.

Palenque fue junto con Tikal y Calakmul una de las ciudades más poderosas del Clásico Maya, sede de una de las dinastías más notables a la que pertenece Pakal, cuya tumba fue descubierta en 1952 por el arqueólogo Alberto Ruz L' Huillier. Como todas las ciudades Mayas del Clásico, *Palenque* se relacionó con otras, a través de redes comerciales de intercambio o alianzas entre grupos de gobernantes. El territorio se organizaba a partir de la existencia de ciudades estado, cuyos centros han sido identificados por la presencia del llamado glifo emblema, pero la base de esta organización: intercambio, alianzas y por supuesto la guerra, supone una movilidad constante de la misma. Adicionalmente, las inscripciones jeroglíficas no sólo ofrecen la identificación del sitio, también dan cuenta de las alianzas matrimoniales y políticas y las situaciones bélicas entre ciudades.

En términos generales el sitio está formado por más de 200 estructuras arquitectónicas, diferentes en tamaño y complejidad entre las que destacan: Grupo I-II, Grupo de los Murciélagos, Grupo B, Grupo C, Grupo Norte, Templo de las

Inscripciones, Templo de *La Reina Roja* (XIII), Templo de la Calavera, Templo XI, Grupo IV, Juego de Pelota, Acueducto, Grupo XVI, Templo IV, Templo XIV, Plaza del Sol, Templo del Sol, Templo de la Cruz Foliada, Templo de la Cruz y Templo del Bello Relieve (Figura 5).

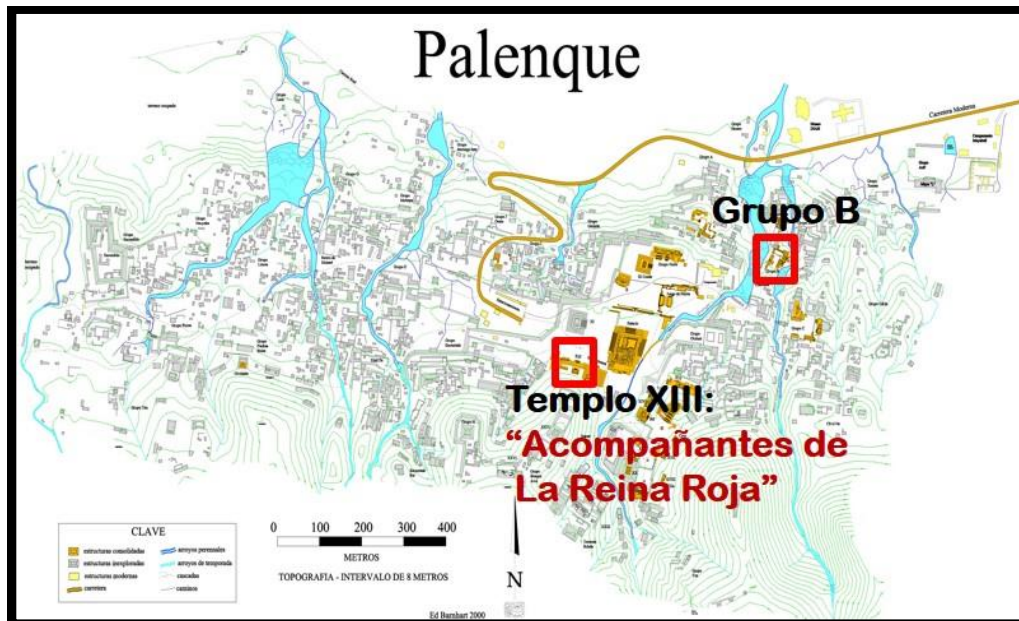


Figura 5. Estructuras arquitectónicas de Palenque

En el presente estudio nos enfocamos a estudiar el componente genético del conjunto residencial que corresponde al Grupo B (Figura 12), asociado a los entierros humanos.

1.6.1.1 Grupo B

El Grupo B de *Palenque* se localiza al norte del Grupo Norte, en la base del acantilado, junto a la cascada del Arroyo Otulum y se trata de construcciones de uso habitacional. En ellas se encontraron numerosos entierros. Durante el Clásico (250-900 d.C.), conjuntos arquitectónicos como el Grupo B Figura 6 fueron creciendo alrededor de la elegante casa de una familia noble, cuyos miembros eran la cabeza de un gran grupo social en el que todos estaban emparentados. Las

residencias de los nobles comprendían varios edificios abovedados construidos alrededor de una plaza o patio, y en ellas se realizaban numerosas actividades productivas a pequeña escala, como la manufactura de figurillas y la talla de navajas prismáticas de obsidiana. Alrededor de estas residencias se fueron agregando sucesivamente casas más pequeñas, construidas con materiales perecederos, en las que habitaba la gente común. Estos muros que pertenecen al Edificio 3 del Grupo B Figura 7 y formaron parte de las casas donde vivieron los nobles.

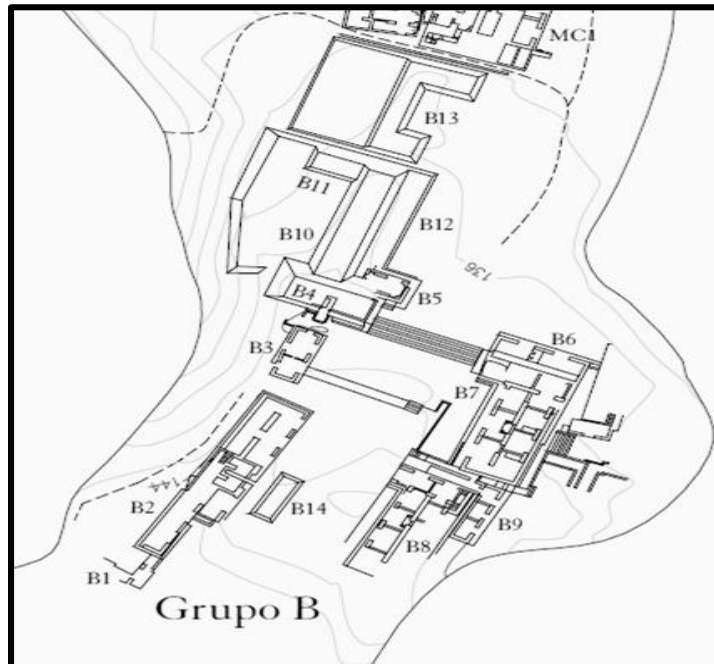


Figura 6. Sitio arqueológico Grupo B de Palenque



Figura 7. Edificio 3 del Grupo B

1.6.1.2 Personajes importantes en la historia de México prehispánicos:

Acompañantes de *La Reina Roja*

El Templo XIII ubicado en el sitio arqueológico de *Palenque*, México (o "*Na-Shan-Kan*": "*Lugar de la Serpiente Azul* "; 17°30'33" N, 91°58'56" O), perteneciente al *Templo de las Inscripciones*, albergó restos humanos con importancia histórica. Hoy en día los restos se encuentran en resguardo en el Museo Nacional de Antropología.

La *Reina Roja* fue sepultada en el Templo XIII y se le dió ese nombre debido a que estaba cubierta por cinabrio (mercurio) que es de color rojo. El 11 de abril de 1994, cuando realizaban prácticas de excavación, la joven arqueóloga Fanny López Jiménez descubrió en el Templo XIII de *Palenque* una subestructura, una puerta y un pasillo que la llevó a encontrar tres recámaras, en una de ellas se encontraba el sarcófago de la *Reina Roja*. El 18 de abril fue descubierta la tumba y el 16 de mayo fue descubierto el sarcófago monolítico. Para el 31 de mayo, Fanny López Jiménez, y el equipo de arqueólogos lograron entrar a la cámara funeraria. El 1 de junio, la lápida, que había sellado el sarcófago por más de mil trescientos años, fue removida de su lugar. *La Reina Roja* media alrededor de un metro cincuenta y ocho

centímetros, que tal vez para la época era un promedio alto; lucía el cráneo deformado a la manera tubular oblicua una diadema, como era costumbre llevar entre las mujeres de la nobleza Maya. Debido a la densidad de la osamenta se ha sugerido que la *Reina Roja* probablemente sufrió de osteoporosis. *La Reina Roja* llevaba una máscara mortuoria hecha con cien piezas de malaquita (procedentes de las costas de Guerrero), la hermosa piedra semipreciosa de color verde, y dos conchas a manera de orejeras; dos láminas de obsidiana hacían las veces de pupilas y cuatro de jadeíta fungían como iris. Una máscara más pequeña de jade adornaba una especie de cinturón; la reina portaba pulseras, cuentas circulares y un collar. Como corona ostentaba una diadema, símbolo de la nobleza Maya. Se dice que este tipo de diademas las portaban exclusivamente los gobernantes. En la cámara donde se encontró a *La Reina Roja* estaba a 1.50 m de profundidad, la cual descansaba en una de las recámaras de una subestructura que constaba de una puerta y un pasillo, dentro de un sarcófago monolítico. Dicho sarcófago medía 2.40 centímetros de largo por 1.18 de ancho y estaba colocado en un recinto abovedado. Sobre la lápida del sarcófago se encontraba un incensario y un malacate de hueso. A su lado poniente se encontraron sobre el piso en posición extendida: una mujer de 20 a 30 años, entre el muro este y el sarcófago y un niño de 7 a 12 años entre el muro oeste y el sarcófago (González-Cruz *et al.*, 1995; 2011). Se trataba de “Acompañantes” de *La Reina Roja* (Figura 8). El antropólogo físico Arturo Romano Pacheco los estudió por más de una década y media para confirmar su sexo, edad al fallecer, enfermedades padecidas y relaciones de parentesco con otros personajes descubiertos en el sitio prehispánico. En lo que toca a los resultados de los estudios hechos a los acompañantes de *La Reina Roja*, se pudo comprobar que ambos fueron sacrificados, de acuerdo con huellas registradas en los huesos de ambos individuos.



Entierro Infantil (extremo poniente del sarcófago). 1a) Vertebra Dorsal



Entierro Femenino (extremo oriente del sarcófago). 1b) Molar

Figura 8. Acompañantes de *La Reina Roja*. A Entierro Infantil. (Extremo poniente del sarcófago). B Entierro Femenino (Extremo oriente del sarcófago). Foto: Octavio Moreno.

1.6.1.3 Estudio químico y morfológico, y su relación con la presencia de Hg en los restos de las poblaciones Mayas

En los tiempos prehispánicos los restos de personajes gobernantes eran cubiertos con cinabrio (HgS) y colocados en cámaras funerarias durante las ceremonias Mayas. Los restos de *La Reina Roja* (700 A. C) encontrados en *Palenque*, México fueron cubiertos con cinabrio, presentando un comportamiento similar a los restos

de otra mujer Maya encontrada en Copan, Honduras, lo que sugiere que ésta haya sido una práctica común en la civilización Maya.

La presencia de HgS ha sido relacionada con la preservación de material orgánico en *La Reina Roja*, a ha mostrado alta presencia de HgS, que actúa como agente antibacteriano y contribuye a la preservación de material orgánico (Cervini-Silva *et al.*, 2013). La exposición de restos humanos antiguos a Hg se ha registrado en diversas civilizaciones. Restos humanos encontrados en Japón, en dos sitios arqueológicos distintos, Tokushima y Matsuyama, pertenecientes a dos periodos distintos, siglos 6-7 y 12-17, mostraron una acumulación de Hg de hasta 1,700 $\mu\text{g g}^{-1}$ (Yamada *et al.*, 1995). El Hg se ha empleado en forma de cinabrio (HgS) en tiempos prehispánicos en rituales funerarios y contextos ceremoniales, así como en cerámicas, pinturas y murales (Gazzola *et al.*, 2009).

Resulta de particular interés los reportes que muestran la presencia de HgS en restos humanos encontrados en centros ceremoniales como *Palenque*, *Jaina*, *Monte Alban* y *Ranas* (González Cruz *et al.*, 1995; Stuart y Garrett, 1997; Cervini-Silva *et al.*, 2013; Ávila *et al.*, 2014). Este estudio reportó datos de XRD mostrando la incorporación de Hg en la estructura de hidroxiapatita (Ávila *et al.*, 2014).

Estudios reportados por Cervini Silva *et al.*, (2013) muestran mediante análisis microscópicos y microdifracción de alta resolución, la presencia de minerales orgánicos nanotubulares, comparables en composición y dimensiones moleculares a las fibrillas de colágeno. Donde la asociación de las estructuras nanotubulares con HgS contribuyen al buen estado de preservación de los restos antiguos. En el presente estudio se pretende analizar si los acompañantes de *La Reina Roja*, tienen restos de HgS mediante el análisis de los elementos, conocer su morfología y su origen genético para determinar si existía alguna relación de parentesco con *La Reina Roja*.

1.6.2 *El Rey*, Cancún, Quintana Roo

El sitio arqueológico Maya *El Rey* está localizado en la isla de Cancún, Quintana Roo a 21° 08' de la latitud norte y 86° 46' de longitud oeste. El sitio de *El Rey* se

ajusta a la forma y topografía de la isla, con una extensión de 520 metros de norte a sur y 70 metros en su parte más ancha. En la actualidad *El Rey* se debe su nombre al descubrimiento de una cabeza antropomorfa con una prenda tallada que pareció a los investigadores el tocado de un personaje de alto rango. La cabeza de *El Rey* se integró al acervo del Museo Arqueológico de Cancún. *El Rey* parece haberse iniciado en una época muy temprana (300 dC. hasta 1550 dC.), cuando seguramente había pequeños asentamientos con plataformas bajas sobre las que descansaban construcciones de madera y palma de las que no se conserva ninguna evidencia. En el periodo posclásico tardío (400 BCE-200 CE), la zona isleña cobra mayor importancia demográfica y arquitectónica. Las estructuras que hoy pueden verse en *El Rey* corresponden a ese tiempo y son típicos ejemplos del estilo arquitectónico conocido como costa oriental. Entre los años 200 y 1200 CE, sus habitantes se habrían dedicado a la pesca y a la extracción de sal para su propia subsistencia o para pagar tributo a centros de poder regional.

El Rey es la zona arqueológica más importante de Cancún, consta de 47 estructuras que conservan restos de pintura mural con representaciones de deidades y símbolos Mayas, se trata de edificios que sirvieron como templos y residencias de personas de alto estatus. El edificio más importante es la Estructura 2, un basamento piramidal de gran altura y el único que estaba acompañado por objetos de cerámica, cobre, jade, concha y hueso. Las Estructuras 1 y 4, son amplios palacios conformados por grandes galerías con columnas que sostenían un techo plano, es posible que aquí se realizaran funciones administrativas.

Se localizan las estructuras principales las cuales son 7 en total, más 9 plataformas en la parte norte y 27 en Pinturas (plano I). En la parte central se concentran los principales edificios del sitio: una estructura piramidal, compuesta de tres cuerpos en talud, esquinas redondeadas y un templo en la parte superior, la estructura 3 que es una bóveda escalonada y en su interior conserva pinturas murales muy deterioradas, allí mismo se observan 6 piedras asentadas en el piso a manera de asientos. Otro edificio importante de la parte central de *El Rey* son las grandes plataformas que varían en forma y tamaño, pero se caracterizan por tener doble hilera de columnas que sostenían un techo plano; en el interior existe una

banqueta y un altar central. En la estructura 4 además de una alfarda con dado, existe un altar en su parte media, mientras que en la estructura 7 tenía un personaje en el centro de la escalinata. En la parte norte de la península de Yucatán son varios los ejemplos de estructuras en forma de "L"; en Can Cun la estructura 1 de *El Rey* (figura 5) y otra de San Miguel, en Tulum la estructura 21, en Cozumel la estructura 5a. del Grupo I de San Gervasio y en Mayapan la estructura 54. Por el contrario, estructuras de doble columnata, escalinata al centro, con banqueta y altar interior son muy características de *El Rey*. En el lado norte perteneciente al conjunto *El Rey*, se localizan 9 plataformas que tienen una altura promedio de 0.60 cm y llegan a medir en promedio 12 metros de largo por 8 de ancho. Todas estas plataformas tienen una escalera de acceso con alfardas, el cuerpo de dichas plataformas se compone de talud y cornisa o muro vertical. Estas plataformas se distribuyen de tal manera que forman una calle o calzada interrumpida por pequeños altares, que están al frente de las plataformas (Figura 9).

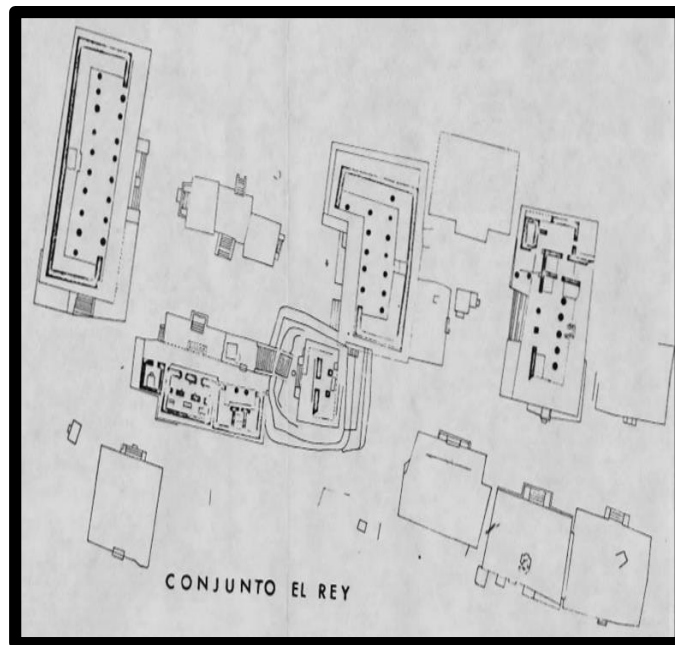


Figura 9. Sitio arqueológico "*El Rey*" en Quintana Roo

1.7 Estudio de DNA mitocondrial contemporáneo y antiguo de las poblaciones Mayas.

Uno de los primeros estudios reportados en poblaciones Mayas contemporáneas fue el descrito por Torroni *et al.*, (1992) quien estudia 27 muestras de sangre de individuos Mayas del centro de la península de Yucatán, ellos reportan que la población Maya es genéticamente cerrada con los *Nadene* (0.080-0.090%), y reportan una mayor divergencia en los *Pima* (0.149%) y los *Ticuna* (0.179%). Ellos observan en el árbol filogenético que el grupo A se divide en dos subgrupos radiando para haplotipos 1 y 9. La divergencia genética reducida entre Mayas de Yucatán y *Nadene* es debido a la presencia del haplotipo I, este haplotipo fue presente en el 38.8% de los *Nadene* y el 18.5% de los Maya y 5.0% de *Taiwanese Han* (Filogenia de Asia Ballinger *et al.*, 1992). El haplotipo 9 difiere del haplotipo 1 por la presencia de HaeIII sitio nucleotídico 16,517 y fue detectado en 8.8% de los *Nadene*, 7.4% de los *Maya* y 7.1 % de los *Ticuna*. Los haplotipos en el grupo A son asociados con el HaeIII del sitio nucleotídico 663. Este ha sido observado previamente en bajas frecuencias de mtDNAs del este de Asia (Chinos Han y *Koreanos* (Ballinger *et al.*, 1992).

En Tabla 4 se muestran las frecuencias de haplogrupos en poblaciones Mayas contemporáneas y prehispánicas, a continuación, se hace un breve resumen de la revisión bibliográfica de los antecedentes.

Torroni *et al.*, (1993) analizaron la variación del mtDNA de 321 individuos de 17 poblaciones *Amerindios* nativas mediante el análisis de restricción por endonucleasa y mtDNA amplificado por PCR. Ellos estudiaron 27 individuos *Amerindios* del Norte (*Penutian*) de Yucatán y mostraron el linaje materno de esta población con frecuencias A de 51.9%, para B de 22.2%, para C de 14.8%, y para D de 7.4%. Justice y Crawford (2011) reportaron en tesis de doctorado, el linaje materno para la población Maya *Poqomchi* de Guatemala mostrando frecuencias de 65, 82, 6, y 12% para los haplogrupos A, B, C, y D, respectivamente, así también estudiaron el linaje materno de la población Maya *Chortí* de Guatemala con un 50,

70 y 25% para los haplogrupos A, B y D, respectivamente. Sandoval K. *et al.*, (2009) estudio 477 individuos no relacionados de 11 poblaciones (107 *Triquis*, 15 *Tarahumaras*, 34 *Purépechas*, 68 *Otomís*, 35 *Nahuas* de Xochimilco, 14 *Nahuas* de Zitlala, 10 *Nahuas* de Ixhuatlancillo, 25 *Nahuas* de Necoxtla, 19 *Mixtecos*, 98 *Pimas* y 52 Mayas). Ellos reportan el linaje materno para las poblaciones Mayas con frecuencia de 61.5% A, seguida de 17.3% B, 15.3% C y 5.7% D. Se ha reportado que los linajes predominantes para poblaciones Yucatán, Campeche, Quintana Roo, Tabasco y Chiapas, en México, y en los países de Guatemala, Belice y Honduras son A y B, y con baja frecuencia C y D (González Oliver *et al.*, 2012).

Söchtig J. *et al.*, 2015 estudiaron la variabilidad genética de los Mayas y ladinos de Guatemala, empleando un total de 110 muestras (2 *Achi*, 2 *Kaqchikel*, 2 *K'iche*, 11 *Ladino*, 18 *Poqomchi'* y 75 *Q'eqchi'*). Ellos mostraron la clasificación del linaje materno de los principales haplogrupos de mtDNA nativo americano: A2 (75%), B2 (14%) y C1 (10%). Dentro A2, los sub-haplogrupos más comunes fueron A2 + C64T (35%), A2p (9%) y A2w1 (9%) y dentro del haplogrupo B2, el sub-haplogrupo más común fue B2t. Así también los análisis de marcadores genéticos uniparentales (AIMS) indicaron que la población Maya tiene una ascendencia nativa americana dominante (DNA mitocondrial (mtDNA): 100%). Los polimorfismos autosómicos también reflejaron un sesgo de género marcado donde la ascendencia indígena fue del 92% para los mayas. De acuerdo a la secuenciación de mitogenomas completos se ha llevado a cabo una mejora de la filogenia de nativos americanos a través de la adición de nuevos haplogrupos, estos datos revelan la existencia de un flujo de genes en el área mesoamericana y un predominante flujo unidireccional hacia América del Sur, lo más probable es que ocurrió durante el periodo Pre-Clásico (1800 aC-200 dC) y el Clásico (200-1000 dC), coincidiendo con la civilización mesoamericana avanzada.

González-Martín A. *et al.*, 2015 secuenciaron la región D-loop mitocondrial de 520 muestras de ocho grupos indígenas mexicanos (filiación Maya: Maya de Yucatán (n=40), Maya Quintana Roo (n=74), Maya Campeche (n=37), así como dos grupos de Chiapas *Tojolabal* (n=74) y *Tzotzil* (n=87). Los otros tres grupos indígenas fueron *Mazateco* de Oaxaca (n=41), *Purépecha* de Michoacán (n=65) y *Huichol* de Nayarit

(n=102), con el mtDNA de estas poblaciones se analizó la diversidad genética, la estructura y la relación genética entre 28 poblaciones de nativos americanos, aplicado la metodología bayesiana para una visión más profunda de la historia de Mesoamérica. Además de realizar pruebas de AMOVA aplicando criterios culturales, lingüísticas y geográficas. La caracterización genética de estos grupos nativos americanos proporcionó información detallada sobre su historia y eventos demográficos. Ellos reportan el linaje materno para las 8 poblaciones de Mesoamérica con frecuencias de haplogrupos de A2 (n=257, 49.4%), seguida por B2 (n=126, 24.2%), C1 (n=101, 19.4%) y D1 (n=23, 4.4%). Sin embargo, la población de *Tojolabal* mostró más alta frecuencia del haplogrupo B2 (58.1%) y ausencia del haplogrupo C1, mientras que la población de Huicholes mostró la más alta frecuencia para C1 (47.1%) y ausencia del haplogrupo D1. Otros resultados de interés en este análisis de secuenciación completa de la región control permitió determinar los sub-haplogrupos, donde el subhaplogrupo D4h3a se muestra en más alta frecuencia en *Tzotziles* n=8 (9.2%) y en *Mazatecos* n=4 (9.8%), en tanto que el subhaplogrupo B4b1 fue detectado solo en Mayas de Yucatán. Por otro lado, las poblaciones de la península de Yucatán (Maya qr, Maya y and Maya c) y *Purépecha*, mostraron valores negativos en la prueba de neutralidad (Tajima's D and Fu's FS), indicando expansión de la población. La tasa de diversidad genética (\hat{H}) para las poblaciones Maya de la Península de Yucatán fue más alta ($\hat{H} = 0.9974 \pm 0.006$), en comparación con las de *Tojolabal* ($\hat{H} = 0.8911 \pm 0.017$) y Huichol_h ($\hat{H} = 0.7994 \pm 0.026$). Sin embargo, estos patrones cambiaron, con el análisis del índice de diversidad nucleotídica (π), presentando los más altos valores, los grupos mexicanos nativos de las poblaciones *Mazateco* ($\pi = 0.01056 \pm 0.0005$) y *Tzotzil* ($\pi = 0.01067 \pm 0.0002$). Las distancias genéticas entre las 8 poblaciones incluidas en dicho estudio fueron representadas en gráficas de escalamiento multidimensional, ellos obtuvieron dos resultados en particular: la existencia de un grupo Maya de la Península de Yucatán (Maya qr, Maya y and Maya c) y otra población Maya ligeramente remota, especialmente *Tojolabal*; y la población Maya más cercana de *Mazatecos*, así también se observó más afinidad de los Mayas con los *Purépechas* que con los *Huicholes* quienes están muy alejados del grupo. En cuanto a la

reconstrucción demográfica indica los valores más altos del número efectivo de hembras reproductoras (Nef) en Mesoamérica Centroamérica durante el período Pre-Clásico, mientras que este patrón se mueve hacia el periodo Clásico de grupos en el norte y el oeste.

Merriwether, Reed y Ferrell, (1997) estudiaron el DNA mitocondrial antiguo de individuos de la ciudad Maya de Copán de Honduras. Copán es un sitio que se encuentra en la periferia sureste de la zona Maya, es uno de los sitios más importantes Mayas del periodo Clásico. Las tumbas del Clásico Temprano de Copán demuestran una fuerte afinidad con el Petén central, en particular Tikal. En esta población encontraron los linajes C y D con frecuencias de 89% y 11% respectivamente, ellos observaron que este patrimonio genético es compartido con otros pueblos que viven en Siberia y América del Sur, pero no con Alaska o Canadá. Por otro lado, una población prehispánica de Xcaret Quintana Roo donde encontraron los haplogrupos A, C, y B con una frecuencia de 84%, 8% y 4% respectivamente (González Oliver *et al.*, 2001).

Quinientos ochenta y cinco esqueletos de una población antigua Maya de Tipu Belice del periodo Colonial siglo XVI fue estudiada por Elwess *et al.*, 2015 ellos estudiaron las secuencias de la región hipervariable del mtDNA, las muestras fueron amplificadas usando los oligos específicos de 211 pb, todas las muestras mostraron 0% de haplogrupo A, 8% de haplogrupo B, 64% de haplogrupo C y 28 % de haplogrupo D. Así también ellos reportaron una alta frecuencia de variantes raras de Asia.

Scherer A.K. *et al.*, 2007 estudio la estructura de la población del periodo Clásico (250–900 CE) de las poblaciones Mayas a través de análisis de la variación de odontométrica 827 esqueletos de 12 sitios arqueológicos en México, Guatemala, Belice y Honduras, indicando que el aislamiento por distancia no describe la estructura de la población Maya del periodo Clásico. Los resultados de los valores de FST totales en este estudio en el área Maya fue de 0.018, lo que indica poca variación entre los grupos para los Mayas del periodo Clásico estudiados.

Ibarra-Rivera L. *et al.*, 2008, estudiaron 4 poblaciones Maya de 2 grupos de Guatemala, el *Kiche* (n= 7) y el *Kakchikel* (n=59) y dos grupos mexicanos de

Campeche (n=48) y Yucatán (n=121), estas poblaciones se estudiaron usando 15 loci STR autosomales. Ellos determinaron si las similitudes entre las comunidades Mayas reflejan afinidades genéticas o son simplemente un reflejo de su cultura, observando que los Mayas emergen como un grupo dentro de Mesoamérica, indicando que son más similares entre sí, que a otros grupos Mesoamericanos. Los resultados sugieren que, aunque existían barreras geográfica y políticas entre las comunidades Mayas, ocurrió intercambio genético entre los diferentes grupos Mayas. Una visión general de las frecuencias alélicas revela diferencias entre los cuatro grupos Mayas en referencia a su número total de alelos: *K'iche* presenta el menor número de alelos (96) seguido de Campeche (108), *Kakchikel* (112) y Yucatán (131).

Martínez-Cortés G. *et al.*, 2010 estudiaron las relaciones genéticas y estructura de la población entre los tres grupos de nativos mexicanos de Mesoamérica: 531 individuos no relacionados nativos de México de los cuales fueron 333 Purépechas, 108 Triquis y 90 mayas. Se mostró que la mayoría de los grupos nativos no se diferenció, con excepción de *Triquis* y *Purépechas*, lo cual fue atribuible a su aislamiento geográfico y cultural. Curiosamente, los Huastecos y mayas no se diferenciaron, esto concordó con la hipótesis arqueológica de que los Huastecos representan un grupo Maya ancestral.

Los autores sugieren que las discrepancias en las frecuencias entre los Mayas antiguos y contemporáneos pueden deberse al número pequeño de individuos estudiados de la población antigua o a la mezcla de la población contemporánea con grupos nativos no Mayas de los alrededores, pero también estas dos diferentes frecuencias pueden estar reflejando que las dos poblaciones representan diferentes grupos lingüísticos Mayas, indicando el nivel de variación dentro de la cultura Maya. Por ello se hace necesaria la realización de más estudios en otras poblaciones Mayas, como lo es el presente estudio para poblaciones de *Palenque* y *El Rey*.

Tabla 4. Frecuencias de Haplogrupos de poblaciones maya Contemporáneas y Prehispánicas

Poblaciones	N	A2	B2	C1	D1	Referencias
Contemporáneas						
Yucatán	37	51.9	22.2	14.8	7.4	Torrioni <i>et al.</i> , 1993
Yucatán y Campeche	52	61.5	17.3	15.3	5.7	Sandoval <i>et al.</i> , 2009
Guatemala	110	75	14	10	-	Söchtig <i>et al.</i> , 2015
Quintana Roo,	74	64.9	16.2	14.9	4	González-Martín <i>et al.</i> , 2015
Yucatán,	40	65	15	12.5	7.5	González-Martín <i>et al.</i> , 2015
Campeche,	37	70.3	5.4	18.9	5.4	González-Martín <i>et al.</i> , 2015
Tzotzil Chiapas	87	41.4	24.1	25.3	9.2	González-Martín <i>et al.</i> , 2015
Tojolabal Chiapas	74	25.7	58.1	-	16.2	González-Martín <i>et al.</i> , 2015
Prehispánicas						
Copán de Honduras	15	-	-	89	11	Merriwether <i>et al.</i> , 1997
Xcaret Quintana Roo	107	84	4	8	-	González Olivier <i>et al.</i> , 2001
Tipu Belice	34	-	8	64	28	Elwess N.L. <i>et al.</i> , 2015

II. JUSTIFICACIÓN

Los esqueletos humanos antiguos, también llamados restos antiguos, son evidencias tangibles, en las que se puede conocer un sin número de características biológicas y culturales que contribuyen al conocimiento de las primeras poblaciones humanas. Dependiendo de la conservación de estos restos ha sido posible la obtención de DNA de los restos antiguos, por lo que conocer su integridad por diferentes tecnologías de microscopía de alta resolución proporciona información muy importante que puede ser aplicada a muchos campos de la ciencia por ejemplo la genética de poblaciones, la medicina forense, identificación de personajes históricos, la antropología física, la taxonomía evolutiva y la arqueología. El DNA de la célula mejor conservado es el mitocondrial, por lo que nos ayuda a determinar migraciones de poblaciones e identificación de individuos por la vía materna a través de los haplogrupos y haplotipos. Por lo que se realizaron estudios de microscopía electrónica de barrido de alta resolución y espectroscopía de energía dispersiva, así como de genética de poblaciones para determinar los haplogrupos/haplotipos de las muestras Mayas Prehispánicas, incluyendo personajes históricos del Periodo Clásico tales como los acompañantes de *La Reina Roja*, lo que corroborará parte de nuestra historia y orígenes. Asimismo, mediante estudios de DNA antiguo fue posible determinar algunos de los marcadores de susceptibilidad a DMT2, en la región hipervariable I del mtDNA, que se han asociado a esta enfermedad en las poblaciones mexicanas contemporáneas.

III. HIPÓTESIS

Si los restos antiguos de los acompañantes de *La Reina Roja* han preservado estructuras biológicas, es probable la conservación del DNA para realizar análisis de genética de poblaciones en los Maya prehispánicos (de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo) y su relación con los Maya contemporáneos y otras poblaciones de Asia y América mediante la secuenciación del DNA mitocondrial; y determinar si SNPs de DNA mitocondrial asociados a la Diabetes Mellitus Tipo 2 están presentes en las muestras prehispánicas.

IV. OBJETIVO

4.1 Objetivo General

Determinar la conservación biológica y la composición química de los restos antiguos, para aislar el ADN y definir la diversidad genética, haplogrupo/haplotipos, y la relación genética con los Maya prehispánicos con los contemporáneos y otras poblaciones de Asia, y América mediante la secuenciación del DNA mitocondrial; y determinar si SNPs de DNA mitocondrial asociados a la Diabetes Mellitus Tipo 2 están presentes en las muestras prehispánicas.

4.2 Objetivos Particulares

- 1 Realizar una caracterización morfológica y química de las muestras de *Palenque* (acompañantes de *La Reina Roja*), utilizando Microscopía Electrónica de Barrido y Espectroscopía de Energía Dispersiva.
- 2 Determinar haplogrupos de DNA mitocondrial de dos poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas (*Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo).
- 3 Realizar un análisis comparativo mediante redes haplotípicas de las poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas en comparación con otras poblaciones Mayas contemporáneas de Asia y América (Norte, Central y Sur).
- 4 Determinar SNPs (A3243G, T16189C) en DNA mitocondrial que se han asociado con la DMT2 en Mayas mexicanos prehispánicos.

V MATERIALES Y MÉTODOS

5.1 Materiales

Las muestras de los acompañantes de *La Reina Roja* fueron proporcionadas por el Dr. Arturo Romano Pacheco y las del grupo B de *Palenque* como las del sitio arqueológico *El Rey* fueron proporcionadas por el Maestro en Ciencias Adrián Martínez Meza en Antropología de la Dirección de Antropología Física (DAF) del Instituto Nacional de Antropología e Historia. En este estudio, se analizó el DNA antiguo de 26 muestras arqueológicas siendo 16 muestras del sitio arqueológico de *Palenque* en Chiapas, de las cuales 2 pertenecen a los acompañantes de *La Reina Roja*, y 10 muestras del sitio arqueológico de *El Rey* en Quintana Roo. De las 26 muestras trabajadas solo se obtuvieron 10 secuencias, sin embargo nuestro grupo de trabajo proporcionó para un mejor análisis 29 secuencias de poblaciones antiguas Mayas, conformando un total de 39 secuencias antiguas de los sitios arqueológicos de: Xcambo, Bonampak (Grupo Frey y Grupo Quemado), *Palenque* (Templo XIII, Templo XV, Grupo B), *El Rey* Quintana Roo y Comalcalco (Templo V, Templo III, El Comal, Áreas de Trabajo), Dren, Peje Lagarto Pinos, Sueños de Oro, Calicanto que se incluyó en el manuscrito aceptado para su publicación en la revista *Human Biology*. Las muestras arqueológicas fueron colectadas de muestras de huesos prehispánicos de 2 diferentes áreas para poder confirmar el análisis realizado. Por otro lado, se realizó también, el análisis del linaje materno del DNA antiguo del esqueleto de Sor Juana Inés de la Cruz, muestra proporcionada por el arqueólogo Arturo Romano Pacheco. Los estudios de los acompañantes de *La Reina Roja* y el esqueleto de Sor Juana Inés de la Cruz se realizaron a petición del Dr. Romano.

5.2 Métodos

5.2.1 Estudio Químico y Morfológico para determinar la posible presencia de DNA antiguo en las muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas: los Acompañantes de *La Reina Roja*

5.2.1.1 Microscopía Electrónica de Barrido y Espectroscopia de Energía Dispersiva de Rayos X

En relación con la metodología para el análisis por medio de microscopía electrónica de barrido se utilizan porta especímenes de aluminio de media pulgada de diámetro a los cuales se les coloca (en la superficie de los mismos) una cinta especial de carbón o, en su caso, de cobre que contiene adhesivo. Sobre dicha cinta de carbón o de cobre se coloca el material por observar (polvos o fragmentos de muestra), de tal manera que se mantenga estable, además de inducir conductividad para el adecuado flujo de los electrones a través de la superficie del material de interés. Para su análisis y caracterización se utilizó un Microscopio Electrónico de Barrido de alto vacío con Doble Haz Nova-200 Nanolab con un rango de amplificación de 30X a 1, 250, 000X, y una resolución de 1.1 nanómetros, dicho microscopio tiene acoplado un Espectrómetro de Energía Dispersiva de Rayos-X de Si (Li) ultra fino (EDS por sus siglas en inglés), por medio del cual se llevan a cabo los microanálisis de los elementos presentes en la muestra.

5.2.2 Extracción de DNA Antiguo

En estas muestras óseas se realizó la obtención de DNA, con la técnica modificada por Muñoz *et al.*, 2012. Para la extracción de DNA se emplean 0.5 mg de hueso esponjoso, de los restos óseos de los acompañantes de *La Reina Roja* y de los restos óseos del sitio arqueológico de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo. A continuación, se aplica a cada muestra un proceso de limpieza para eliminar de su superficie el DNA exógeno. El fragmento de hueso se limpia de polvo, y otros

contaminantes, raspando la cara externa con una navaja estéril desechable, posteriormente cada muestra se lavó con Clorex, seguido de un enjuague con ddH₂O libre de DNA e irradiación con luz UV durante 30 minutos en cada cara de la muestra. Durante todo el proceso de extracción se usaron guantes estériles, cubre bocas y cofia para evitar al máximo la contaminación del material genético contemporáneo (Adler et al, 2011, Campos et al, 2012; Muñoz *et al.*, 2012a). Finalmente se muele en un mortero estéril, el polvo se deposita en un tubo etiquetado y estéril, y se almacenó a -70 °C toda la noche.

Por cada mg de material óseo se adicionó 1 mL de regulador de extracción (Buffer de lisis Tris 10 mM, pH 8.0; EDTA 0.1 M, pH 8.0; SDS 0.5%), se incuba a 37 °C durante 1 hora, agitándose en este proceso cada 10 min; se aumenta la temperatura a 56 °C y se deja incubando durante 2 horas, agitándose en este proceso cada 10 min. Transcurrido el periodo de incubación se adicionan 6 mL de fenol saturado de Tris 0.1 M, pH 8.0; se agita durante 10 minutos y se centrifuga a 10000 rpm durante 10 minutos a 4 °C. La fase acuosa se recupera en un tubo limpio y se le adicionan 1 mL de la mezcla de fenol cloroformo-isoamílico (25:24:1) con el propósito de desnaturalizar los componentes protéicos de la muestra. Se centrifuga en las mismas condiciones y se vuelve a recuperar la fase superior acuosa, que es la que contiene los ácidos nucleicos. A la fase acuosa se le adicionan 2.5 mL de etanol absoluto frío y 0.1 mL de acetato de sodio, agitar y almacenar a -20 °C durante toda la noche. El precipitado se recupera por centrifugación a 10000 rpm por 10 minutos a 4 °C, se realiza un lavado con 0.5 mL de etanol al 70 % y de nuevo el precipitado se recupera por centrifugación a 10000 rpm por 10 minutos a 4 °C. El precipitado se suspende en 50 µL de agua destilada estéril. El producto de la extracción se almacena a -20 °C hasta su uso posterior.

Una técnica alternativa que se utiliza recientemente es la purificación del DNA usando el equipo de Perkin Elmer "Prepito", mediante el kit disponible para la extracción de DNA de tejido. Este método está basado en la purificación del DNA con perlas magnéticas lo cual elimina la mayor parte de los contaminantes en las muestras antiguas.

5.2.2.1 Análisis del DNA

Para determinar la pureza del DNA una fracción del DNA obtenido se corre en un gel de agarosa al 1% en una cámara para electroforesis a 100 Volts durante 1 h. Algunos estudios reportan que el DNA de restos óseos antiguos (Pääbo, 1989; Merriwether *et al.*, 1994) existen ciertas moléculas que pueden inhibir la actividad de la Taq polimerasa en la reacción de PCR; sin embargo, estos contaminantes los hemos eliminado mediante columnas de QIAquick (Cat. No. 28706, QIAGEN) siguiendo las recomendaciones del proveedor o empleando otra técnica como es el equipo “Chemagic Prepito” mencionado arriba. El DNA extraído y purificado se mantuvo en alícuotas de 10 µL a -70 °C. Además, se generó una serie de controles negativos los cuales se corrieron de forma rutinaria en el laboratorio utilizando el mismo protocolo que en Malhi *et al.*, (2010) y Muñoz *et al.*, (2012a). Las muestras se extrajeron al menos dos veces para cada muestra.

5.2.3 PCR de mtDNA

Las amplificaciones del mtDNA se hicieron en una mezcla de reacción con un volumen final de 30 µL. La mezcla de reacción consistió en 5.0 µL de DNA, Buffer 1X, 0.13 mM de cada primer, 0.1 mM de dNTP's, 0.05% de BSA, 2.16 mM de Cloruro de Magnesio (MgCl₂), 3 U de Taq polimerasa y 18.5 µL de agua estéril y desionizada. Los oligos utilizados para amplificar la región HVS-I de las muestras contemporáneos o antiguos en este estudio fueron:

L 15989 (5'-CCCAAAGCTAAGATTCTAAT-3') Gabriel et al. [2001]

L 16159 (5'-TACTTGACCACCTGTAGTAC-3') Wilson et al. [1995a]

H16236 ((5'-CTTTGGAGTTGCAGTTGATG-3') Wilson et al. [1995b]

L 16190 (5'-CCCCATGCTTACAAGCAAGT-3') Gabriel et al. [2001]

H 16410 (5'-GAGGATGGTGGTCAAGGGAC-3') Gabriel et al. [2001]

La amplificación se realizó en un termociclador GeneAmp* PCR System 9700, las temperaturas y los ciclos fueron las siguientes:

Una etapa inicial de desnaturalización de 94°C durante 3 minutos, seguido de 40 ciclos de: 94°C por 55 seg, 59°C por 1 min, 72°C por 55 seg. Finalmente, a 72°C por 1 min, para posteriormente baja la temperatura a 4°C.

5.2.4 Análisis de los productos amplificados

Los amplificados de DNA se corrieron en geles de agarosa al 2% de concentración y en solución amortiguadora de electroforesis TAE con 5 µL de bromuro de etidio (BrEt) por 100 mL de gel de agarosa cargando el volumen total de la reacción más 2-3 µL de azul de bromofenol, y con una carga eléctrica de 100 amperios durante 1 hora. La visualización del amplicón se realizó en un transiluminador con luz U.V. Cada corrimiento fue acompañado por un marcador de peso molecular de 100 pb, así como de sus controles negativo y positivo.

5.2.5 Aislamiento del producto de amplificación mediante una purificación por columna

Para la purificación del amplicón se utilizaron las columnas QIAquick Gel Extraction Kit 250 (cat., no. 28706, QIAGEN). En todos los casos se corroboró que el control negativo no presentará ningún amplicón, y que el control positivo lo mismo que las muestras mostrará la banda del tamaño esperado. Se cortó cada una de las bandas con una navaja estéril por cada banda. Cada banda fue transferida a tubos eppendorf de 1.5 mL, para su purificación por las columnas QIAquick siguiendo las recomendaciones del proveedor.

5.2.6 Secuenciación

La secuenciación se hizo empleando el kit "BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit" (Applied Biosystems) en una reacción de 20 µL siguiendo las

instrucciones del proveedor. Se mezclaron 20 μL de H_2O + 60 μL de Isopropílico absoluto + 20 μL de la reacción de secuenciación, quedando un volumen final de 100 μL . Se mantuvieron los tubos a temperatura ambiente por 15 min y luego se centrifugaron por 20 min a 15,000 rpm. Se decantó el sobrenadante con una pipeta teniendo cuidado de no tocar el fondo, se le adicionaron 250 μL de isopropanol al 75% y se agitó en un Vortex. Nuevamente se centrifugó por 5 min a 15,000 rpm. La muestra deshidratada se llevó a secuenciar al laboratorio de ácidos nucleicos del Departamento de Genética y Biología Molecular en el secuenciador de electroforesis capilar (ABI PRISM® 3100 Genetic Analyzer). Si las dos réplicas de secuencia no eran idénticas, entonces era necesario una tercera extracción, amplificación, y reacción de secuencia, para resolver la ambigüedad.

Para proporcionar una confirmación adicional de que los resultados de DNA antiguo no se derivaron de contaminantes específicos de laboratorio, las muestras fueron replicadas y verificadas en el Laboratorio del Insectario y en el Laboratorio de Genética en el Instituto de Ciencias Forenses (Tribunal Superior de Justicia del Distrito Federal).

5.2.7 Genotipificación de SNPs mediante PCR Tiempo Real

La Región Hipervariable I (HVS-I) de DNA mitocondrial de las muestras contemporáneas (397 pb) y antiguas (241 pb) amplificadas y secuenciadas (correspondiente a la región nucleotídica de 16080-16420 y 16222-16397 respectivamente), fueron genotipificadas mediante ensayos de PCR tiempo real con equipo StepOne Real Time PCR-System de Applied Biosystems, con el uso de sondas TaqMan SNP, Genotyping Assays, para la detección de los haplogrupos A, B, C y D, y de los SNPs asociados a Diabetes Tipo 2 de acuerdo a las recomendaciones del proveedor.

5.2.8 Análisis Estadísticos

5.2.8.1 Determinación de Haplogrupos Mitocondriales

Nuestro análisis incluyó 10 secuencias de la Región Hipervariable I (HVS-I) del genoma mitocondrial de las poblaciones prehispánicas Mayas (4 secuencias de *El Rey* en Quintana Roo y 6 secuencias de *Palenque* en Chiapas) y 1509 secuencias de NCBI (322 secuencias de poblaciones contemporáneas Mayas, 22 secuencias arqueológicas de Chile, 142 de Asia, 88 de Bering, 468 de América del Norte, 103 de América Central y 364 de América del Sur). La determinación de haplogrupo se hizo mediante el análisis de los polimorfismos específicos para cada haplogrupo y subhaplogrupo amerindios (Starikovskaya *et al.*, 2005; Achilli *et al.*, 2008; Derenko *et al.*, 2010; Gómez-Carballa *et al.*, 2015; Kumar *et al.*, 2011; y Rieux *et al.*, 2014) en dónde se describen las mutaciones que definen a los haplogrupos mitocondriales nativos Amerindios.

Las secuencias obtenidas fueron alineadas con la versión revisada de la secuencia de referencia de Cambridge (CRS) (Andrews *et al.*, 1999), con el software Clustal X versión 1.83 (Thompson *et al.*, 1997) para determinar los cambios de nucleótidos, mediante el programa de BioEdit v7.2.5 (Tom Hall Ibis Biosciences, <http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>).

La clasificación de haplogrupos y haplotipos de mtDNA fue determinada de acuerdo al sistema de nomenclatura empleado por Starikovskaya *et al.* (2005); Achilli *et al.* (2008); Derenko *et al.*, (2010); Kumar *et al.* (2011).

Así también se llevó a cabo el análisis de haplogrupos para su clasificación mediante Mitomaster.

(<http://www.mitomap.org/bin/view.pl/MITOMASTER/WebHome>).

La composición haplogrupo fue evaluada para las poblaciones del Estrecho de Bering, de Asia y del contexto Maya, para obtener información sobre el origen de la diferenciación genética de las poblaciones Mayas prehispánicas y contemporáneas.

5.2.8.2 Análisis de Redes Haplotípicas

Las secuencias de la región control del mtDNA de las poblaciones Mayas prehispánicas y contemporáneas, fueron empleadas en la construcción de las redes haplotípicas para identificar las relaciones genealógicas entre los haplotipos. Se analizaron los dos principales haplogrupos de mtDNA Amerindio A y C (Bandelt *et al.* 1999), mediante el programa Network utilizando máxima parsimonia con la versión 4.6.1.3 (<http://www.fluxus-engineering.com>) (Bandelt *et al.*, 1999) y usando el programa DnaSP versión 5.10 (Librado y Rozas *et al.*, 2009) para el cambio del formato permitido por Network, este último es capaz de generar árboles evolutivos y redes a partir de datos genéticos, en esta metodología se utilizaron pesos iguales para todas las mutaciones y se ajustó el parámetro a cero con el fin de restringir la elección de enlaces factibles en la red final.

5.2.8.3 Fuerzas de Evolución: Prueba de Neutralidad e Índice de Diversidad

Estamos interesados en la detección de la variabilidad genética y de los eventos demográficos que ocurrieron durante y después del asentamiento Maya. Tajima D Tajima (1989) y F_s de Fu (1997) del número total de sitios segregantes, esto se realizó en los datos de secuencia de mtDNA para cuantificar la probabilidad de expansión de la población o la deriva genética, utilizando Arlequin 3.5.1.2 (Excoffier y Lischer *et al.*, 2010a).

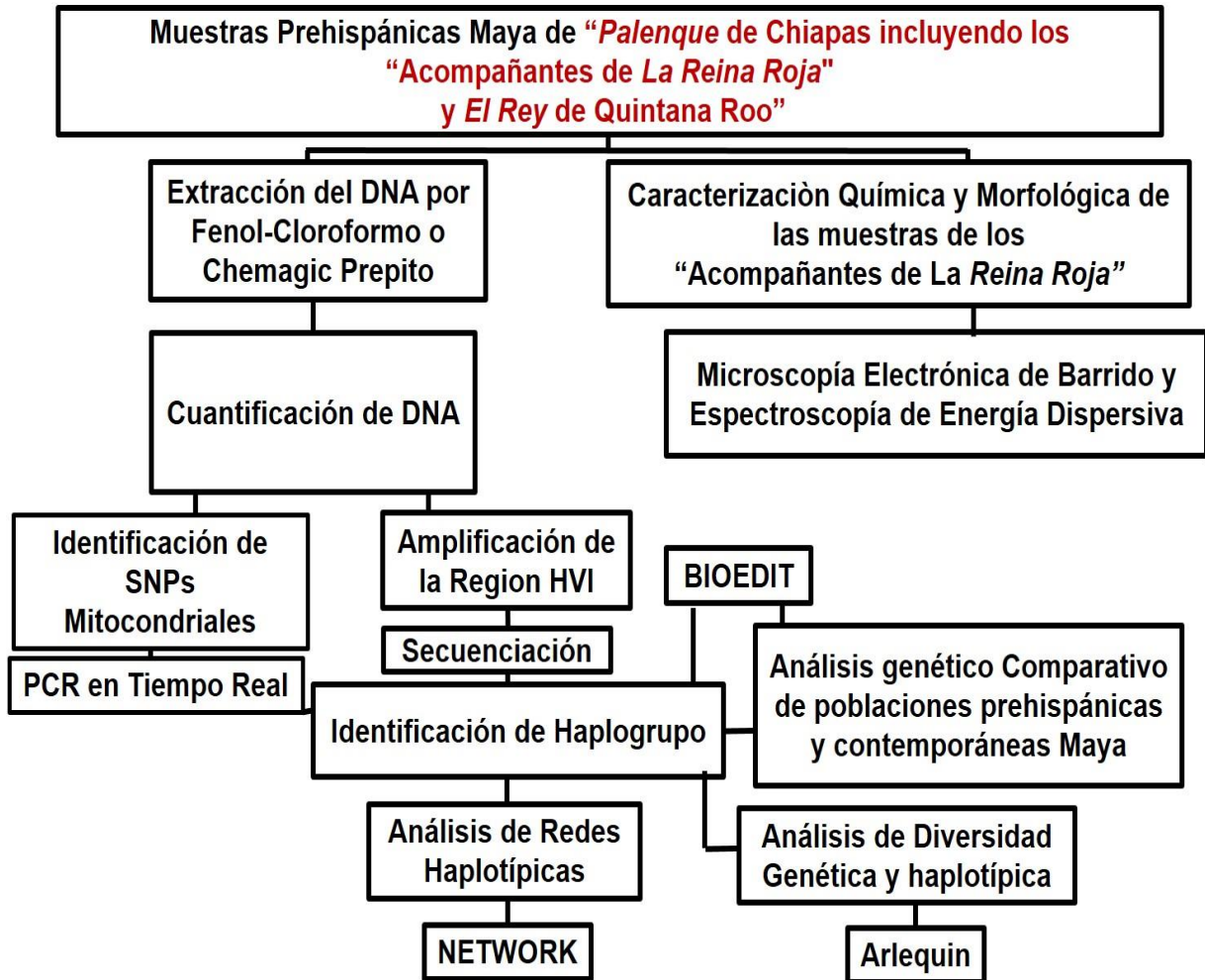
Para cuantificar la variabilidad genética de las secuencias de la RHVI de mtDNA en la población Maya se estimaron algunos índices estándar y de diversidad molecular, es decir, la diversidad de nucleótidos, el número de diferencias por pares (π) (Tajima *et al.*, 1983; Nei *et al.*, 1987), la diversidad esperada basada en el número de diferencias por pares ($\theta\pi$) (Tajima, 1983), y la diversidad de las secuencias (H) (Nei *et al.*, 1987). Estos parámetros de diversidad se calcularon utilizando el programa ARLEQUIN, versión 3.5.2.1 (Excoffier *et al.*, 2010).

5.2.8.4 Análisis de Varianza Molecular

La estructura de la población genética fue estimada mediante el Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) mediante el uso de la covarianza entre las distancias haplotípicas y cálculo de índices jerárquicos de fijación similares a los de Wright (Wright 1951; 1965) y los valores F_{st} . Kimura (1980) dos parámetros de distancias con una corrección gamma de 0.26 (Excoffier y Yang 1999; Meyer *et al.*, 1999) se utilizaron para los datos de secuencias del mtDNA. Todos los análisis de AMOVA se realizaron utilizando Arlequin 3.5.1.2 (Excoffier y Lischer *et al.*, 2010a).

Así también, se generó una gráfica de Escalamiento Multidimensional (MDS) basada en las distancias por pares, utilizando R3.1.2 (<https://www.r-project.org/>).

VI. ESTRATEGIA EXPERIMENTAL



VII. RESULTADOS

7.1 Estudio Químico y Morfológico

7.1.1 Composición Química de los restos arqueológicos de los acompañantes de *La Reina Roja* (el Molar de la mujer y la Vértebra del niño)

7.1.1.1 Composición Química del Molar de la Mujer (*Esmalte, Dentina y Pulpa*)

1) *Esmalte*

La composición química del esmalte de la mujer acompañante de *La Reina Roja* consistió en: $28.5 \pm 0.1\%$ Hg; $21 \pm 2\%$ Ca; $11.5 \pm 1.7\%$ O; $10.7 \pm 0.1\%$ C; $12.4 \pm 0.2\%$ P; $9.7 \pm 1.1\%$ N; $1 \pm 0.1\%$ Al; $1.3 \pm 0.01\%$ Mg; $1 \pm 0.05\%$ Si; $1.4 \pm 0.01\%$ Zn; 7% Fe ($N=1$); $1.2 \pm 0.1\%$ Na; 4.4% Ni ($N=1$), 1.4% Co ($N=1$), 0.1% Cl ($N=1$), 2.8% F ($N=1$) (Tabla 5).

La proporción de Ca: P fué de 1.7 ± 0.2 ; C: N de 1.1 ± 0.2 ; y de C: P de 0.9 ± 0.02 (Tabla 6). Estos resultados se explican debido a la presencia de apatita. Cabe hacer notar que la apatita a su vez inmoviliza varios metales tales como: Zn o Mg. Asimismo es factible la presencia de francolita $[Ca_5(PO_4CO_3)_3F]$, que es un mineral que se encuentra presente en restos arqueológicos antiguos, pero ausente en restos forenses modernos (Patonai *et al.*, 2013).

Para efectos de comparación con el esmalte del molar perteneciente a la mujer acompañante de *La Reina Roja*, el esmalte contemporáneo mostró una composición de: $40.4 \pm 2.5\%$ Ca; $23.9 \pm 2\%$ O; $11.2 \pm 1\%$ C; $20.2 \pm 0.5\%$ P; $12 \pm 2.2\%$ N; $8.6 \pm 0.2\%$ Zn; $0.6 \pm 0.04\%$ Na (Tabla 7). Esto es: Ca: P de 2 ± 0.1 ; C: N de 0.9 ± 0.1 ; y C: P de 0.6 ± 0.05 .

Los valores obtenidos de Ca: P para esmalte antiguo y contemporáneo fueron de 1.7 y 2, respectivamente (Tabla 6 y 8). Los altos valores de Ca con respecto a P en el esmalte de restos antiguos y contemporáneos pueden deberse a la composición mineral básica del esmalte, la hidroxiapatita (Zapata *et al.*, 2006; Shin

et al., 2012). Estos resultados contrastan con reportes de EDS y XPS para esmalte contemporáneo que muestran valores de Ca: P que oscilan entre 1.03 y 1.37 (Zamudio-Ortega *et al.*, 2014). Se propone entonces que los microorganismos presentes emplean la superficie del molar como materia prima para la síntesis de compuestos secundarios (LeGeros *et al.*, 1981; Driessens y Verbeeck, 1990; Hedges *et al.*, 1995).

En el presente estudio los valores obtenidos para C: N en esmalte antiguo y contemporáneo correspondieron a 1.1 y 0.9 (Tabla 6, 8), lo cual confirma una composición predominantemente inorgánica (LeGeros *et al.*, 1981; Driessens y Verbeeck, 1990). Asimismo, los valores de C: P fueron de 0.9 y 0.6, respectivamente (Tabla 6, 8). Los bajos contenidos de materia orgánica (Reiche *et al.*, 2002), la ausencia de poros o canales de Havers, o bien los bajos contenidos de material genético explican los bajos niveles de N y P.

2) *Dentina*

La composición química de la dentina de la mujer acompañante de *La Reina Roja* correspondió a: $24.1 \pm 0.8\%$ Hg; $27.5 \pm 0.2\%$ Ca; $10.9 \pm 0.05\%$ O; $22 \pm 1.2\%$ C; $15 \pm 0.3\%$ P; $3.5 \pm 0.4\%$ N; $0.2 \pm 0.02\%$ Al; $1.1 \pm 0.03\%$ Mg; $0.6 \pm 0.05\%$ Si; $2.7 \pm 0.2\%$ Zn; 0.6% Fe ($N=1$) (Tabla 5). La relación de Ca: P fue de 1.8 ± 0.05 ; C: N de 6 ± 0.7 ; y C: P de 1.5 ± 0.1 (Tabla 6).

La composición química reportada para la dentina perteneciente al diente contemporáneo fué: $31.4 \pm 0.8\%$ Ca; $15.6 \pm 0.7\%$ O; $14.5 \pm 0.2\%$ C; $21.3 \pm 0.6\%$ P; $15.8 \pm 0.6\%$ N; $0.6 \pm 0.02\%$ Mg; $0.4 \pm 0.03\%$ Zn; $0.4 \pm 0.03\%$ Na (Tabla 7), con valores de: Ca:P de 1.5 ± 0.1 ; C:N de 0.9 ± 0.02 ; y C:P de 0.7 ± 0.01 (Tabla 8). En la comparación de la composición química reportada para la dentina perteneciente al diente contemporáneo fué: $21.5 \pm 1.6\%$ Ca; $0.05 \pm 0.01\%$ K; $0.6 \pm 0.2\%$ Mg; $0.6 \pm 0.1\%$ Na; $9.3 \pm 0.7\%$ P (Guler *et al.*, 2014)

Los valores obtenidos de la relación Ca: P para dentina antigua y contemporánea fueron de 1.8 y 1.5, respectivamente (Tablas 6 y 8), que son valores que caen por debajo del valor reportado para dentina contemporánea de 2.3 (Guler *et al.*, 2014).

- a) El enriquecimiento de Ca se explica por la formación de hidroxiapatita cristalina. En un reporte reciente para restos arqueológicos y paleontológicos se muestra que la dentina expuesta a procesos diagenéticos presenta una gran cantidad de nanocristales de apatita (“*hipermineralización*”; Reiche *et al.*, 2002).
- b) Los valores obtenidos de C: N para dentina antigua y contemporánea fueron de 6.4 y 0.9; y de C: P fueron de 1.5 y 0.7, respectivamente. Estos resultados se explican por la desmineralización de proteínas de colágeno tipo I, entre otras (Habelitz *et al.*, 2002; Zavgorodniy *et al.*, 2008).

3) Pulpa

La composición química para la pulpa del molar antiguo perteneciente a la mujer acompañante de *La Reina Roja* consistió en $37.4 \pm 1.4\%$ Hg; $26.8 \pm 1.5\%$ Ca; $11.9 \pm 0.4\%$ O; $11.9 \pm 0.2\%$ C; $12.8 \pm 0.3\%$ P; $3.7 \pm 0.01\%$ N; $0.3 \pm 0.03\%$ Al; $0.5 \pm 0.04\%$ Mg; $0.5 \pm 0.04\%$ Si; $0.4 \pm 0.01\%$ Zn; 1.6% Fe ($N=1$); $1.7 \pm 0.2\%$ S (Tabla 5). Esto es, existe una proporción de: Ca: P de 2.1 ± 0.2 ; C: N de 3.2 ± 0.06 ; y C: P de 0.9 ± 0.01 (Tabla 6). En contraste, la composición química de la pulpa contemporánea fue de: $24.9 \pm 2\%$ Ca; $24 \pm 0.3\%$ O; $17.2 \pm 1.4\%$ C; $19.4 \pm 1.8\%$ P; $3.3 \pm 0.1\%$ N; 8.6% Zn ($N=1$); $2.2 \pm 0.3\%$ Na (Tabla 7). Esto es, la proporción de Ca: P fue de 1.3 ± 0.2 ; de C: N de 5.4 ± 0.2 ; y de C: P de 0.9 ± 0.1 (Tabla 8).

Los valores de Ca: P obtenidos en pulpa antigua y contemporánea fueron de 2.1 y 1.3, respectivamente (Tabla 6 y 8). Estos datos indican un incremento en el grado de mineralización a medida que aumenta el grado de intemperismo. Por otra parte, los valores correspondientes de C: N fueron de 3.2 y 5.4; y de C: P de 0.9 y 0.9, respectivamente. Se han reportado que los restos antiguos bien preservados, con colágeno de calidad satisfactoria presentan valores de C: N entre 2.9-3.6 (DeNiro *et al.*, 1985; Scorrano *et al.*, 2014). Así también, los resultados obtenidos mostraron un incremento de N en pulpa antigua con respecto a pulpa contemporánea, esto se atribuye a la acumulación de materia orgánica debido a la

actividad microbiana. Un reporte muestra que los dientes antiguos poseen grandes cavidades de caries que se extienden a lo largo de la pulpa (Fejerskov *et al.*, 2012).

Tabla 5. Análisis EDS del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*^a.

	Hg	Ca	O	C	P	N	Al	Mg	Si	Zn	Fe	Na	S	Ni	Co	Cl	F
Esmalte																	
<i>Promedio</i>	28.4 7	21.0 2	11.5 2	10.7 1	12.4 1	9.75	1.04	1.28	0.99	1.36	6.9 7	1.21	-	4.3 7	1.3 6	0.0 6	2.7 6
<i>S.D.</i>	±0.1 0	±2.0 5	±1.7 4	±0.1 5	±0.2 0	±1.1 2	±0.0 8	±0.0 1	±0.0 5	±0.0 1	-	±0.0 9	-	-	-	-	-
<i>N</i>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	1	3	-	1	1	1	1
Dentina																	
<i>Promedio</i>	24.1 4	27.4 6	10.8 8	21.9 9	15.0 1	3.47	0.18	1.14	0.62	2.73	0.5 8	-	-	-	-	-	-
<i>S.D.</i>	±0.7 6	±0.2 2	±0.0 5	±1.1 8	±0.3 3	±0.3 7	±0.0 2	±0.0 3	±0.0 5	±0.1 6	-	-	-	-	-	-	-
<i>N</i>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	1	-	-	-	-	-	-
Pulpa																	
<i>Promedio</i>	37.4	26.8 0	11.9 2	11.9	12.7 7	3.71	0.31	0.48	0.46	0.41	1.6 3	-	1.69	-	-	-	-
<i>S.D.</i>	±1.3 7	±1.5 3	±0.3 7	±0.2 2	±0.3 2	±0.0 1	±0.0 3	±0.0 4	±0.0 4	±0.0 1	-	-	±0.1 8	-	-	-	-
<i>N</i>	3	3	3	3	3	3	4	3	4	3	1	-	2	-	-	-	-

^a Composición química % en peso. La composición química de las regiones del molar (la pulpa, dentina y esmalte) fue en forma de C, O, P y Ca. Los contenidos de Hg en la pulpa (41.4%) fue mayor que el de dentina (34.5%) o esmalte (28.1%). Sin embargo todas las regiones, pulpa, dentina y esmalte, mostraron cantidades traza de Fe, Na, S, Ni, Co, Cl and F.

^b (-) = Límite de detección bajo.

Tabla 6. Valores promedio de parámetros diagenéticos del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*.

Tipo de muestra	%C	%Ca	%P	%N	Ca:P	C:N	C:P
Esmalte antiguo	10.71 ± 0.15	21.02 ± 2.05	12.41 ± 0.20	9.75 ± 1.12	1.69 ± 0.15	1.11 ± 0.15	0.86 ± 0.02
Dentina antiguo	21.99 ± 1.18	27.46 ± 0.22	15.01 ± 0.33	3.47 ± 0.37	1.83 ± 0.05	6.38 ± 0.69	1.46 ± 0.10
Pulpa antiguo	11.9 ± 0.22	26.80 ± 1.53	12.77 ± 0.32	3.71 ± 0.01	2.10 ± 0.15	3.20 ± 0.06	0.93 ± 0.01

Tabla 7. Análisis EDS del Molar contemporáneo^a.

Muestra	Ca	O	C	P	N	Mg	Zn	Na
Esmalte								
<i>Promedio</i>	40.41	23.88	11.23	20.21	12.05	-	8.56	0.62
<i>S.D.</i>	±2.51	±2.03	±0.95	±0.45	±2.22	-	±0.15	±0.04
<i>N</i>	3	2	3	3	3	-	3	4
Dentina								
<i>Promedio</i>	31.4	15.64	14.54	21.27	15.82	0.64	0.375	0.415
<i>S.D.</i>	±0.79	±0.70	±0.16	±0.61	±0.55	±0.02	±0.03	±0.03
<i>N</i>	3	3	3	3	3	3	2	2
Pulpa								
<i>Promedio</i>	24.86	23.97	17.18	19.37	3.30	-	8.59	2.23
<i>S.D.</i>	±2.01	±0.34	±1.38	±1.78	±0.12	-	-	±0.33
<i>N</i>	3	3	3	3	3	-	-	3

^a (peso/peso). El Esmalte, Dentina y Pulpa fue compuesta de C, O, P y Ca. El Esmalte, Dentina y Pulpa mostró cantidades trazas de Mg y Na.

^b (-) Límite de detección bajo.

Tabla 8. Valores promedio de parámetros diagenéticos para el Molar contemporáneo.

Tipo de muestra	%C	%Ca	%P	%N	Ca:P	C:N	C:P	Autores
Esmalte moderno	11.23 ± 0.95	40.41 ± 2.51	20.21 ± 0.45	12.05 ± 2.22	2.00 ± 0.14	0.94 ± 0.10	0.55 ± 0.05	Este Estudio
“	- ^a	-	-	-	1.03 and 1.37	-	-	Zamudio-Ortega, 2014
Dentina moderna	14.54 ± 0.16	31.4 ± 0.79	21.27 ± 0.61	15.82 ± 0.55	1.47 ± 0.07	0.91 ± 0.02	0.68 ± 0.01	Este Estudio
“	-	21.554	9.302	-	2.33	-	-	Guler <i>et al.</i> , 2014
Pulpa moderna	17.18 ± 1.38	24.86 ± 2.01	19.37 ± 1.78	3.30 ± 0.12	1.28 ± 0.15	5.44 ± 0.18	0.88 ± 0.06	Este Estudio

^a (-) = Límite de detección bajo.

7.1.1.2 Composición Química de la Vértebra del Niño

Las determinaciones de la composición química de la vértebra del niño acompañante de *La Reina Roja* en la parte externa como interna. La parte externa de la vértebra está compuesta por: 30.5 ± 1.3% Hg; 5.6 ± 0.7% N; 12.1 ± 2% C; 21.4 ± 1% O; 2.1 ± 0.1% P; 14.1 ± 0.7% Ca; 1.6 ± 0.2% Mg; 1.5 ± 0.3% Al; 2.1 ± 0.1% Si; 2.2% Fe ($N=1$; Tabla 9). La parte interna de la vértebra muestra una composición de: 31.1 ± 1.3% Hg; 7.9 ± 0.6% N; 8.8 ± 0.5% C; 20.2 ± 1% O; 2.3 ± 0.5% P; 16 ± 0.02% Ca; 1.3 ± 0.2% Mg; 2 ± 0.4% Al; 2.9 ± 0.2% Si; 4.9 ± 0.2% Fe (Tabla 9). Las partes externa e interna de la vértebra mostraron valores de Ca: P, C: N y C: P correspondientes a 6.9 ± 0.1, 1.8 ± 0.1, 5.4 ± 0.4; y 7 ± 1.4, 1 ± 0.1, 3.7 ± 0.6 (Tabla 10). Los resultados mostraron que el valor de Ca: P varió entre 6.9-7 con lo cual sobrepasó valores de Ca: P reportados para huesos largos arqueológicos empleando técnicas isotópicas, de 1.8 a 3.2 (Zapata *et al.*, 2006). Asimismo, los resultados obtenidos, tanto para la parte externa como interna de la vértebra, mostraron una acumulación de Ca asociado a procesos diagenéticos.

Tabla 9. Análisis EDS de la Vértebra del Niño acompañante de *La Reina Roja*^a.

Muestra	Hg	N	C	O	P	Ca	Mg	Al	Si	Fe
Exterior										
<i>Promedio</i>	30.47	5.59	12.09	21.39	2.07	14.09	1.62	1.54	2.11	2.2
<i>S.D.</i>	±1.25	±0.71	±1.97	±1.03	±0.10	±0.74	±0.22	±0.28	0.07	-
<i>N</i>	3	3	3	3	3	2	3	3	2	1
Interior										
<i>Promedio</i>	31.12	7.86	8.81	20.17	2.33	16.01	1.29	1.95	2.85	4.94
<i>S.D.</i>	±1.31	±0.57	±0.48	±0.97	±0.45	±0.02	±0.17	±0.38	0.20	±0.23
<i>N</i>	3	3	3	3	2	2	3	3	3	3

^a Composición química en % peso.^b (-) = Límite de detección bajo.**Tabla 10.** Valores promedio de parámetros diagenéticos para la Vértebra del Niño acompañante de *La Reina Roja*.

Tipo de Muestra	%C	%Ca	%P	%N	Ca:P	C:P	C:N	Autores
Exterior	12.09 ± 1.97	14.09 ± 0.74	2.07 ± 0.10	5.59 ± 0.71	6.90 ± 0.06	5.38 ± 0.40	1.83 ± 0.07	Este estudio
Interior	8.81 ± 0.48	16.01 ± 0.02	2.33 ± 0.45	7.86 ± 0.57	6.98 ± 1.36	3.72 ± 0.61	1.04 ± 0.06	Este estudio
Hueso antiguo	37.3- 51.5	- ^a	-	11.1- 17.5	-	-	3.1-3.5	Scorrano <i>et al.</i> , 2014
Hueso antiguo	-	33.7	14.1	-	1.8- 3.18	-	-	Zapata <i>et al.</i> , 2006
Hueso antiguo	-	-	-	4.8	-	0.22- 0.51	-	Nielsen-Marsh <i>et al.</i> , 2000

^a (-) = Límite de detección bajo.

En la figura 10 se muestran cristales de hidroxapatita de gran tamaño encontrados en la vértebra del niño acompañante de *La Reina Roja*, lo cual coincide con estudios del índice de C: P y de cristalinidad realizados en vertebras torácicas,

que demuestran que la cristalinidad aumenta con el tiempo; los procesos de intemperismo genera la formación de cristales de apatita más grandes y ordenados (Patonai *et al.*, 2013). Los valores de C: P obtenidos en la vértebra antigua del niño acompañante de *La Reina Roja* varió de 3.7 a 5.4, sobrepasando los valores de C: P reportados para huesos largos (fémur) encontrados en sitios arqueológicos los cuales varían entre 0.2 y 0.5 (Nielsen-Marsh *et al.*, 2000).

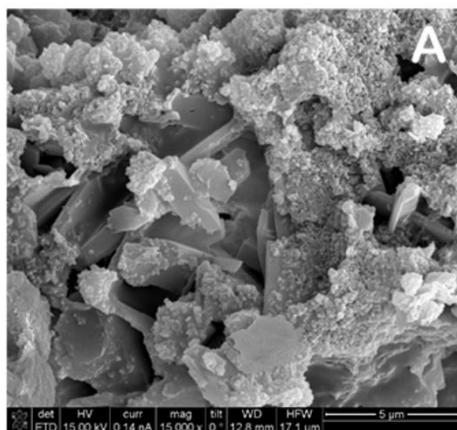


Figura 10. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Vértebra del Niño acompañante de *La Reina Roja*

Por otro lado, la relación C: N encontrada en la vértebra antigua del niño acompañante de *La Reina Roja* varió desde 1 a 1.8, lo cual puede deberse a un mayor contenido de materia orgánica. Los valores de C: N reportados en huesos largos o en molares antiguos expuestos a procesos diagenéticos oscila entre 3.1 a 3.5 (Shin *et al.*, 2012; Naumann *et al.*, 2014; Scorrano *et al.*, 2014). Los valores obtenidos para C: N y C: P se atribuyeron a un incremento en materia orgánica producto de procesos biogénicos. Una comparación directa entre vertebra y huesos largos, una baja acumulación de P pero un enriquecimiento de N, evidenciando la presencia de altos contenidos de material genético.

El molar de la mujer y la vértebra del niño acompañante de *La Reina Roja* mostraron altos valores de Ca: P, probablemente debido a un incremento en el grado de mineralización debido a procesos diagenéticos para la formación de hidroxiapatita cristalina, francolita $[Ca_5 (PO_4, CO_3)_3F]$, fosfato cristalino $(Na_2Mg_5(PO_4)_4 \cdot 7H_2O)$ y aluminosilicatos provenientes del suelo (constituidos

básicamente por Ca, P, Al, Si y Mg), lo cual coincide con un reporte donde se observa la presencia de altos contenidos de hidroxiapatita cristalina en restos humanos encontrados en los sitios arqueológicos mexicanos de Tlatelolco, Jaina, y Ranas, mientras que en Monte Albán, se registró una alta cantidad de material no cristalino atribuido a materia orgánica y aluminosilicatos amorfos atribuidos a diferentes mecanismos de biomineralización (Ávila *et al.*, 2014).

7.1.2 Niveles de Hg en los restos arqueológicos de los acompañantes de *La Reina Roja* (el molar de la mujer y la vértebra del niño)

7.1.2.1 Hg en el Molar Antiguo de la Mujer

El molar de la mujer acompañante de *La Reina Roja* mostró altos contenidos de Hg. Primeramente, se analizó la parte externa del molar donde se observaron dos coloraciones rojas (clara y oscura). La parte externa con una coloración roja clara (Figura 11A) mostró la siguiente composición química: $66.4 \pm 0.3\%$ Hg; 4.7% N ($N=1$); $24.4 \pm 0.9\%$ Ca; $8.2 \pm 1.8\%$ O; $3.2 \pm 0.5\%$ C; $11.5 \pm 1.8\%$ P; $0.3 \pm 0.05\%$ Al; $0.4 \pm 0.05\%$ Mg; $0.9 \pm 0.1\%$ Si; $2.3 \pm 0.1\%$ Zn; $0.6 \pm 0.1\%$ Fe; 0.4% Na ($N=1$; Tabla 11), con valores de Ca:P de 2.1 ± 0.5 ; C:N de 0.7 ($N=1$); y C:P de 0.3 ± 0.3 , así como altos valores de Hg $66.4 \pm 0.3\%$. La parte externa con una coloración roja oscura (Figura 11B) mostró: $60.6 \pm 1.1\%$ Hg; $16.6 \pm 0.2\%$ Ca; $7 \pm 0.3\%$ O; $6.5 \pm 0.1\%$ C; 10.2% P ($N=1$); $1.2 \pm 0.2\%$ Al; $0.4 \pm 0.02\%$ Mg; $4.8 \pm 1\%$ Si; $0.8 \pm 0.1\%$ Zn; $1.7 \pm 0.2\%$ Fe; $5 \pm 0.6\%$ S (Tabla 11). La relación Ca: P fue de 1.6 ($N=1$); C: P de 0.6 ($N=1$); y valores de Hg de $60.6 \pm 1.1\%$.

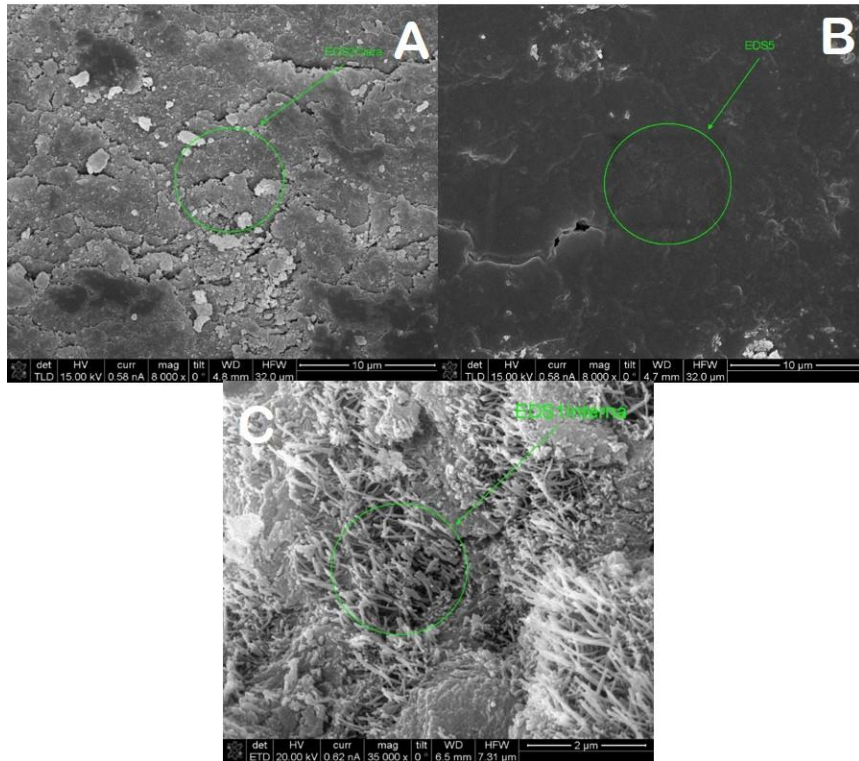


Figura 11. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*

Los valores de Ca: P obtenidos en la parte externa del molar con coloración roja clara y roja oscura fueron de 2.1 ± 0.5 y 1.6 ($N=1$), respectivamente, lo que indica similar grado de apatita en la parte externa e interna del molar, sin importar su coloración. En cuanto a los valores de C: N, C: P y Hg en la parte externa del molar con coloración roja clara y oscura, fueron de C: N 0.7 a 0; de C: P 0.3 a 0.6, y de Hg 66 a 60.6%, respectivamente. El incremento al color rojo oscuro en la parte externa del molar puede deberse al incremento de materia orgánica y a la acción de los microorganismos en la transformación de HgS el cual permite un color rojo.

La parte interna del molar (Figura 18C) presentó una composición química de: $33.9 \pm 3.7\%$ Hg; 1.9% N ($N=1$); $28 \pm 2.6\%$ Ca; $13.6 \pm 1.6\%$ O; $4.8 \pm 0.2\%$ C; $14.2 \pm 0.2\%$ P; $0.3 \pm 0.04\%$ Al; $0.3 \pm 0.02\%$ Mg; $0.8 \pm 0.1\%$ Si; $1 \pm 0.1\%$ Zn; 1.1% Fe ($N=1$); 0.4% Na ($N=1$); 2.1% Ni ($N=1$; Tabla 11). Esto es, valores de Ca: P de 2 ± 13 ; C: N de 2.5 ($N=1$); y C: P de 0.3 ± 1 , y valores de Hg de $33.9 \pm 3.7\%$.

Tabla 11. Análisis EDS en el Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*^a.

Muestra	Hg	Ca	O	C	P	Al	Mg	Si	Zn	Fe	Na	S	N	Ni
Exterior, color claro (Fig. 6, micrografía (A))														
<i>Promedio</i>	66.3	24.4	8.20	3.19	11.4	0.33	0.43	0.88	2.32	0.57	0.4	-	4.7	-
	8	4			8						1	-	4	-
<i>S.D.</i>	±0.2	±0.8	±1.8	±0.4	±1.7	±0.0	±0.0	±0.0	±0.1	±0.0	-	-	-	-
	9	6	3	5	9	5	5	9	1	7	-	-	-	-
<i>N</i>	3	3	3	2	3	3	3	3	2	2	1	-	1	-
Interior, color oscuro (Fig. 6, micrografía (B))														
<i>Promedio</i>	60.6	16.6	6.98	6.46	10.2	1.15	0.36	4.81	0.75	1.7	-	5.0	-	-
	1	4			1						-	8	-	-
<i>S.D.</i>	±1.1	±0.1	±0.2	±0.1	-	±0.2	±0.0	±1.0	±0.1	±0.1	-	0.6	-	-
	1	7	7	2	-	4	2	3	4	6	-	4	-	-
<i>N</i>	3	3	5	3	1	2	2	2	2	3	-	3	-	-
Interior (Fig 6, micrografía (C))														
<i>Promedio</i>	33.8	28.0	13.6	4.81	14.1	0.33	0.32	0.81	0.94	1.14	0.4	-	1.9	2.1
	7	9	3		9							-	2	4
<i>S.D.</i>	±3.7	±2.5	±1.6	±0.2	±0.1	±0.0	±0.0	±0.1	±0.0	-	-	-	-	-
	4	6	4	1	9	4	2	4	6	-	-	-	-	-
<i>N</i>	3	3	3	3	3	2	3	3	2	1	1	-	1	1

^a Composición química % en peso. La composición del molar fue de C, O, P y Ca.

^b El contenido de Hg (peso/peso) varió en las diferentes regiones. (A) Exterior, color claro mostró contenido de Hg desde 45.85 a 67.94 %; (B) Exterior, color oscuro mostró contenido de Hg desde 35.75 a 68.31 %; y (C) Interior mostró contenidos de Hg desde 25.86 a 43.23 %.

^c (-) = Límite de detección bajo.

Se compararon los valores de Ca: P; C: N; C: P y Hg para la parte externa del molar con la parte interna. Se registraron valores de Ca: P de 2.1 ± 0.5 y 2 ± 13 ; de C: N de 0.7 ($N=1$) y 2.5 ($N=1$); de C: P de 0.3 ± 0.3 y 0.3 ± 1 ; y de Hg de $66.4 \pm 0.3\%$ y $33.9 \pm 3.7\%$. Los valores obtenidos de Ca: P para las partes externa e interna fueron muy similares, indicando que los contenidos de apatita son independientes de su coloración. Asimismo, la coloración oscura en la parte externa fue atribuida a la oxidación parcial del azufre por microorganismos ambientales y la presencia de materia orgánica. Los valores de C: N se ven disminuidos en la parte externa debido probablemente a un aumento en materia orgánica, en tanto que los valores de C: P

se ven disminuidos en la parte interna debido a un incremento de compuestos secundarios. No obstante, la cantidad de Hg disminuye en la parte interna debido probablemente a que este se dispersa conforme migra hacia la pulpa donde vuelve a aumentar su concentración. Se ha reportado que el Hg presenta movilidad en la boca presumiblemente debido a la acción bacteriana en la saliva o de la difusión superficial sobre la superficie del diente (Harris *et al.*, 2008). Dichos procesos favorecen la deposición de Hg en la superficie del diente.

Los valores de Ca:P; C:N; C:P y de Hg en el esmalte, dentina y pulpa del molar de la mujer acompañante de *La Reina Roja* fueron los siguientes: el esmalte mostró valores de Ca:P de 1.7 ± 0.2 ; C:N de 1.1 ± 0.2 ; C:P de 0.9 ± 0.02 ; y de Hg de $28.5 \pm 0.1\%$; la dentina mostró valores de Ca:P de 1.8 ± 0.05 ; C:N de 6.4 ± 0.7 ; C: P de 1.5 ± 0.1 ; y de Hg de $24.1 \pm 0.8\%$; y la pulpa mostró valores de Ca:P de 2.1 ± 0.2 ; C:N de 3.2 ± 0.06 ; C:P de 0.9 ± 0.01 y de Hg de $37.4 \pm 1.4\%$ (Tabla 10).

Los valores de la la relación Ca: P disminuyen en en el orden siguiente: pulpa > dentina > esmalte. Los resultados aquí obtenidos mostraron que los valores de Hg se concentran preferencialmente en la pulpa. La actividad bacteriana en boca favorece la difusión de Hg y subsecuentemente la deposición de Hg en la superficie del diente (Harris *et al.*, 2008). El Hg favorece la inflamación de la pulpa (Möller y Granat *et al.*, 1973), lo cual conduce a cambios estructurales en los dientes. Por ejemplo, la presencia de Hg genera un mayor tamaño y fracturas en los túbulos localizados entre la pulpa y la corona (Berkovitz *et al.*, 1992). Por otra parte, un reporte acerca de la migración de Hg en molares contemporáneos concluyó que la migración de Hg de esmalte a dentina se vio favorecido por el aumento en el número de túbulos dentinarios (Harris *et al.*, 2008). Los túbulos dentinarios a su vez tienen altos contenidos de Ca. La presencia de Ca favoreció la acumulación de Hg.

Los resultados obtenidos de composición elemental del molar de la mujer acompañante de *La Reina Roja* mostraron valores de C: N y C: P en esmalte, dentina y pulpa de: 1.1 ± 0.2 y 0.9 ± 0.02 ; 6.4 ± 0.7 y 1.5 ± 0.1 ; y de 3.2 ± 0.06 y 0.9 ± 0.01 , respectivamente. Una comparación directa entre C: N y C: P en esmalte, dentina y pulpa mostraron los más altos valores en dentina, lo cual es consistente con un alto contenido de material orgánico dentro de los túbulos dentinarios. Cuando

el Hg migra a través de los túbulos dentinarios, éste se asocia a compuestos orgánicos que contienen grupos funcionales de azufre, que permite la precipitación y acumulación eventual de Hg (Harris *et al.*, 2008).

El mercurio y el calcio poseen valores de los radios iónicos muy similares, ca. 102 pm (Shannon *et al.*, 1976). El contenido de Hg en molar, $66,4 \pm 0,3\%$, superaron los contenidos reportados para *La Reina Roja* (información Suplementaria, Tabla 1S; Cervini-Silva *et al.*, 2013), lo que denota las tasas de sustitución superiores Hg que para Ca en molar que en hueso.

7.1.2.2 Hg en la Vértebra del Niño

Los datos de Hg obtenidos para la vértebra del niño y el molar de la mujer acompañantes de *La Reina Roja* claramente mostraron valores de hasta $66.4 \pm 0.3\%$ (Tabla 15). Estos contenidos sobrepasan a los valores reportados para *La Reina Roja* (Tabla 1. Información suplementaria; Cervini-Silva *et al.*, 2013). La elevada inmovilización de Hg se atribuyó al intercambio catiónico entre Hg y Ca, debido que sus radios iónicos son similares, cercanos a 102 pm (Shannon *et al.*, 1976).

Por otra parte, los resultados obtenidos para la vértebra del niño acompañante de *La Reina Roja* muestran similitud en las cantidades de Hg estructural en la zona interna y externa, $30 \pm 0.03\%$ y $29.8 \pm 0.7\%$, que muestra que las propiedades estructurales se mantienen homogéneas a lo largo de la vertebra.

Por otra parte, los resultados para el molar de la mujer y la vértebra del niño acompañantes de *La Reina Roja* en el presente estudio muestran dos aspectos:

- (a) Primero que la distribución de Hg en el molar de la mujer y en la vértebra del niño son muy distintos (Tabla 9 y 13). En el primero hay variabilidad en la distribución. Sin embargo, en el segundo caso no hay variación; esto es, se presentan cantidades similares de Hg en el exterior y en el interior. Así pues, los restos pertenecientes a los acompañantes de *La Reina Roja* muestra una distribución de Hg muy distinta.

(b) Segundo que las distribuciones de Hg en los restos pertenecientes a los acompañantes de *La Reina Roja* (Tabla 9 y 13) difieren de aquellos que pertenecen a *La Reina Roja* (Tabla 1. Información suplementaria; Cervini-Silva *et al.*, 2013).

7.1.3 Morfología de los restos arqueológicos de los acompañantes de *La Reina Roja* (el Molar de la Mujer y la vértebra del niño)

7.1.3.1 Morfología del Molar de la Mujer

1) Esmalte

La Figura 12 muestra la morfología del interior esmalte del molar de la mujer acompañante de *La Reina Roja*. En la Figura 12A se muestran líneas oscuras debidas al desgaste o al defecto llamado "línea oscura", característico del centro de los cristales de hidroxiapatita producto de una descalcificación o dislocación. El material que compone a la línea oscura es fosfato octocálcico que da origen a la nucleación y al crecimiento de los cristales de hidroxiapatita (Arellano-Jiménez *et al.*, 2009; Reyes-Gasga *et al.*, 2013). En la Figura 12B se muestran defectos por falta de esmalte, aunque sin exponer la dentina, referidos como 'hipoplasia del esmalte', encontrado comúnmente en material arqueológico (Zsigmondy *et al.*, 1893; Hillson *et al.*, 1992). En la Figura 12C se muestran cristales grandes y de baja porosidad, es decir, altos niveles de hidroxiapatita y bajos niveles de N, característicos de un sistema predominantemente inorgánico (Reiche *et al.*, 2002).

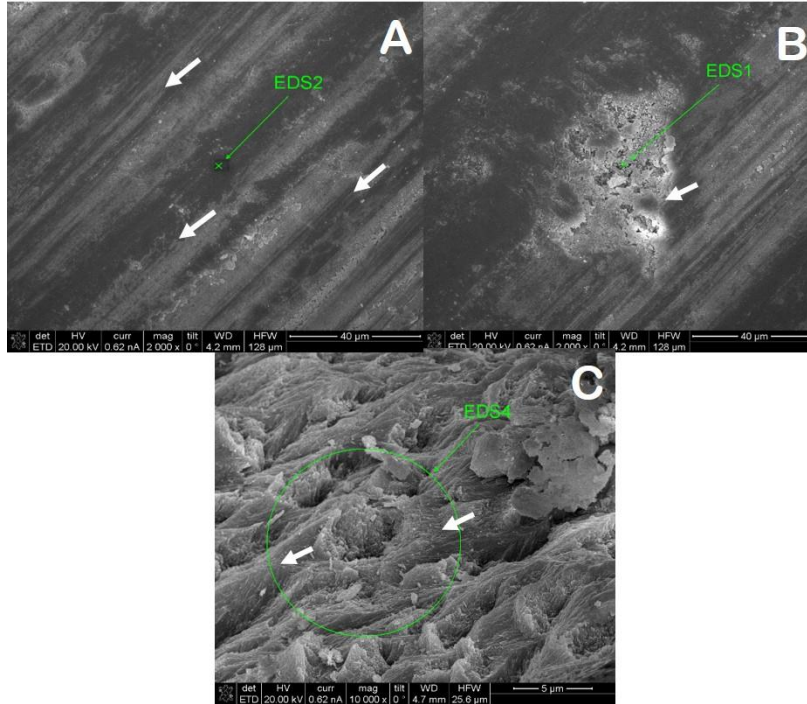


Figura 12. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución del Esmalte del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*

La morfología observada para el esmalte perteneciente al diente contemporáneo no mostró líneas oscuras, ni defectos por falta de esmalte (Figura 1; Información suplementaria).

2) *Dentina*

La Figura 13 muestra la morfología de la dentina del molar de la mujer acompañante de *La Reina Roja*. Las micrografías muestran la presencia de túbulos dentinarios de conformación irregular y con un diámetro interno de 0.5 a 1 μm Figuras 13(A, B, C y D). Las micro ramas dentinales mostraron un promedio en grosor de 23.7 nm y una longitud de 92.3 nm (Figs. 13 y 14). Se observa que algunas regiones presentan el enriquecimiento de Al en las microramas dentinarios (Figura 13). La presencia de colágeno se ha demostrado en túbulos dentinarios tanto en la región intertubular, como en la región peritubular (Xu y Wang *et al.*, 2012).

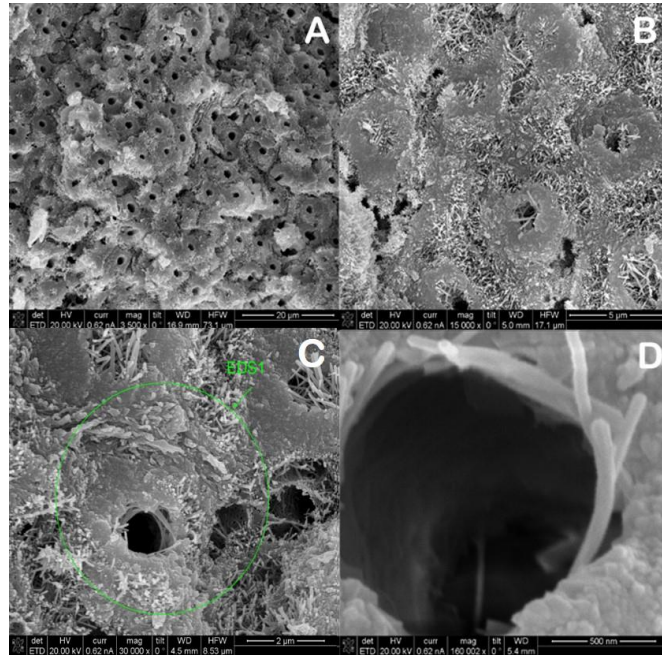


Figura 13. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Dentina del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*

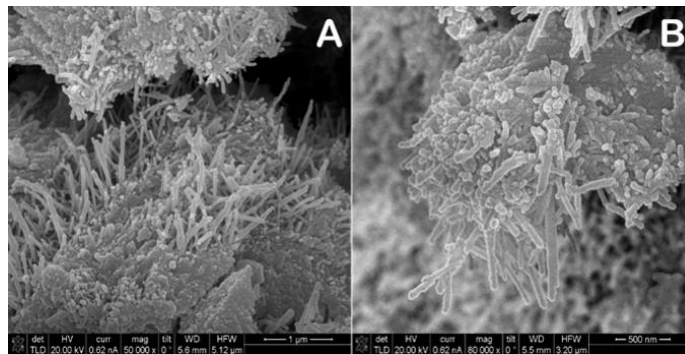


Figura 14. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la parte interna de la dentina del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*

La morfología observada para la dentina perteneciente al diente contemporáneo mostró túbulos dentinarios de conformación regular y con un diámetro interno de $0.6 \mu\text{m}$ (Figura 2; Información suplementaria).

3) Pulpa

La Figura 15 muestra la morfología de diferentes estructuras celulares de la pulpa del molar de la mujer acompañante de *La Reina Roja*, incluyendo células de odontoblastos (Figura 15A) y su división celular o conexiones intercelulares (Figura

15B). Un estudio reportado para un molar contemporáneo mostró la existencia de muy pocas conexiones intercelulares (Carda y Peydró *et al.*, 2006).

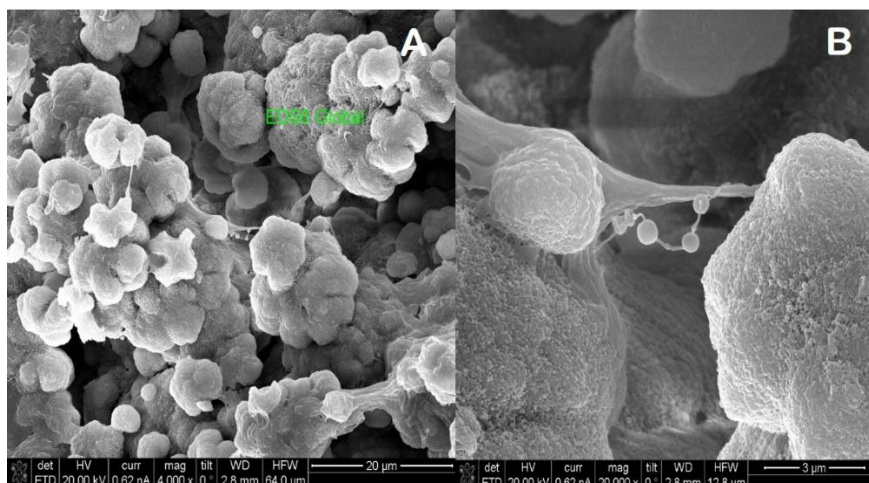


Figura 15. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Pulpa del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*

Los odontoblastos fueron compuestos por: 30% Hg; 28.4% Ca; 15.2% O; 7% C; 12.7% P; 3.7% N; 0.4% Al; 0.4% Mg; 0.4% Si; 0.2% Zn; 1.6% Fe; 1.7% S; (N=1; Tabla 12).

Tabla 12. Análisis EDS de las diferentes estructuras morfológicas encontradas en Pulpa del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*^a.

	Hg	Ca	O	C	P	N	Al	Mg	Si	Zn	Fe	Na	S
<i>Odontoblastos</i>	30	28.4	15.2	6.95	12.7	3.7	0.37	0.35	0.39	0.2	1.63	-	1.7
<i>Túbulos de Nanofibrillas</i>	-	42	20.4	8.5	13.9	11.6	0.18	0.34	0.59	0.4	-	-	1.6
<i>Esferas de Nanofibrillas</i>	38.6	31	9.4	12	9.5	3.8	0.6	0.71	0.56	0.9	0.06	-	-

^a Composición química % en peso. Composición química de diferentes estructuras morfológicas encontradas en la pulpa del molar (Odontoblastos, Túbulos y Esferas de las Nanofibrillas), fue en la forma de C, O, P y Ca.

^b (-) = Límite de detección bajo.

Aparentemente, diagénesis causó cambios estructurales en odontoblastos regiones identificadas para desencadenar una variedad de funciones (Fejerskov *et al.*, 2012). Las características estructurales y de distribución espacial de túbulos se mostrarán relacionadas. Por ejemplo, las micrografías mostraron la presencia de pequeños orificios atribuidos a túbulos dentinarios (Figura 13A), particularmente ubicadas entre la cavidad de la dentina y la pulpa. Cabe señalar la presencia de un mayor número de túbulos dentinarios por unidad de superficie en las capas de dentina cercana a la pulpa, con respecto a las áreas más externas de la dentina. Los resultados demostraron que el diámetro de los túbulos en los alrededores de la pulpa es de 3-4 μm ; en tanto que en la zona periférica cercana al esmalte es de 1.7 μm (Carda y Peydró *et al.*, 2006). Esto es, los procesos diagenéticos parecieron haber afectado la integridad de los túbulos dentinarios. Las regiones del diente asociadas a los odontoblastos, que resultaron afectada por procesos diagenéticos, cumplirían numerosas funciones (Fejerskov *et al.*, 2012).

En este estudio se mostró en las micrografías que, a partir de células de odontoblastos, nacen nanofibrillas en forma de túbulos o esferas (Figuras 16A, B y E). Los túbulos mostraron una longitud promedio entre esferas de 638.7 nm y un grosor de 71.4 nm (Figuras 16A, C). Las esferas mostraron un diámetro promedio de 452.9 nm (Figuras 16B, C). Por otra parte, la composición química de los túbulos de las nanofibrillas consistió en: 42% Ca; 20.4% O; 8.5% C; 13.9% P; 11.6% N; 0.18% Al; 0.3% Mg; 0.6% Si; 0.4% Zn; 1.6% S; ($N=1$; Tabla 12). Por otra parte, la composición química de las esferas de las nanofibrillas consistió en: 38.6% Hg; 31% Ca; 9.4% O; 12% C; 9.5% P; 3.8% N; 0.6% Al; 0.7% Mg; 0.6% Si; 0.9% Zn; 0.06% Fe; ($N=1$; Tabla 12). Por lo anterior, se propone que las nanofibrillas correspondan a fibras nerviosas las cuales son abundantes en pulpa. En un estudio de un molar contemporáneo se han localizado fibras nerviosas que se extienden longitudinalmente desde la raíz, a través de la zona central de la pulpa, hasta llegar a la capa de odontoblastos (Egan *et al.*, 1996).

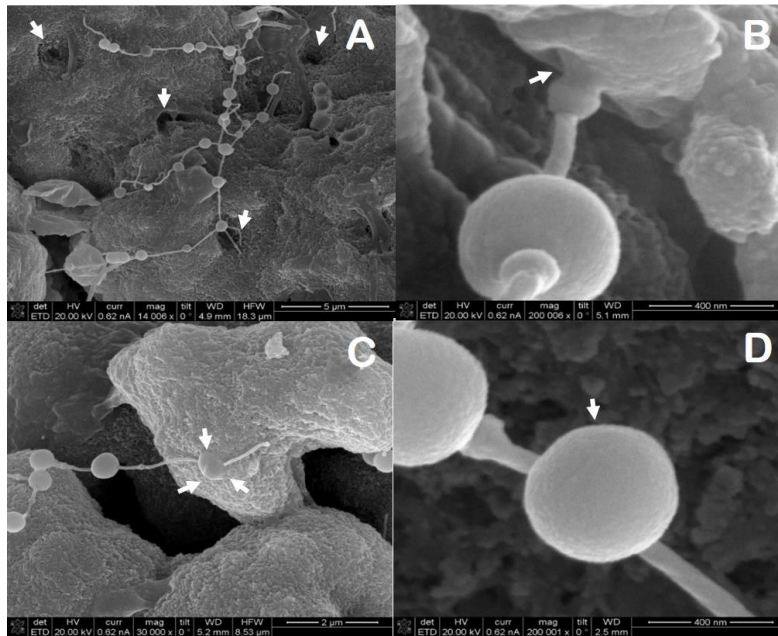


Figura 16. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de las Fibras Nerviosas de la Pulpa del Molar de la Mujer acompañante de *La Reina Roja*.

La presencia de nanofibrillas corresponde a fibras nerviosas, las cuales son abundantes en pulpa (Tabata *et al.*, 1998). Otro reporte concluye que las fibras nerviosas son componentes comunes en prolongaciones odontoblasticas, ubicándose en 30 a 70 % (Carda y Peydró *et al.*, 2006).

La morfología observada para pulpa perteneciente al diente contemporáneo mostró células de odontoblastos y no se observaron otras estructuras celulares (Figura 3; Información suplementaria).

7.1.3.2 Morfología de la Vértebra del Niño

La Figura 17 muestra la morfología de la vértebra del niño acompañante de *La Reina Roja*. En la Figura 17A, la micrografía muestra la parte interna de la vértebra y en la Figura 17B la micrografía muestra un acercamiento de la parte interna observando un alto contenido de cristales grandes de hidroxiapatita. Por otra parte, la presencia de Ca, P, Al, Si y Mg se atribuyó a aluminosilicatos.

Los altos contenidos de N y bajos valores de C: N confirmaron un alto contenido de materia orgánica y probablemente de material genético, en los restos antiguos de los acompañantes de *La Reina Roja* de origen prehispánico.

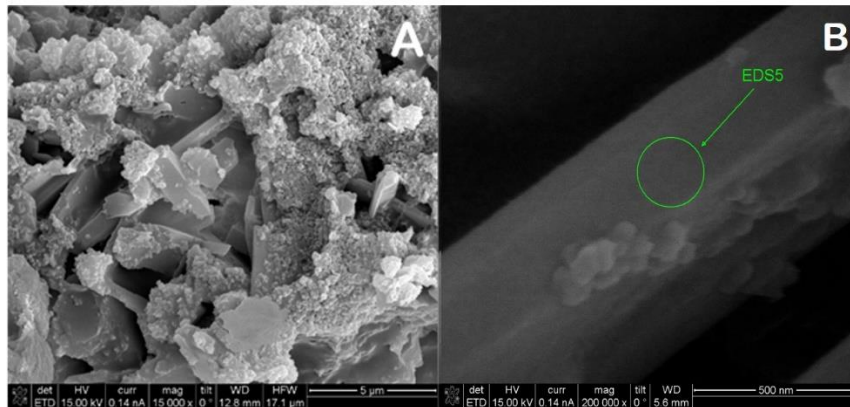


Figura 17. Micrografía obtenida por Microscopía Electrónica de Barrido de Alta Resolución de la Vértebra del Niño acompañante de *La Reina Roja*.

La composición química y la morfología de las diferentes estructuras biológicas de los restos de los acompañantes de *La Reina Roja* localizadas en el sitio arqueológicos Templo XIII de *Palenque* en Chiapas, nos sugirió la posible presencia de material genético en los restos óseos de las muestras de las poblaciones prehispánicas Mayas, por lo que se realizó la extracción del DNA con el cual, se llevó a cabo un análisis genético más profundo para conocer su afiliación genética, migración de las poblaciones Mayas y su posible origen.

7.2 Linaje materno de las poblaciones Mayas Prehispánicas de los sitios arqueológicos de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo

En este estudio, se generó la extracción de DNA antiguo mediante la técnica de Fenol-Cloroformo-Isoamílico (Muñoz *et al.*, 2012a) y/o mediante Chemagic Prepito, de 26 muestras arqueológicas siendo 16 muestras de la población de *Palenque* en Chiapas y 10 muestras de *El Rey* en Quintana Roo, un ejemplo de extracción se observa en la Figura 18A de la muestra prehispánica MXCHPALENQUE_T5GB mostrando el DNA antiguo muy fragmentado. Debido a que las extracciones de DNA obtenidas mediante la técnica de Fenol Cloroformo se mostraron muy contaminadas se realizó una purificación de DNA mediante columnas de QIAquick (QIAGEN), del

DNA purificado por columnas o mediante Chemagic Prepito, se amplificó la Región Hipervariable I del DNA mitocondrial de 6 muestras antiguas de *Palenque* en Chiapas y 4 muestras antiguas de *El Rey* en Quintana Roo, un ejemplo de la amplificación se observa en la Figura 18B para la muestra prehispánica MXCHPALENQUE_T5GB de la cual se amplificó un fragmento de la Región Hipervariable I del mtDNA con una longitud de (16159-16398), en la imagen del gel de agarosa el primer carril muestra el marcador de peso molecular, el segundo, tercero y cuarto carril se muestran los amplicones de las diluciones 1:90, 1:80 y 1:70 respectivamente. En general es muy útil hacer estas diluciones ya que se logra que los inhibidores de polimerasa (ácidos fúlvicos y húmicos, entre otros) que normalmente se encuentra en el DNA antiguo se diluyan también, permitiendo una mejor acción de la polimerasa en la generación de los amplicones, los cuales fueron de 239 pb. La Región Hipervariable I del mtDNA de estas 10 muestras antiguas amplificadas fue secuenciada, y mediante el análisis de las secuencias se determinó el haplogrupo y su relación de linaje materno con otras poblaciones.

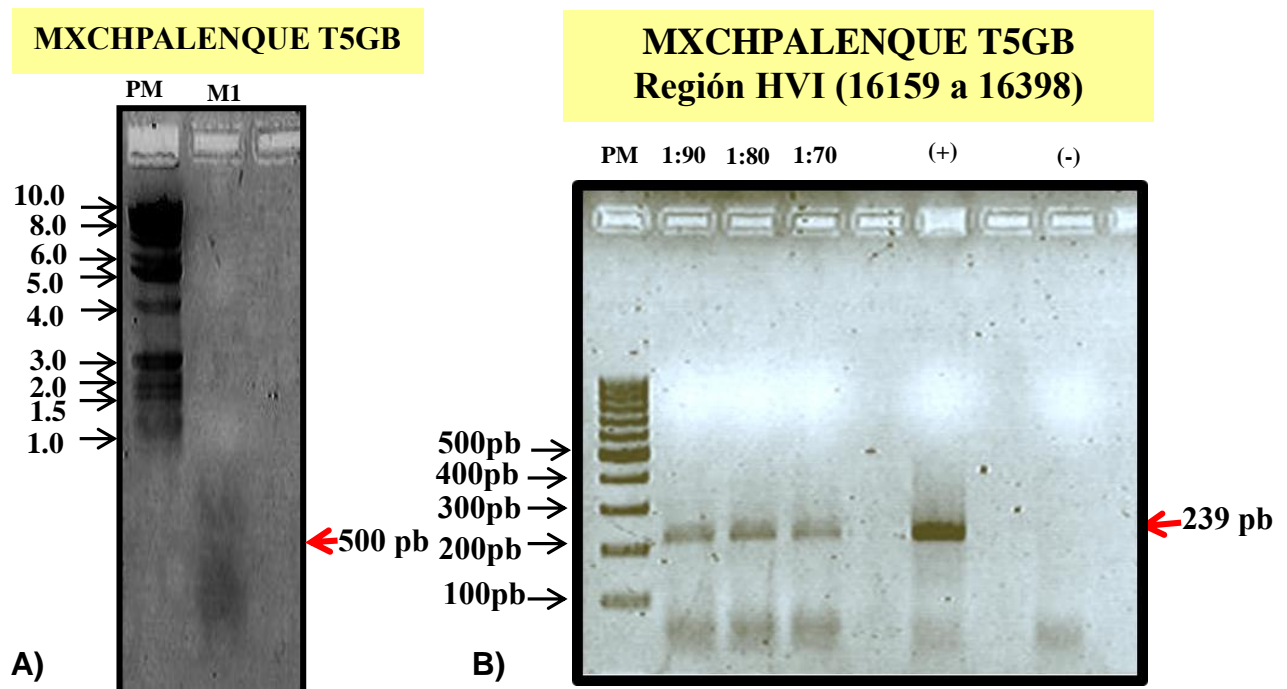


Figura 18. A) Extracción y B) Amplificación del DNA antiguo de las muestras Prehispánicas

7.2.1 Determinación de Haplogrupos de mtDNA de las poblaciones Mayas Prehispánicas

La determinación de haplogrupo se hizo mediante el análisis de los polimorfismos específicos para cada haplogrupo y subhaplogrupo amerindios (Starikovskaya *et al.*, 2005; Achilli *et al.*, 2008; Derenko *et al.*, 2010; Gómez-Carballea *et al.*, 2015; Kumar *et al.*, 2011; y Rieux *et al.*, 2014). Este análisis se generó mediante los alineamientos de las secuencias con Clustal W a través de BioEdit 7.0.5.3 para las 10 muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo. Los resultados se muestran en la figura 19 y Tabla 13. Las frecuencias de los haplogrupos fueron de 50% para A y 50% para C. Los haplogrupos B y D no fueron identificados en estas muestras, lo que se debe probablemente a que el número de muestras analizadas es muy pequeño. Así también se observan en color rojo los polimorfismos específicos que caracterizan al haplogrupo A (16111, 16290, 16319, 16362) y al haplogrupo C (16325 y 16327). De manera particular las 6 muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE TXIII_E3, MXCHPALENQUE TXIII_E2, MXCHPALENQUE_T5GB, MXCHPALENQUE_E3GB, MXCHPALENQUE_E4GB, MXCHPALENQUE_T1GB) mostraron frecuencias de los haplogrupos A2 y C1 del 50% para cada uno; mientras que las 4 muestras prehispánicas de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E8, MXQRELREY_E23-1, MXQRELREY_E9, MXQRELREY_E23-3) mostraron frecuencias de 25% para el haplogrupo A, 25% para A2 y 50% para C1. Es importante resaltar en este estudio el linaje materno de los dos personajes importantes de *Palenque* en Chiapas como son los Acompañantes de *La Reina Roja*: un niño (MXCHPALENQUE TXIII_E3) y una mujer (MXCHPALENQUE TXIII_E2), quienes ambos mostraron haplogrupo A2.

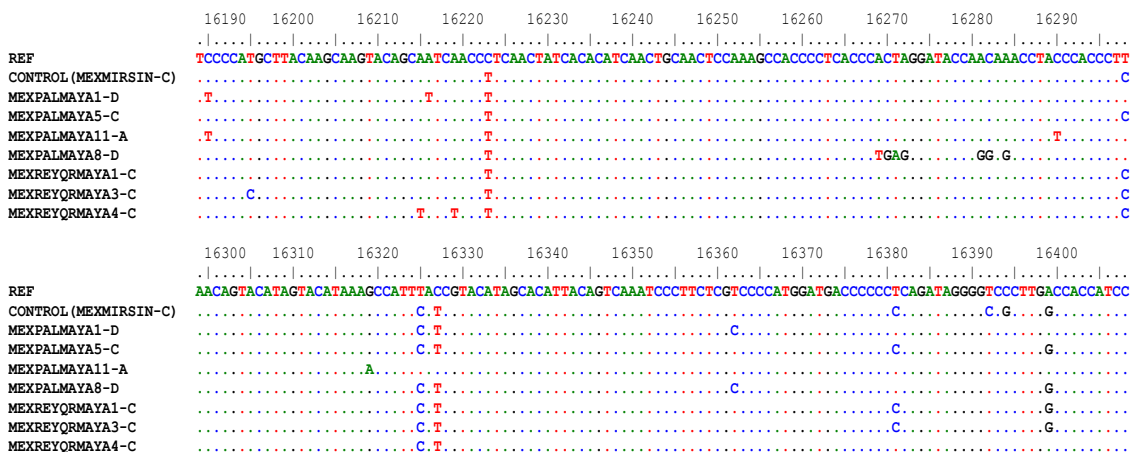


Figura 19. Alineamiento de Secuencias Antiguas para Identificación de Haplogrupo

Tabla 13. Sitios polimórficos en la Región Hipervariable I

H A P L O	POLYMORPHIC SITES																																	
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1					
RCRs	C	T	A	A	T	A	C	C	A	C	A	C	A	A	C	C	T	C	T	A	G	A	T	A	C	T	T	G	T	T	G	T	C	A
MXCHPALENQUE_T5GB_A2 ¹	T	T	.	T	T	A	T	C	.	.	C	.	G	.
MXCHPALENQUE_TXIII E3_A2 ¹	T	T	.	T	T	A	C
MXCHPALENQUE_E2_A2 ¹	-	-	-	.	T	.	T	T	.	C	.	A	C
MXQRELREY_E23-1_A2 ¹	T	T	T	A	C
MXQRELREY_E8_A ¹	-	-	-	-	.	T	.	T	T	A	C
MXCHPALENQUE_E3GB_C1 ^{1,2}	-	-	-	-	.	T	C	C	.	T	.	.	.	C	
MXQRELREY_E9_C1 ^{1,2}	T	C	C	.	T	.	.	.	C	
MXQRELREY_E23-3_C1 ^{1,2}	T	C	C	.	T	.	.	.	C	G	
MXCHPALENQUE_E4GB_C1 ^{1,2}	-	-	-	-	.	T	T	.	C	.	.	.	C	.	T	.	.	C	G	
MXCHPALENQUE_T1GB_C1 ^{1,2}	T	C	.	T	.	.	.	C	
MXSINCONTROL_C1b ^{1,2}	-	-	-	-	.	T	C	.	T	.	.	.	C	G	

¹Kumar et al. [2011]; ²MitoMaster.

7.2.2 Distribución geográfica de Haplogrupos de DNA mitocondrial

En este estudio se realizó un análisis comparativo de 10 secuencias de las poblaciones prehispánicas Mayas (4 secuencias de *El Rey* en Quintana Roo y 6 secuencias de *Palenque* en Chiapas) y 1509 secuencias de NCBI (322 secuencias de poblaciones contemporáneas Mayas, 22 secuencias arqueológicas de Chile, 142

de Asia, 88 de Bering, 468 de América del Norte, 103 de América Central y 364 de América del Sur). En la Figura 20 observamos las frecuencias de haplogrupos de acuerdo a la distribución geográfica de las poblaciones contemporáneas en comparación con las poblaciones prehispánicas Maya de este estudio donde las frecuencias de haplogrupos fueron de 50% para A y 50% para C, y ausencia de los haplogrupos B y D, observamos un patrón de frecuencias de haplogrupo muy distinto para las poblaciones antiguas con respecto a las contemporáneas posiblemente debido al bajo número de muestras antiguas.

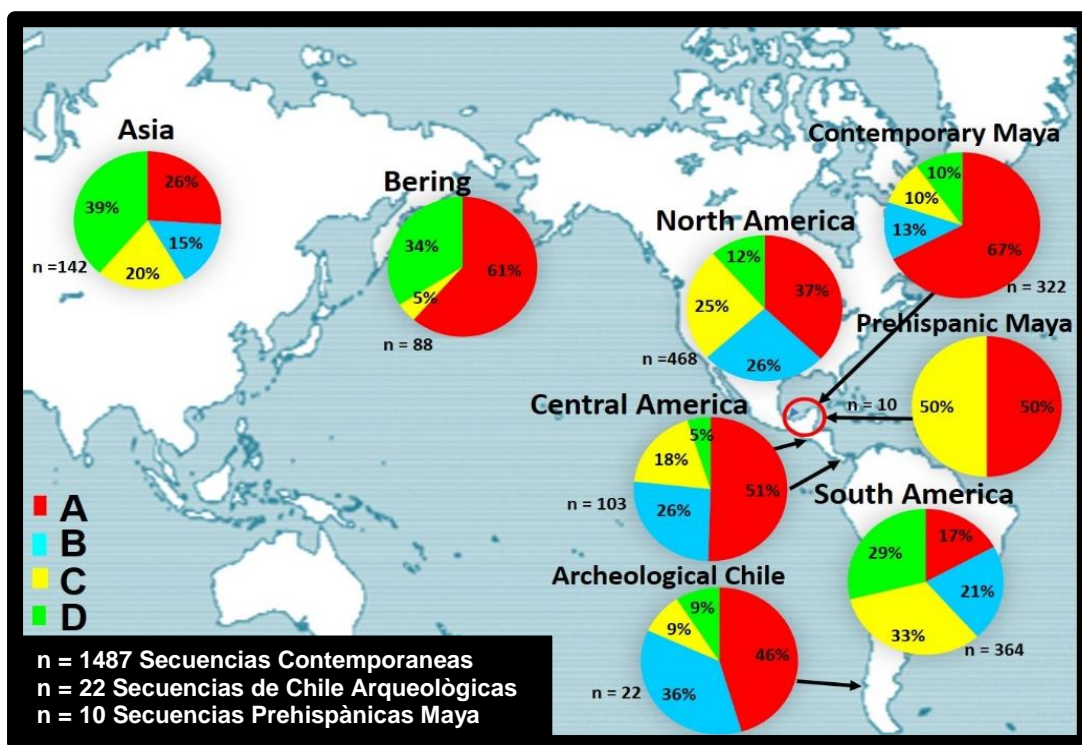


Figura 20. Frecuencias de Haplogrupos de DNA mitocondrial A, B, C y D de 10 muestras prehispánicas de Palenque en Chiapas y El Rey en Quintana Roo y su comparación con las poblaciones contemporáneas Mayas, de Asia, Bering, Norte América, Central y Sur.

7.2.3 Análisis de Redes Haplotípicas para Haplogrupos de DNA mitocondrial

Un análisis de redes haplotípicas traza las relaciones evolutivas de los haplotipos entre las poblaciones. Una red haplotípicas es representada por nodos, cada nodo

es un haplotipo y el tamaño del nodo es proporcional a su frecuencia haplotípicas y el tamaño de las ramas es proporcional a los pasos mutacionales.

7.2.3.1 Análisis de Redes Haplotípicas para Haplogrupo A

En este estudio se generaron dos análisis de redes haplotípicas para haplogrupo A debido a que las secuencias obtenidas de los Mayas prehispánicos presentaron longitudes de la Región Hipervariable I diferentes de (16110 a 16399 pb) y (16213 a 16399 pb). En un primer análisis haplotípico mediante redes haplotípicas para haplogrupo A, donde se incluyeron 529 secuencias de la Región Hipervariable I del nucleótido 16110 al 16399, de las cuales 3 secuencias fueron de poblaciones Mayas prehispánicas dos de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_TXIII_E3, MXCHPALENQUE_T5GB) y una secuencia de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E23-1), y 526 secuencias de la base de datos GenBank incluyendo secuencias (Maya contemporáneas, secuencias de Asia, Beringia, y América del Norte, Central y Sur). Los resultados de este primer análisis revelaron 214 haplotipos (Figura 21), mostrando como nodo central correspondiente al haplotipo H3 incluyo 100 secuencias, y una secuencia prehispánica de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E23-1) con las secuencias de los individuos contemporáneos de Asia, Siberia, Islas Aleutianas, Dogrib, Canada, Nativos de México (Cora, Purépecha, Mixteco, Zapoteco y Nahuatl), Mayas de México y Guatemala, América Central y Sudamérica, por lo que se sugiere que estos individuos tienen un ancestro común. La secuencia antigua de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_TXIII_E3) mostró el haplotipo 2 agrupándose con secuencias contemporáneas *Nahuatl* de Xochimilco y Mayas *Tzotzil* de Chiapas. En el haplotipo 2 se sugiere la continuidad genética de las poblaciones prehispánicas de *Palenque* en Chiapas dentro de las poblaciones contemporáneas Mayas *Tzotzil* de Chiapas y con los *Nahuatl* de Xochimilco indicando flujo de genes a través de las poblaciones en el pasado. Algunos estudios muestran que algunas poblaciones nativas americanas de las regiones geográficas de América del Norte muestran continuidad genética a través del tiempo (Stone y Stoneking, 1998; Carlyle *et al.*, 2000), debido a los

movimientos de las poblaciones antiguas, expansión de la población o deriva genética, mientras que otras poblaciones nativas americanas no lo hacen (Kaestle Smith, 2001; Schultz *et al.*, 2001). Otra secuencia antigua de este estudio de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T5GB) conforma el haplotipo 1 el cual no se agrupa con ninguna secuencia contemporánea, esto es debido probablemente a la baja frecuencia de este haplotipo en las poblaciones contemporáneas Nativas Americanas o a que estas secuencias son raras.

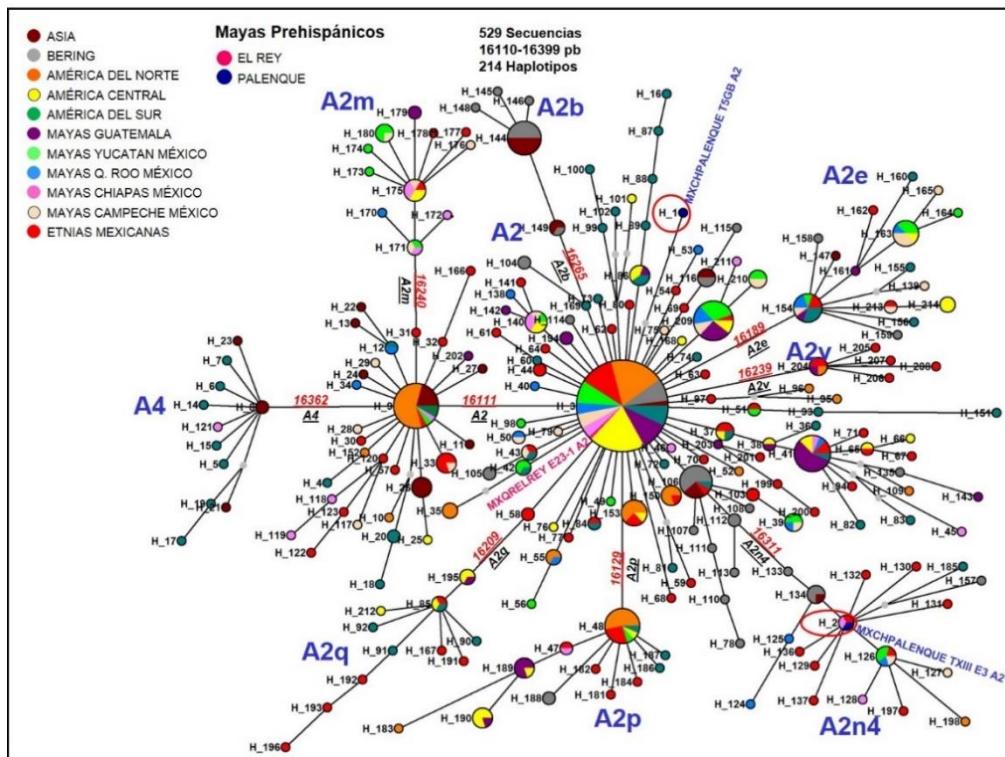


Figura 21. Análisis de Redes Haplotípicas para haplogrupo A, secuencias (16110-16399 pb) de poblaciones Maya prehispánicas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).

En un segundo análisis de redes haplotípicas para el haplogrupo A, el cual fue constituido por 531 secuencias de la Región Hipervariable I del nucleótido 16213 al 16399, de las cuales 5 secuencias fueron de poblaciones Mayas prehispánicas, 3 secuencias de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_TXIII E3, MXCHPALENQUE TXIII_E2, MXCHPALENQUE_T5GB) y 2 secuencias de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E8, MXQRELREY_E23-1), más 526 secuencias de la base de datos GenBank que incluye secuencias de poblaciones Mayas

contemporáneas, de Asia, Beringia, y América (Figura 22). Los resultados revelaron 132 haplotipos, mostrando como nodo correspondiente al haplotipo 1 fue el más frecuente ya que estuvo constituido por 225 secuencias, e incluye dos secuencias prehispánicas de este estudio *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_ E23-1) y *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_TXIII E3), y 223 de individuos contemporáneos de Asia, Siberia, Islas Aleutianas, Dogrib, Canadá, Nativos de México (Cora, Purépecha, Mixteco, Zapoteco y Nahuatl), Mayas de México y Guatemala, América Central y Sudamérica, por lo que se sugiere que estos individuos tienen un ancestro común. El haplotipo 3 incluyó una secuencia prehispánica de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUETXIII_E2, y secuencias de individuos contemporáneos de Asia, Beringia, Nativos de México, Mayas de México y Sudamérica. El haplotipo 2 y 4 que comprenden las secuencias prehispánicas de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E8) y *Palenque* en Chiapas E5GB no agruparon ninguna secuencia contemporánea, sugiriendo que estas secuencias son raras, se perdieron en las poblaciones contemporáneas a través del tiempo.

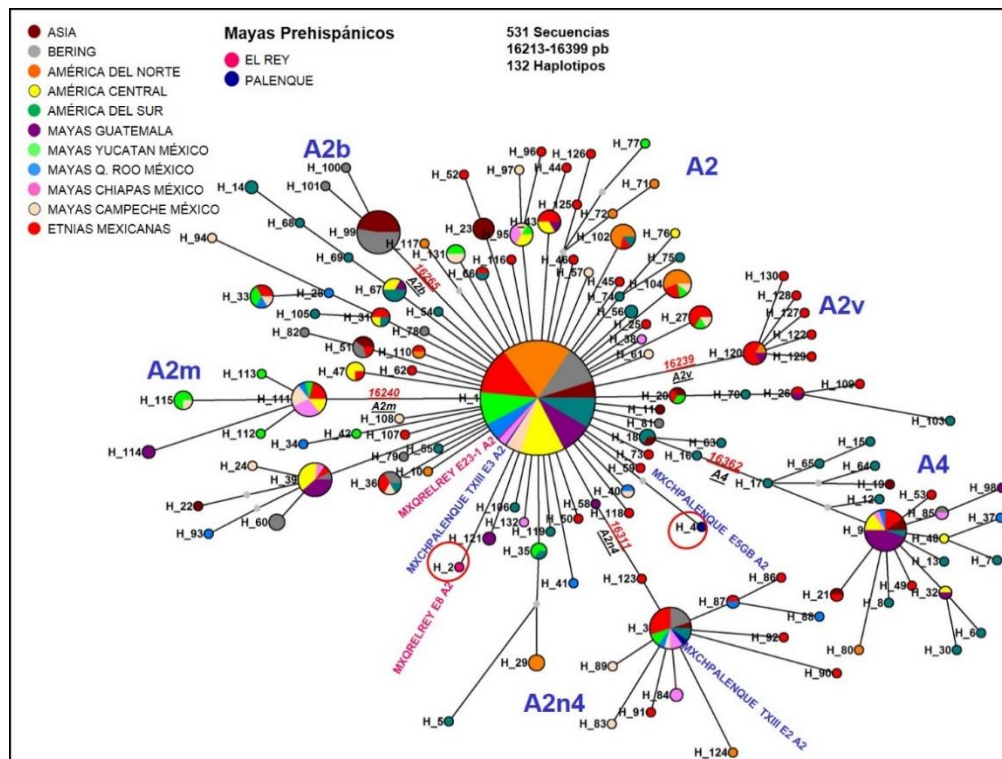


Figura 22. Análisis de Redes Haplótípicas para haplogrupo A, secuencias (16213-16399 pb) de

poblaciones Maya prehispánicas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).

Estos resultados sugieren al haplogrupo A2 de las poblaciones prehispánicas como indicativo de ancestro común de las poblaciones de Asia y la migración a través del Estrecho de Bering, Canadá, EUA, a través de México y la región Maya y de allí a América del Sur.

7.2.3.2 Análisis de Redes Haplotípicas para el Haplogrupo C

En un primer análisis de redes haplotípicas para haplogrupo C, el cual fue constituido por 304 secuencias de la Región Hipervariable I con una longitud de (16110 a 16399 pb), de las cuales 3 secuencias fueron de poblaciones Mayas prehispánicas, una secuencia de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T1GB) y 2 secuencias de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E9, MXQRELREY_E23-3) y 301 secuencias de la base de datos GenBank incluyendo secuencias (Maya contemporáneas, secuencias de Asia, Beringia, Norte, Central y Sur de América) Figura 23. Los resultados de este primer análisis revelaron 148 haplotipos, mostrando como nodo central el haplotipo 1 constituido por 76 secuencias, en este haplotipo 1 se agruparon una secuencia prehispánica de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E9) con las secuencias de los individuos contemporáneos de Siberia, Canadá, Hispanos de USA, Mexicanos Nativos (Cora, Tarahumara, Pima, Purépecha, Mixteco y Nahuatl), los Mayas de México y Guatemala, América Central y Sudamérica, lo que sugiere que estos tienen un ancestro común. Los haplotipos 2 y 3 que comprenden las secuencias prehispánicas de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E23-3) y *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T1GB) respectivamente, no agrupan con ninguna de las secuencias contemporáneas, estos haplotipos son raros y no han sido reportadas en ninguno de los estudios reportados o bien no son presentes en las poblaciones contemporáneas.

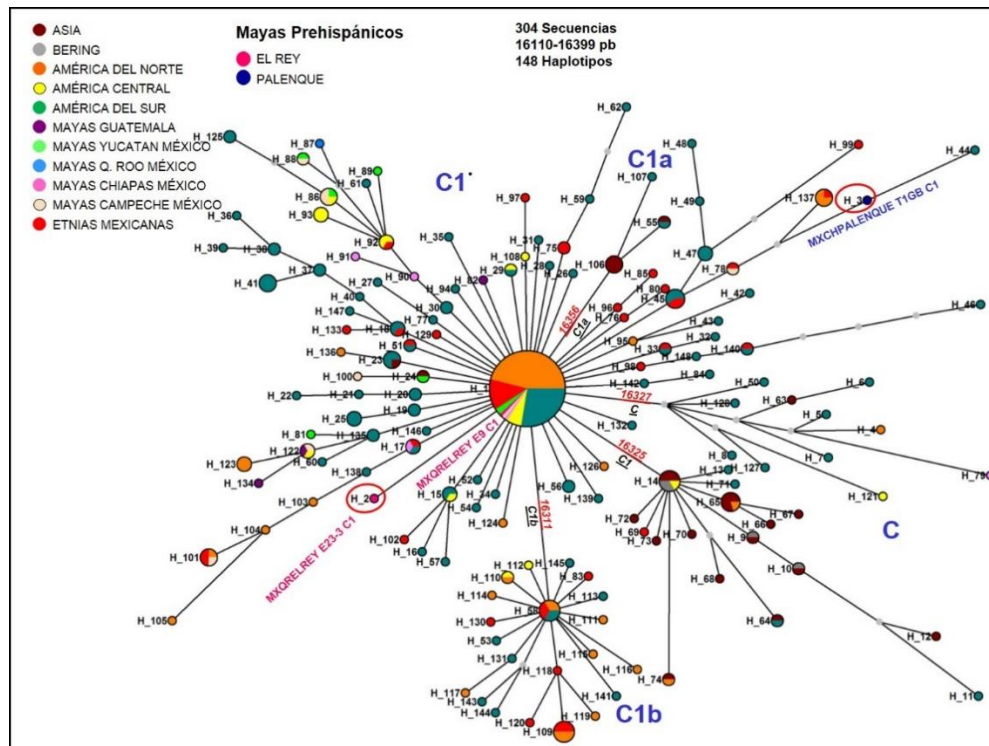


Figura 23. Análisis de Redes Haplóticas para haplogrupo C, secuencias (16110-16399 pb) de poblaciones Maya prehispánicas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).

En un segundo análisis de redes haplóticas para haplogrupo C, el cual fue constituido por 306 secuencias de la Región Hipervariable I con una longitud de (16213 a 16399 pb), de las cuales 5 secuencias fueron de poblaciones Mayas prehispánicas, 3 de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T1GB, MXCHPALENQUE_E3GB, MXCHPALENQUE_E4GB) y 2 secuencias de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E9, MXQRELREY_E23-3) y 301 secuencias de la base de datos GenBank incluyendo secuencias (Maya contemporáneas, de Asia, Beringia, América del Norte, Central y Sur) Figura 24. Los resultados de este segundo análisis para haplogrupo C muestra el linaje H1 que comprende la secuencia prehispánica de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E9) de este estudio y los individuos contemporáneos de Siberia, Canadá, Hispanos de USA, Mexicanos Nativos (*Cora, Tarahumara, Pima, Purépecha, Mixteco* y *Nahuatl*), los Mayas de México y Guatemala, América Central y Sudamérica, lo que sugiere que estos tienen un posible ancestro común. El haplotipo 3 que comprende la secuencia

prehispánica de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T1GB), agrupa con Otomí de Oaxaca e Hispanos de USA. Sin embargo, los haplotipos 2, 4 y 5 que comprenden las secuencias prehistóricas de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREL_E23-3), *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_E4GB) y (MXCHPALENQUE_E3GB) respectivamente, no agrupan con ninguna de las secuencias contemporáneas, estos haplotipos son raros y no han sido reportadas en ninguno de los estudios reportados o bien no son presentes en las poblaciones contemporáneas. Todos los haplotipos 1, 2, 3, 4, 5 mostraron subhaplogrupo C1.

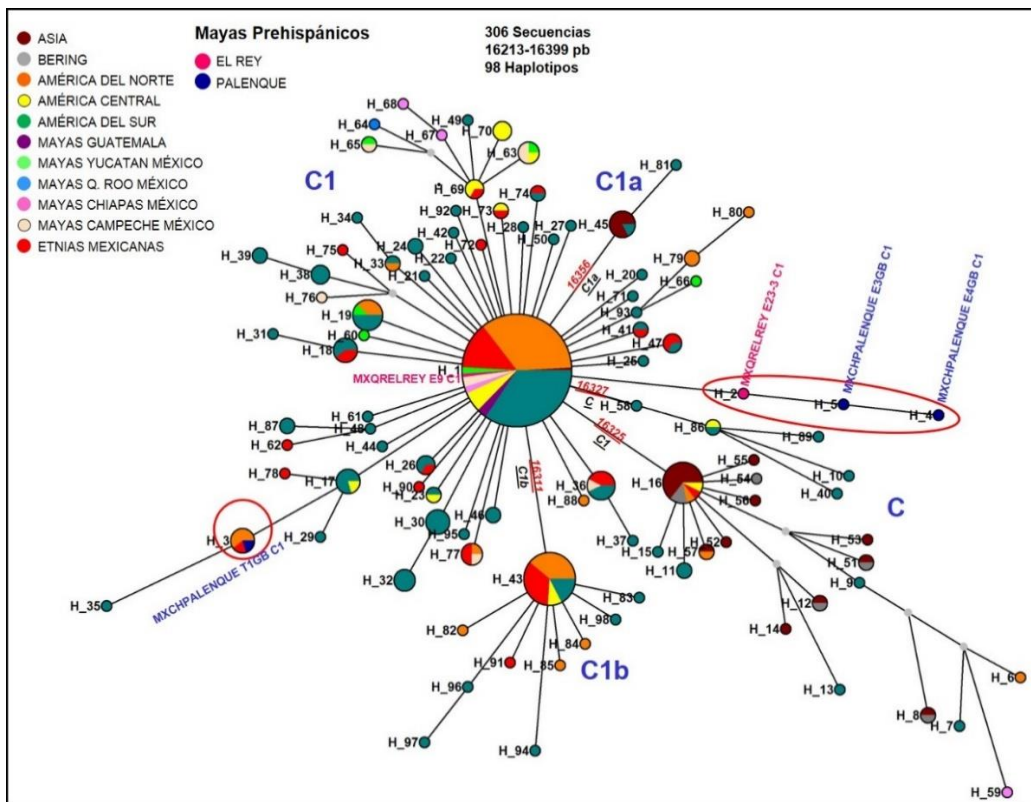


Figura 24. Análisis de Redes Haplótípicas para haplogrupo C, secuencias (16213-16399 pb) de poblaciones Maya prehistóricas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América Norte, Central y Sur).

En el análisis de haplotipos para haplogrupo A observamos 3 haplotipos donde: el haplotipo 3 es el nodo central y en el que se agrupan la secuencia prehistórica de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREL_E23-1) con secuencias de Rusia y Beringia, Mayas de México, Mayas de Guatemala, Etnias de México, América Central y Sur; en el haplotipo 2 se agrupa la secuencia prehistórica de *Palenque*,

Chiapas (MXCHPALENQUETXIII_E3) con secuencias de Tzotzil de Chiapas y Nahuatl de Xochimilco; mientras que el haplotipo 1 es una secuencia prehispánica de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T5GB) que podría considerarse como un haplotipo raro ya que no se agrupó con secuencias contemporáneas. En el análisis de haplotipos para haplogrupo C observamos 5 haplotipos donde: el haplotipo 1 es el nodo central y en el se agrupa la secuencia prehispánica de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E23-3) con secuencias de Mayas de México, Etnias de México, América Norte, Central y Sur; el haplotipo 3 agrupa la secuencia prehispánica de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T1GB) con Otomí de Oaxaca y Hispánicos de USA; y los haplotipo 2, 4, y 5 correspondieron a secuencias prehispánicas de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E9), *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_E4) y (MXCHPALENQUE_E3), respectivamente, se pueden considerar como haplotipos raros, ya que no se agrupan con secuencias contemporáneas.

Tabla 14. Haplotipos para poblaciones Maya Prehispánicas

HAPLOGRUPO	Temporalidad (CE)	NÚMERO DE HAPLOTIPOS									
		A					C				
		1st Análisis (16110-16399)			2do Análisis (16213-16399)		1st Análisis (16110-16399)			2do Análisis (16213-16399)	
POBLACIÓN /AREA GEOGRÁFICA		H1	H2	H3	H2	H3	H1	H2	H3	H4	H5
Palenque, Chiapas (T5GB_A2)	750-800	*									
Palenque, Chiapas (TXIII E3_A2n4)	750-800		*								
Palenque, Chiapas (TXIII E2_A2n4)	750-800					*					
El Rey Quintana Roo (E8_A2)	1200-1500				*						
El Rey Quintana Roo (E23-1_A2)	1200-1500			*							
El Rey Quintana Roo (E23-3_C1)	1200-1500						*				
El Rey Quintana Roo (E9_C1)	1200-1500							*			
Palenque, Chiapas (T1GB_C1)	750-800								*		
Palenque, Chiapas (E3GB_C1)	750-800										*
Palenque, Chiapas (E4GB_C1)	750-800									*	
Contemporáneos Maya México: Yucatán, Quintana Roo, Chiapas (Tojolobal)	Contemporáneos			*		*	*				
Chiapas (Tzotzil)	Contemporáneos		*				*				
Contemporáneos Maya Guatemala: Kiche, Mayas of Alta and Baja Verapaz, Coban, Marco	Contemporáneos			*							
Etnias Mexico: TriquiMixtec, N.Zitlala, N_Ixhuatlauancillo, Nay. Cora	Contemporáneos			*		*	*				
Otomi	Contemporáneos			*		*	*		*		
Tarahumara, Pima	Contemporáneos						*				
Purépecha	Contemporáneos						*				
N.CitMex, N.Puebla	Contemporáneos										
N.Xochimilco	Contemporáneos		*				*				
Asia (Mongolia, Siberia y China)	Contemporáneos			*							
Rusia	Contemporáneos			*		*					
Beringia (Aleut, Chukchi, Eskimo)	Contemporáneos			*		*					
América del Norte (Canada [Dogrib], Native American [USA])	Contemporáneos			*							
Hispanic	Contemporáneos						*		*		
América Central (GT32_Ladino, LaTinta_Ladino, Coban_Ladino, Marco_Ladino)	Contemporáneos			*							
Ciboney, Panama	Contemporáneos						*				
América del Sur (Yuracare, Uruguay, Brazil, Xavante, Cayapa, Archaeological of Chile)	Contemporáneos			*		*					
Quechua	Contemporáneos					*	*				
Zoro, Movima, Ignaciano, Shamatari, Wayu, Argentina, Colombia	Contemporáneos						*				

7.2.4 Análisis de la diversidad de secuencia (Análisis demográfico)

Nosotros nos interesamos en detectar las consecuencias genéticas de eventos demográficos que ocurrieron durante y después del asentamiento Maya. En este estudio se analizaron las 10 secuencias de las poblaciones prehispánicas Mayas (4 secuencias de *El Rey* en Quintana Roo y 6 secuencias de *Palenque* en Chiapas) y 1509 secuencias de NCBI (322 secuencias de poblaciones contemporáneas Mayas, 22 secuencias arqueológicas de Chile, 142 secuencias de Asia, 88 secuencias de Beringia, 468 secuencias de América del Norte, 103 secuencias de América Central y 364 secuencias de América del Sur).

7.2.4.1 Análisis de Varianza Molecular

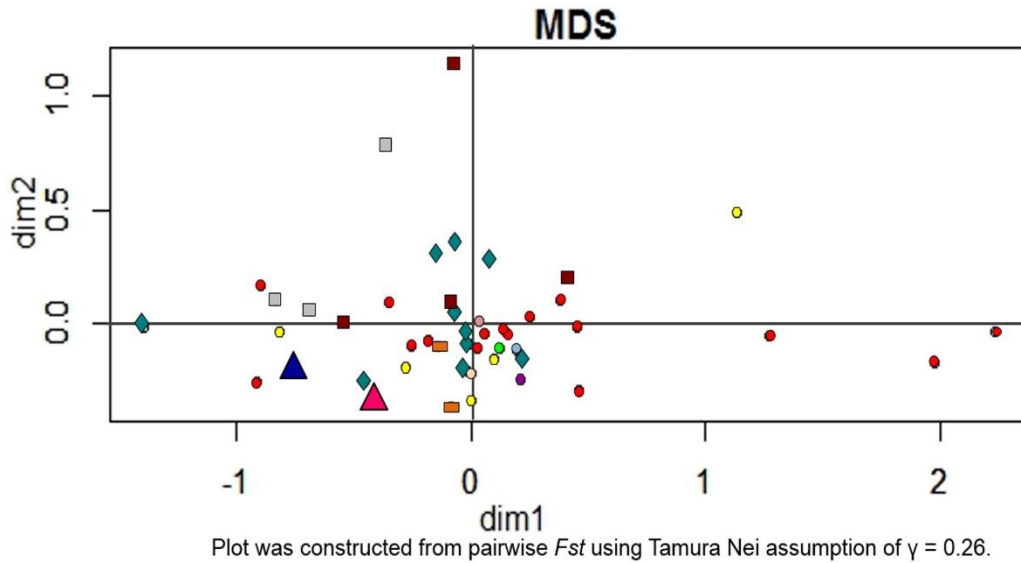
El Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) Tabla 15 realizado en las 10 secuencias de las poblaciones prehispánicas Mayas (4 secuencias de *El Rey* en Quintana Roo y 6 secuencias de *Palenque* en Chiapas) y las 1509 secuencias de NCBI (322 secuencias de poblaciones contemporáneas Mayas, 22 secuencias arqueológicas de Chile, 142 de Asia, 88 de Bering, 468 de América del Norte, 103 de América Central y 364 de América del Sur), mostró que la mayor parte de la variación HVS-I se encuentra dentro de las poblaciones con un 88.3% de la variación, sin embargo aun cuando la variación es más baja entre los grupos y entre poblaciones dentro de grupos, estas mostraron un patrón muy similar de 5.9% y 5.8% respectivamente, mostrando una variación mayor debido a la covarianza de los haplotipos. El índice de fijación (F_{ST}) que da cuenta de la variación dentro de las poblaciones fue de 0.1170 y es estadísticamente significativo ($P < 0.00000$), los índices de fijación ϕ_{CT} (0.0591) y ϕ_{SC} (0.0616) mostraron el mismo patrón debido a la covarianza de los haplotipos entre los grupos y entre poblaciones dentro de grupos. En cada caso, los índices de fijación y las puntuaciones de la varianza jerárquicas son estadísticamente significativas ($P < 0.00000$).

Tabla 15. Análisis de Varianza Molecular basado en las principales poblaciones Mexicanas prehispánicas y contemporáneas Mayas y otras poblaciones (Asia, Beringia, América del Norte, Central y del Sur).

Fuente de Variación	D de f	SSD	σ^2	% de σ^2	F-estadístico	P-valor
Entre grupos	6	313.14	0.20376	5.91	$F_{CT} : 0.0591$	0.00000
Entre poblaciones dentro de los grupos	40	344.35	0.19979	5.79	$F_{SC} : 0.0616$	0.00000
Dentro de las poblaciones	1434	4367.6	3.04575	88.3	$F_{ST} : 0.1170$	0.00000
Total	1480	5025.1	3.4493			

7.2.4.2 Escalamiento Multidimensional

El análisis de Escalamiento Multidimensional nos permitió determinar qué tan cercas o alejadas se encuentran las poblaciones contemporáneas de las prehispánicas a través de sus distancias genéticas. El análisis de Escalamiento Multidimensional mostró la relación que existe entre las poblaciones Mayas prehispánicas mexicanas y Mayas contemporáneas, y otras poblaciones contemporáneas (Asia, Beringia, América del Norte, América Central y América del Sur) empleando una base de datos de secuencias de DNA mitocondrial de la Región Hipervariable I (HVI), conformando un numero de muestras de 47 poblaciones Figura 25. Los resultados mostraron distancias genéticas muy cortas entre la población prehispánica de *Palenque* y las poblaciones de: Nahuatl de Zitlala, Ciboney de Cuba en el Caribe, Chukchi y Esquimo de Beringia y Asiaticos de Asia del Norte, mientras que la población prehispánica de *El Rey* mostró distancias más cortas con las poblaciones contemporáneas de Mayas de Campeche, Uruguayos de Uruguay, Dogrib de Canadá y Dominicanos de República Dominicana. Estas distancias cortas se pueden explicar por la presencia y distribución de los haplogrupos A y C en las poblaciones contemporáneas.



Contemporary Population:

- ASIA □ BERING ▭ NORTH AMERICA ● CENTRAL AMERICA ◆ SOUTH AMERICA ● GUATEMALA MAYAN
- YUCATAN MAYAN ● Q. ROO MAYAN ● CHIAPAS MAYAN ● CAMPECHE MAYAN ● ETNIAS MEX

- Prehispanic Mayan:** ▲ EL REY ▲ PALENQUE

Figura 25. El Escalamiento Multidimensional de distancias genéticas entre las poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América del Norte, Central y del Sur), con numero de muestras= 47 (2 poblaciones prehispánicas Mayas, 5 poblaciones Mayas contemporáneas, 4 poblaciones de Asia, 3 poblaciones de Beringia, 19 poblaciones América del Norte, 4 poblaciones América Central , 10 poblaciones América del Sur), donde: triángulos rosas y azules para prehispánica Maya; círculos rosas claros y oscuros, lilas, verdes, azules representan Mayas contemporáneos; círculos rojos para Etnias México; cuadrado tinto para Asia; cuadrado gris para Beringia; rectángulos naranjas de América del Norte; hexágono amarillo para de América Central; y diamantes verde oscuro para América del Sur.

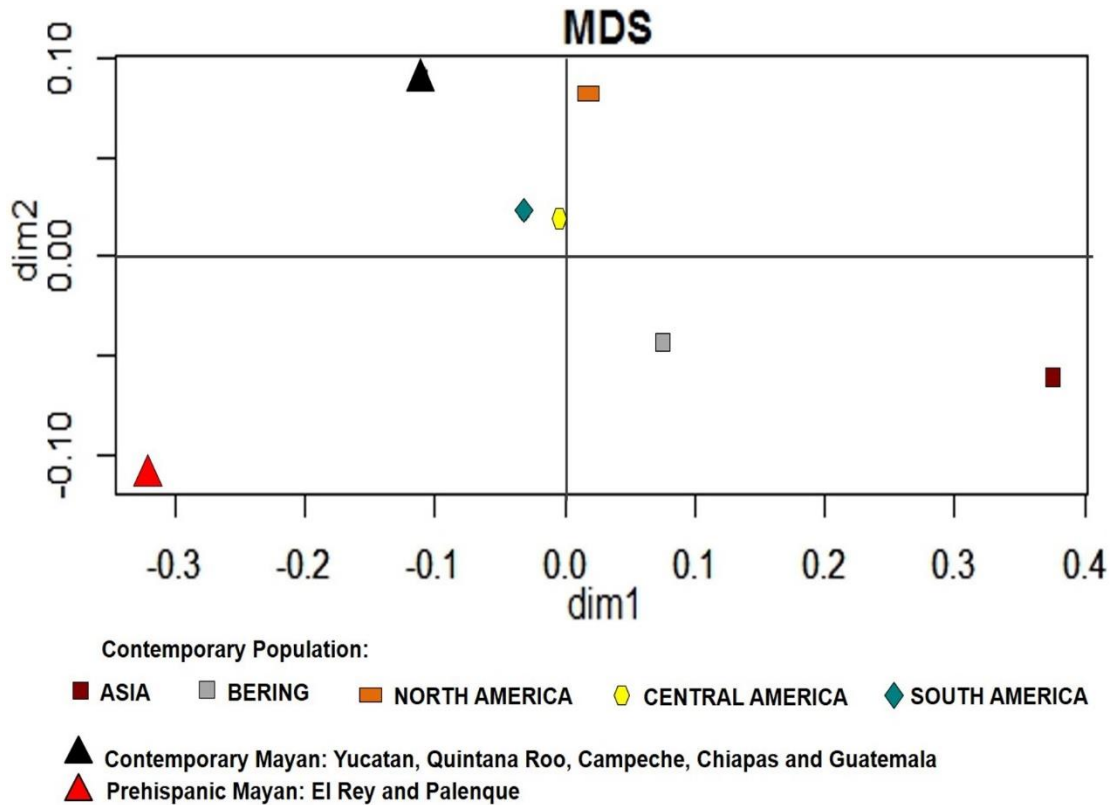


Figura 26. El Escalamiento Multidimensional de distancias genéticas entre las poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas y contemporáneas, y otras poblaciones (de Asia, Beringia, América del Norte, América Central y América del Sur), con numero de muestras= 7 (poblaciones prehispánicas Mayas, las poblaciones contemporáneas Mayas, las poblaciones de Asia, las poblaciones de Beringia, las poblaciones de América del Norte, las poblaciones de América Central, poblaciones América del Sur), donde: el triángulo rojo para poblaciones prehispánicas Mayas, el triángulo negro de poblaciones contemporáneas Mayas, el cuadrado tinto para Asia, el cuadrado gris de Beringia, el rectángulo naranja de América del Norte, hexágono amarillo para de América Central y diamante verde oscuro para América del Sur.

Un Análisis de Escalamiento Multidimensional más global Figura 26 empleando un número de muestras de 7 poblaciones, se observó que las poblaciones Mayas contemporáneas y las poblaciones de Sudamérica, América Central y América del Norte muestran distancias genéticas muy cortas entre ellas, lo que indica una relación más estrecha, mientras que las poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas indican distancias muy largas o se muestran muy aisladas de las poblaciones contemporáneas. Esto se debe probablemente a las diferencias en la composición de haplogrupo indicativos de nuevas migraciones dentro de las

poblaciones contemporáneas de va de acuerdo con la historia de las poblaciones Mayas que sufrieron diversas invasiones de otras poblaciones como los Nahuatl de afiliación uto-azteca.

7.2.4.3 Fuerzas de Evolución: Diversidad Genética y Pruebas de Neutralidad

Los resultados de diversidad genética (H), diversidad nucleotídica (P_i), el número de sitios de variantes (θ_s), la diversidad de nucleótidos (θ_π) y las fuerzas de evolución (índice de diversidad y pruebas de neutralidad) obtenidos en este estudio, se muestran en la Tabla 16. Los valores de diversidad obtenidos fueron similares en todas las poblaciones. F_s de F_{us} fue negativo para la mayoría de las poblaciones. Estos resultados sugieren alelos raros presentes en bajas frecuencias o expansión de la población, después de un cuello de botella reciente.

Los resultados nos muestran similitud en la diversidad genética (H) y diversidad nucleotídica (P_i) en las poblaciones prehispánicas Mayas de *El Rey* en Quintana Roo y *Palenque* en Chiapas, sin embargo, mostraron diferencias en el número de sitios de variantes (θ_s) y en la diversidad de nucleótidos (θ_π). La población prehispánica Maya *El Rey* en Quintana Roo mostró valores de θ_π (6.5) y θ_s (6), el valor de Tajima D (0.83741), sin embargo, podemos sugerir una posible migración subsecuente debido al valor negativo de F_{us} F_s (-0.18671); mientras que la población contemporánea Maya de Quintana Roo posee valores muy diferentes de θ_π (5.456259) y θ_s (8.409888) y los valores negativos altos de Tajima D (-1.18433) y F_{us} F_s (-8.05917) indicando una expansión de la población muy reciente. La población prehispánica Maya de *Palenque* en Chiapas mostró valores de θ_π (7.8) y θ_s (7.01) el valor de Tajima D (0.69961), indicando expansión de la población debido al valor negativo alto de F_{us} F_s (-1.3539); sin embargo, la población contemporánea Maya de Chiapas posee valores muy similares de θ_π (6.068664) y θ_s (6.704184), mostrando valores negativos altos de Tajima D (-0.29554) y F_{us} F_s (-3.35954) indicando expansión de la población. En la Tabla 21, observamos de manera global para las poblaciones Mayas prehispánicas de *El Rey* y *Palenque* los valores de diversidad genética H (1.0000), diversidad nucleotídica P_i (0.023295), el número de

sitios de variantes θ_s (6.009258) , la diversidad de nucleótidos θ_π (6.755556) y las fuerzas de evolución Tajima D (0.57748) y Fus Fs (-4.75), estos valores son más parecidos a los valores que se mostraron para Bering H (0.9488), Pi (0.016128), θ_s (5.743871), θ_π (4.677116), Tajima D (-0.57157), Fus Fs (-24.94457). Por otro lado, observamos como los valores de la población Maya contemporánea mostraron H (0.9666), Pi (0.019872), θ_s (12.598001), θ_π (5.762737), Tajima D (-1.60284) y Fus Fs (-24.73665), estos valores se mostraron muy similares a los de Asia H (0.9852), Pi (0.020186), θ_s (12.58904), θ_π (5.854065), Tajima D (-1.69378), Fus Fs (-25.13542). Así también y de acuerdo lo observado en el Escalamiento Multidimensional donde las distancias genéticas son muy cortas para América del Norte y América del Sur, al conocer los valores de diversidad genética y las fuerzas de evolución en Tabla 21 observamos que los valores para América del Norte de diversidad genética H (0.9793), diversidad nucleotídica Pi (0.023938), el número de sitios de variantes θ_s (18.588424), la diversidad de nucleótidos θ_π (6.942093) y las fuerzas de evolución Tajima D (-1.84388) y Fus Fs (-24.28341) son muy similares a los que se muestran para América del Sur H (0.9932), Pi (0.023391), θ_s (19.611651), θ_π (6.783291), Tajima D (-1.9572) y Fus Fs (-24.4156). Los valores de diversidad obtenidos fueron similares en todas las poblaciones y Fs de Fus fue negativo y significativo para la mayoría de las 47 poblaciones. Estos resultados sugieren alelos raros presentes en las bajas frecuencias o expansión de la población, después de un cuello de botella reciente. Este estudio también demostró que algunos nativos Americanos comparten ascendencia con los actuales asiáticos orientales incluyendo siberianos.

Tabla 16. Diversidad Genética de poblaciones Maya Prehispánica y Contemporáneas y otras de Asia, Beringia, y América

Población	N	Diversidad Genética	Diversidad Nucleotídica (Pi)	θ_k (95% CI)	θ_s (SD)	θ_{π} (SD)	Tajima's D	P-value ^c	Fu's Fs	P-value ^c
El Rey Q.Roo Maya	4	1.0000 +/- 0.1768	0.022414 +/- 0.016029	NA	6	6.5	0.83741	0.804	-0.18671	0.256
Palenque Maya	6	1.0000 +/- 0.0962	0.026897 +/- 0.016865	NA	7.007299	7.8	0.69961	0.774	-1.3539	0.115
Antiguos Totales Maya	10	1.0000 +/- 0.0447	0.023295 +/- 0.013570	NA	6.009258	6.755556	0.57748	0.75	-4.75	0.004
Yucatán Maya	62	0.9635 +/- 0.0117	0.019869 +/- 0.010689	32.452223	8.943279	5.762031	-1.1805	0.098	-20.74873	0
Q. Roo Maya	52	0.9593 +/- 0.0119	0.018815 +/- 0.010213	16.695954	8.409288	5.456259	-1.18433	0.111	-8.05917	0.006
Campeche Maya	52	0.9774 +/- 0.0089	0.019379 +/- 0.010487	41.544243	8.851882	5.61991	-1.23593	0.093	-23.24225	0
Chiapas Maya	90	0.9268 +/- 0.0114	0.020926 +/- 0.011141	10.373197	6.704184	6.068664	-0.29554	0.444	-3.35954	0.173
Guatemala Maya	54	0.9266 +/- 0.0198	0.017950 +/- 0.009787	17.479464	8.119534	5.205451	-1.20177	0.098	-9.43922	0.005
Contemporáneos Totales Maya	322	0.9666 +/- 0.0046	0.019872 +/- 0.010549	52.879302	12.598001	5.762737	-1.60284	0.023	-24.73665	0
Canadá	3	1.0000 +/- 0.2722	0.022989 +/- 0.018613	NA	6.666667	6.666667	0	1	0.7032	0.393
USA	181	0.9408 +/- 0.0097	0.020466 +/- 0.010859	39.126058	10.393304	5.935175	-1.30324	0.066	-24.94111	0
Pima	9	1.0000 +/- 0.0524	0.027203 +/- 0.015859	NA	7.726675	7.888889	0.10353	0.571	-3.43798	0.04
Tarahumara	18	0.9477 +/- 0.0392	0.023665 +/- 0.013066	19.531814	7.849858	6.862745	-0.50171	0.331	-3.08014	0.093
Ojinaga	38	0.9943 +/- 0.0082	0.025286 +/- 0.013442	209.67349	10.472235	7.332859	-1.06846	0.147	-25.01523	0
Cora	17	0.9559 +/- 0.0436	0.021856 +/- 0.012201	34.681294	6.507472	6.338235	-0.10372	0.497	-5.43887	0.007
Huichol	6	1.0000 +/- 0.0962	0.033103 +/- 0.020458	NA	9.635036	9.6	-0.0228	0.512	-1.01988	0.163
Purépecha	23	0.9960 +/- 0.0142	0.023470 +/- 0.012794	238.112	9.212062	6.806324	-1.00131	0.164	-16.62987	0
Náhuatl	27	0.9972 +/- 0.0111	0.029001 +/- 0.015426	333.44526	11.415467	8.410256	-0.99316	0.144	-19.41852	0
Necoxtla	14	0.9890 +/- 0.0314	0.021144 +/- 0.012013	82.112116	6.603496	6.131868	-0.29964	0.411	-6.56504	0.001
Zitlala	5	0.9000 +/- 0.1610	0.009655 +/- 0.007129	7.106196	3.36	2.8	-1.16172	0.063	-0.44483	0.272
Xochimilco	21	0.9952 +/- 0.0165	0.023218 +/- 0.012728	196.44538	8.894473	6.733333	-0.94604	0.177	-14.06957	0
Ixhuatlancillo	8	0.9643 +/- 0.0772	0.024877 +/- 0.014864	23.111113	8.099174	7.214286	-0.57026	0.311	-1.10079	0.219
Mixteco	20	1.0000 +/- 0.0158	0.022250 +/- 0.012277	NA	7.892349	6.452632	-0.71177	0.272	-16.60581	0
Mixe	9	1.0000 +/- 0.0524	0.028161 +/- 0.016374	NA	8.462549	8.166667	-0.17326	0.459	-3.3417	0.034
Triquí	15	1.0000 +/- 0.0243	0.022726 +/- 0.012754	NA	7.381067	6.590476	-0.44463	0.357	-10.0177	0
Zapoteco	16	0.9917 +/- 0.0254	0.029167 +/- 0.015956	109.77879	10.24643	8.458333	-0.72684	0.233	-6.7113	0.002
Otomí	32	0.9960 +/- 0.0090	0.023297 +/- 0.012540	227.22561	9.43573	6.756048	-1.03136	0.149	-24.9831	0
Mestizos	7	1.0000 +/- 0.0764	0.018391 +/- 0.011566	NA	4.897959	5.333333	0.484	0.71	-2.85544	0.029

América Norte	468	0.9793 +/- 0.0030	0.023938 +/- 0.012471	221.80103	18.588424	6.942093	-1.84388	0.004	-24.28341	0
Guatemala Central	70	0.9097 +/- 0.0282	0.019979 +/- 0.010722	22.210586	7.263594	5.793789	-0.65201	0.324	-13.95496	0
Cuba Central	10	0.9778 +/- 0.0540	0.013103 +/- 0.008143	38.778465	3.888343	3.8	-0.10174	0.484	-4.57374	0.004
República Dominicana Central	4	1.0000 +/- 0.1768	0.031034 +/- 0.021672	NA	9.272727	9	-0.3002	0.539	0.20986	0.305
Panamá	21	0.9667 +/- 0.0260	0.018095 +/- 0.010171	28.925451	6.948807	5.247619	-0.9371	0.154	-7.31272	0.001
América Central	102	0.9552 +/- 0.0143	0.021865 +/- 0.011576	50.160129	8.658378	6.340905	-0.84232	0.218	-25.08328	0
Argentina	10	0.9111 +/- 0.0773	0.007816 +/- 0.005294	9.023054	3.534858	2.266667	-1.5902	0.057	-2.87486	0.015
Bolivia	39	0.9933 +/- 0.0080	0.021909 +/- 0.011790	160.03992	9.697481	6.353576	-1.21886	0.086	-25.20194	0
Brasil	129	0.9930 +/- 0.0024	0.022843 +/- 0.012019	184.3417	14.172265	6.624516	-1.692	0.012	-24.92547	0
Chile	88	0.9846 +/- 0.0065	0.022237 +/- 0.011773	104.04822	9.903226	6.448798	-1.12382	0.128	-25.10311	0
Colombia	16	0.9750 +/- 0.0295	0.023276 +/- 0.012972	30.015456	8.136871	6.75	-0.70061	0.249	-4.23895	0.029
Ecuador	5	1.0000 +/- 0.1265	0.028966 +/- 0.018910	NA	9.12	8.4	-0.58259	0.386	-0.57419	0.2
Paraguay	2	1.0000 +/- 0.5000	0.027586 +/- 0.029260	NA	8	8	0	1	2.07944	0.578
Perú	41	0.9476 +/- 0.0162	0.023953 +/- 0.012768	16.575496	7.712906	6.946341	-0.34337	0.423	-4.72177	0.063
Uruguay	4	1.0000 +/- 0.1768	0.024713 +/- 0.017535	NA	6.545455	7.166667	0.95719	0.827	-0.06549	0.311
Venezuela	23	0.9802 +/- 0.0198	0.020853 +/- 0.011495	48.715015	6.773575	6.047431	-0.40229	0.366	-10.29168	0
América del Sur	365	0.9932 +/- 0.0015	0.023391 +/- 0.012218	374.23096	19.611651	6.783291	-1.9572	0.001	-24.4156	0.002
Aleut	38	0.9474 +/- 0.0254	0.016663 +/- 0.009239	30.671118	4.284096	4.832148	0.42159	0.745	-15.16672	0
Chukchi	39	0.9352 +/- 0.0205	0.015282 +/- 0.008557	15.779408	5.203526	4.431849	-0.49781	0.337	-7.97694	0.001
Esquimo	11	0.8909 +/- 0.0633	0.009655 +/- 0.006224	4.627438	2.731337	2.8	0.10401	0.575	-0.70319	0.3
Bering	88	0.9488 +/- 0.0106	0.016128 +/- 0.008838	26.257739	5.743871	4.677116	-0.57157	0.34	-24.94457	0
Rusia	41	0.9598 +/- 0.0132	0.016552 +/- 0.009166	18.583876	7.479182	4.8	-1.23461	0.101	-9.35012	0
Mongolia	45	0.9697 +/- 0.0156	0.021129 +/- 0.011369	48.055299	9.833683	6.127273	-1.30825	0.068	-21.30006	0
China	54	0.9881 +/- 0.0073	0.020128 +/- 0.010841	95.717662	9.875109	5.837177	-1.38805	0.053	-25.31229	0
Japón	2	1.0000 +/- 0.5000	0.037931 +/- 0.039618	NA	11	11	0	1	2.3979	0.554
Asia	125	0.9852 +/- 0.0042	0.020186 +/- 0.010752	102.5108	12.58904	5.854065	-1.69378	0.022	-25.13542	0

7.3 Estudio de la susceptibilidad de SNPs mitocondriales asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2 en muestras de poblaciones Prehispánicas Mayas Mexicanas

En este estudio el DNA extraído para 10 muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo, se realizó el análisis de identificación de la presencia o ausencia de los SNPs mitocondriales (A3243G y T16189C) que se han asociado a Diabetes Tipo 2 en poblaciones contemporáneas, mediante la técnica de PCR en Tiempo Real. Los resultados obtenidos en el estudio de los SNPs mitocondriales (A3243G y T16189C) para las 10 muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo, no mostraron la presencia del SNP asociado a Diabetes Tipo 2. En la Figura 27 se muestra un ejemplo del análisis de la identificación de la presencia o ausencia del SNP mitocondrial A3243G asociado a Diabetes Tipo 2, en ella se muestra un control negativo (muestra que no presenta ningún SNP ni el silvestre, ni el de susceptibilidad a Diabetes Tipo 2), el DNA de la muestra de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_E4GB) sin diluir y en diluciones (1:2, 1:20 y 1:40) esto con la finalidad de diluir los inhibidores de la polimerasa y favorecer su acción. Así también se muestra un control positivo (muestra que presenta SNP de susceptibilidad a Diabetes Tipo 2). Los resultados, mostraron la ausencia del SNP mitocondrial A3243G en la muestra prehispánica de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_E4GB) y en las diferentes diluciones de la muestra, sin embargo, el control positivo si corresponde a la presencia del SNP de susceptibilidad a Diabetes demostrando que la muestra se manipuló de manera adecuada, no codificante). Las 10 muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo fueron analizadas mediante PCR en Tiempo Real, en el análisis del SNP mitocondrial A3243G, en las Figuras 28A y en la Tabla 28B, se muestra la discriminación alélica, estos resultados mostraron la ausencia del SNP mitocondrial A3243G en las 10 muestras prehispánicas bajo estudio.

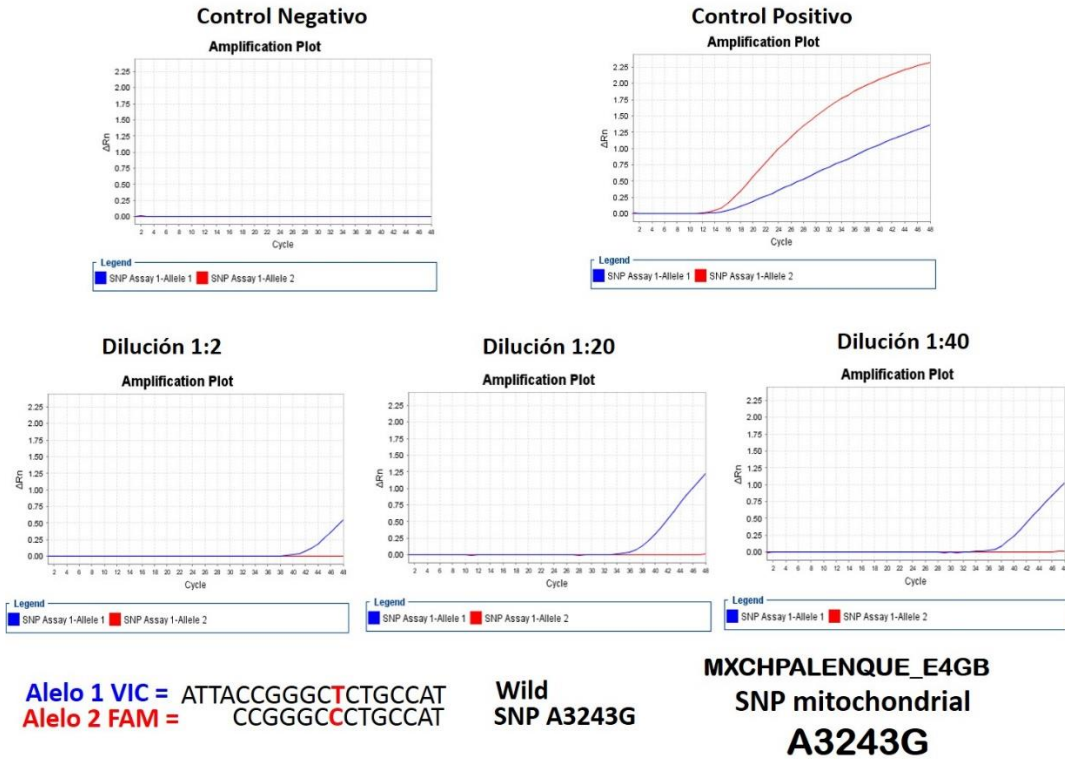
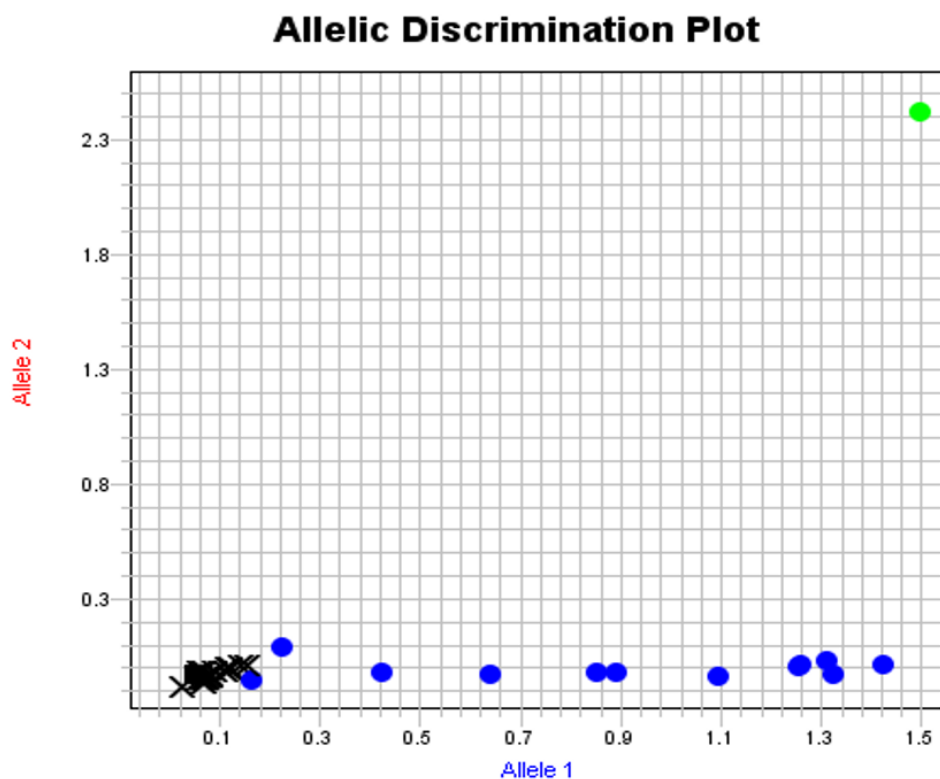


Figura 27. Identificación de SNPs mitocondriales asociados con el riesgo de DMT2, mediante PCR en Tiempo Real. Ejemplo del estudio del SNP A3243G en la muestra prehispanica de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_E4GB).

A



B

Muestra	ND	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 1 / Alelo 2	A3243G
Control Negativo	1 X	-	-	-	-
MXCHPALENQUE_T5GB_A2	3 X	-	-	-	-
MXCHPALENQUE_E3GB_C1	2 X	1 ●	-	-	X
MXCHPALENQUE_T1GB_C1	3 X	-	-	-	-
MXCHPALENQUE_E4GB_C1	2 X	1 ●	-	-	X
MXQRELREY_E23-1_A2	2 X	1 ●	-	-	X
MXQRELREY_E23-3_C1	2 X	1 ●	-	-	X
MXQRELREY_E8_A2	-	3 ●	-	-	X
MXRELREY_E9_C1	2 X	1 ●	-	-	X
MXCHPALENQUE_E2_A2	2 X	1 ●	-	-	X
Control Positivo	-	-	-	1 ●	√

Figura 28. Discriminación Alélica para el SNP mitocondrial A3243G, en las 10 muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo.

El análisis para la identificación del SNP T16189C, se llevó a cabo mediante la identificación de la presencia o ausencia del polimorfismo T/C en el sitio nucleotídico 16189 en la secuencia de la Región Hipervariable I del genoma mitocondrial para cada una de las 10 muestras prehispánicas. Inicialmente se hizo una revisión bibliográfica para conocer los distintos polimorfismos de la Región Hipervariable I de DNA mitocondrial los cuales se han reportado asociados a DMT2 (Tabla 17). Se ha reportado al polimorfismo T16189C en individuos contemporáneos a lo largo de las migraciones en el mundo (Wang *et al.*, 2009) siguiendo la ruta de migración desde África a Asia encontrándose en una frecuencia del 8% en Inglaterra, del 30% en Finlandia, del 12% en India, del 25% en China, del 29% en Corea, del 34% en Japón, del 38% en Taiwán, del 10 al 60% en el Archipiélago de Indonesia y el 29% en Panamá. Esos estudios sugirieron el incremento de la DMT2 a lo largo de la ruta de migración, lo que podría explicar el alto grado de esta enfermedad en Asia. Asimismo, encontraron que el haplogrupo B y los polimorfismos T16189C y T16217C en la población China están asociados con DMT2 (Wang *et al.*, 2009).

Tabla 17. Algunos Sitios Polimórficos en la Región Hipervariable I del DNA mitocondrial asociados a DMT2.

Haplogrupos asociados con el riesgo de Diabetes Tipo 2			
Haplogrupos	Polimorfismos en la Región Hipervariable I del mtDNA	Población con DT2	Referencias
B	16189 16217	China	Wang <i>et al.</i> , 2009
B4a1a	6719, 12239, 15746 y 16519	Sudeste de Taiwán	Loo Jun-Hun <i>et al.</i> , 2014
B, D	16189 16519	Chino Han	Wen-Qiang Liao <i>et al.</i> , 2008
D, D4	16519	Japonés	Takasaki Shigeru <i>et al.</i> , 2009
B5b	16519 16140 16223 16243	Japonés	Takasaki Shigeru <i>et al.</i> , 2009

En el análisis de identificación del SNP T16189C en las 10 secuencias de las muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo, no se mostró la presencia del polimorfismo T/C en el sitio nucleotídico 16189 de la Región Hipervariable I del genoma mitocondrial de estas muestras (Tabla 17). En este estudio se analizó también el polimorfismo 16217 de la Región Hipervariable 1 en las 10 secuencias de las muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo, los resultados mostraron la ausencia de este polimorfismo asociado reportado asociados a la Diabetes Tipo 2. En el futuro se tiene considerar el análisis de otros polimorfismos tales como el 16519.

VIII. DISCUSIÓN

8.1 Estudio Químico y Morfológico de los restos arqueológicos de los acompañantes de *La Reina Roja* (el Molar de la Mujer y la Vértebra del Niño)

En este estudio se demostró que el molar de la mujer y la vértebra del niño acompañante de *La Reina Roja* presentaron altos contenidos de Hg hasta de un 66 % en peso, pero no de S. Estos resultados difieren de aquellos reportados para *La Reina Roja* (Cervini-Silva *et al.*, 2013), los cuales demostraron que la fuente de Hg fue cinabrio (HgS). Los restos pertenecientes a los acompañantes de *La Reina Roja* y a *La Reina Roja* variaron en distribución espacial del Hg. Posiblemente los acompañantes de *La Reina Roja* se expusieron a Hg debido al uso de utensilios de cerámica empleados para la alimentación (Miller *et al.*, 1989; Gazzola *et al.*, 2000; Cooke *et al.*, 2013), a la elaboración de los distintos productos como pinturas y murales (Gazzola *et al.*, 2000; 2009), o bien a la ingestión de alimentos o agua contaminada (Ávila *et al.*, 2014).

Por otra parte, es importante preguntarse porque *La Reina Roja* (Cervini-Silva *et al.*, 2013) mostró cantidades de Hg por debajo del límite de detección en la zona interior. Se esperaría que los mecanismos de exposición a Hg debido a prácticas cotidianas fuesen muy similares para el caso de *La Reina Roja* y sus acompañantes.

Como se sabe los restos de *La Reina Roja* y sus acompañantes fueron encontrados dentro de las cámaras funerarias en el *Templo XIII* (González Cruz *et al.*, 1995). Sin embargo, los restos de *La Reina Roja* se encontraba depositada en un sarcófago, en tanto que los de sus acompañantes localizados sobre el piso en posición extendida: la mujer entre el muro este y el sarcófago y el niño entre el muro oeste y el sarcófago (González Cruz *et al.*, 1995; 2011). Así pues, se propone que el hecho de estar dentro de un sarcófago y con aplicaciones de cinabrio en grandes cantidades contribuyó a la protección de *La Reina Roja* frente a condiciones diagenéticas prevalentes en tiempos prehispánicos y/o recientes. Del mismo modo, la ausencia de dicha protección física en los restos pertenecientes a los acompañantes de *La Reina Roja* conllevó a transformaciones estructurales a nivel óseo. Más aún, el componente mineral de los restos pertenecientes a ambos

acompañantes mostró un contenido de Hg muy similar, por lo que se propone que tras estar expuestos a Hg ambiental su inmovilización alcanzo niveles máximos.

La Reina Roja y sus acompañantes mostraron evidencia de material orgánico en excelente estado de preservación. Por un lado, fibrillas de colágeno en el primer caso; en el segundo caso odontoblastos y fibrillas nerviosas. Los restos antiguos conteniendo Hg presentaron una excelente preservación de material orgánico. La discrepancia entre las cantidades de Hg a nivel óseo para *La Reina Roja* y sus acompañantes se explicó debido a procedencias distintas. Por otra parte, el fechamiento de los restos mostró distintas temporalidades para los acompañantes de *La Reina Roja* y *La Reina Roja*. Estos resultados mostraron que las condiciones diagenéticas prevalentes no afectaron en mayor medida la preservación de material orgánico en restos conteniendo Hg. Asimismo, los resultados confirmaron que la preservación de material orgánico no presentó una relación con la incorporación de Hg en los restos por intercambio catiónico con Ca.

Los resultados reportados en este estudio mostraron que la acumulación de Hg en restos humanos antiguos permite la preservación de material orgánico y, consecuentemente, la recuperación de material genético de buena calidad. Finalmente, la presencia de materia orgánica en estado de excelente preservación jugo un papel importante en la asimilación de Hg ambiental, como se muestra en el caso de distintas microrregiones del molar de la mujer acompañante de *La Reina Roja*.

8.2 Estudio de Linaje materno y Diversidad Genética Mitocondrial de las poblaciones Mayas Prehispánicas de los sitios arqueológicos de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo

El DNA mitocondrial se ha utilizado para elucidar la historia evolutiva materna de los seres humanos. Esto debido principalmente a las características que posee el genoma mitocondrial como lo es: un alto número de copias, es de herencia materna y posee una alta tasa mutacional.

El linaje materno de las poblaciones Mayas contemporáneas de México ha mostrado mayor frecuencia para haplogrupo A. Torroni *et al.*, 1993 reportó para

población contemporánea de Yucatán frecuencias más altas para haplogrupo A con 51.9%, seguida de B 22.2%, de C 14.8% y de D 7.4%; Sandoval *et al.*, 2009 reportó para Yucatán y Campeche un 61.5% de A, 17.3% de B, 15.3% de C y 5.7% de D; el estudio de González-Martín *et al.*, 2015 mostró las más altas frecuencias para haplogrupo A para las poblaciones de Quintana Roo, Yucatán, Campeche y Tzotzil Chiapas, mientras que la población de Tojolabal Chiapas mostró las más altas frecuencias para haplogrupo B. Por otro lado, las poblaciones Mayas contemporáneas de Guatemala de igual forma mostraron las más altas frecuencias para haplogrupo A con 75%, seguida de B de 14% y C de 10%, y no se mostró presencia de haplogrupo D (Söchtig *et al.*, 2015).

En nuestro estudio el linaje materno para las poblaciones antiguas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo mostró frecuencias de haplogrupos de 50% A y 50% C, respectivamente, y se mostró ausencia de los haplogrupos B y D; estos resultados concuerdan con los reportados en poblaciones Mayas antiguas de Xcaret Quintana Roo de México donde se mostró las más altas frecuencias de haplogrupo A con 84%, seguido del 4% de B y 8% para haplogrupo C (González Olivier *et al.*, 2001), sin embargo, otros estudios en las poblaciones Mayas antiguas de Tipu Belice han mostrado las más altas frecuencias para haplogrupo C con un 64% y un 28% de haplogrupo D (Elwess N.L. *et al.*, 2015), así también en las poblaciones Mayas antiguas de Copan Honduras las frecuencias más altas fueron para haplogrupo C con 89%, seguido de D con 11%. Los autores sugieren que las discrepancias en las frecuencias entre los Mayas antiguos y contemporáneos pueden deberse al número pequeño de individuos estudiados de la población antigua o a la mezcla de la población contemporánea con grupos nativos no Mayas de los alrededores. Aunque, estos también difieren en sus frecuencias, lo que pueden estar reflejando que las dos poblaciones representan diferentes grupos lingüísticos Mayas, indicando el nivel de variación dentro de la cultura Maya. Sin embargo, nuestros resultados nos permiten sugerir que nuestras poblaciones Mayas antiguas han preservado en el tiempo los polimorfismos específicos para haplogrupo A y C, aun cuando se mostró ausencia de haplogrupos B y D.

El análisis de las frecuencias de haplogrupo B ha sido detectado en el mtDNA de restos antiguos exhumados hace 2000 en el Noreste de Mongolia (Keyser-Tracqui *et al.*, 2003); así también las más altas frecuencias del haplogrupo B en poblaciones contemporáneas ha sido muy común en poblaciones del Suroeste de USA (Kemp y Schurr, 2010). Se ha observado que el haplogrupo B ha sido menos común en las poblaciones de Mesoamérica, donde predomina el haplogrupo A (Kemp *et al.*, 2010). Sin embargo, los Nahua-Atocpan y Nahua de Necoxtla, poblaciones de Mesoamérica, exhibieron más alta frecuencia de haplogrupo B (Kemp *et al.*, 2010; Sandoval *et al.*, 2009); la población Maya de Chiapas Tojolabal mostró más alta frecuencia de haplogrupo B (González-Martin *et al.*, 2015), así también en restos antiguos de Quiché, localizados en la provincia de Santa Cruz de Quiché, reveló la presencia de 16 diferentes haplotipos con mayor frecuencia de haplogrupo B (Boles *et al.*, 1995).

En este estudio fue necesario incrementar el número de muestras prehispánicas de estos sitios arqueológicos para corroborar la presencia o ausencia de los haplogrupos B y D. Nuestro grupo de trabajo obtuvo 29 secuencias más conformando un total de 39 secuencias antiguas de diferentes poblaciones Mayas, donde las poblaciones estudiadas fueron: Xcambo, Bonampak (Grupo Frey y Grupo Quemado), Palenque (Temple XIII, Temple XV, Grupo B), Rey Quintana Roo, y Comalcalco (Temple V, Temple III, El Comal, áreas de trabajo), Dren, Peje Lagarto Pinos, Sueños de Oro, Calicanto. Las 39 muestras prehispánicas Mayas mostraron frecuencias de haplogrupos de DNA mitocondrial de 61.53% para A, 30.77% de C y 7.69% de D, como se observa al aumentar el número de muestras prehispánicas se mostró la presencia de haplogrupo D en las poblaciones prehispánicas Maya bajo estudio, sin embargo no se observó la presencia de haplogrupo B en estas poblaciones, debido a que posiblemente éste, se encuentre en muy baja frecuencia; otros estudios de (González Olivier *et al.*, 2001) reportan un 4% de haplogrupo B para poblaciones Mayas antiguas de Xcaret Quintana Roo, mientras que en poblaciones Mayas antiguas de Tipu Belice reportan un 8% de haplogrupo B (Elwess N.L. *et al.*, 2015), las frecuencias de haplogrupo B reportado en estas poblaciones antiguas nos permite sugerir que hubo una posible expansión tardía de

la población, debido a que en la actualidad las poblaciones contemporáneas de Tojolabal Chiapas han mostrado las más altas frecuencias para haplogrupo B con 58.1%. Estos estudios nos permiten sugerir las posibles migraciones de América del Norte al Sur o entre las mismas poblaciones Mayas antiguas, esto pudo ser debido principalmente al efecto de la deriva génica provocado por distintos factores posiblemente como: intercambio o comercialización, política, guerras, entre otros. Las poblaciones de Embera/Wounan de Panamá han mostrado alta frecuencia para haplogrupo B y presencia de A, C y D (Kolman y Bermingham, 1997). Individuos del este de Perú Moxos mostraron frecuencias de haplogrupos de A con 18.5%, B 24.1%, C 50.0% y D 5.6%. Otros estudios han mostrado ausencia o baja frecuencia del haplogrupo B en la Patagonia, y en poblaciones de Colombia (Kogui 0%, Arhuaco and Chimila 4.8%, Arsario 12.5% and Wayuu 17.6%; Yunis and Yunis, 2013), la ausencia de haplogrupo B en las poblaciones prehispánicas Maya y la baja frecuencia en las poblaciones contemporáneas Maya, así como la ausencia o baja frecuencia en Colombia puede sugerir que la entrada del haplogrupo B en América ocurrió de manera independiente de los haplogrupos (A, C y D) durante procesos de migración tardía como se ha sugerido previamente (Torrioni *et al.*, 1993b, Starikovskaya *et al.*, 1998; Lalueza *et al.*, 1997). Es posible que los antiguos Maya no tenían la presencia de haplogrupo B o probablemente se perdió a través de la deriva génica, como lo propuso Lalueza *et al.*, 1997 y García-Bour *et al.*, 2004. Por otro lado, la baja frecuencia del haplogrupo D en las poblaciones antiguas de este estudio lo sugiere como un posible ancestro común. Bandelt *et al.*, (2003) señala la presencia de más de un haplogrupo americano fundador nativo. La variación actual de haplogrupos C y D sugiere que estos clados de mtDNA se ampliaron antes del último máximo glacial (UMG), siendo los linajes más antiguos en el este de Asia (Derenko *et al.*, 2010). El haplogrupo D1 se encuentra en alta frecuencia en toda América (Kumar *et al.*, 2011). El haplogrupo D con una frecuencia muy baja tiene una estimación global de tiempo de coalescencia de 35-37 kya, dependiendo de la tasa de mutación utilizado (Derenko, *et al.*, 2010).

En este estudio de DNA mitocondrial antiguo de las 39 secuencias de poblaciones Mayas Prehispánicas, se muestra la variabilidad de subhaplogrupos tales como: A2,

A2v, C1, C1b y D, en la actualidad se ha demostrado mayor variabilidad de subhaplogrupos en poblaciones Mayas contemporáneas de México tal como A2, B2, B4b1, C1, D1 y D4h3a, y se ha observado que la presencia de estas variantes marca una posible ruta de expansión desde el Norte de América (González-Martin *et al.*, 2015).

Una red haplotípica traza las relaciones evolutivas entre los haplotipos de las poblaciones, nosotros nos enfocamos en conocer las relaciones haplotípicas de nuestras secuencias prehispánicas Mayas con las contemporáneas Maya y secuencias de Asia, Bering, Norte América, Central y Sur. Primero analizamos las relaciones haplotípicas de las 5 secuencias prehispánicas que presentan Haplogrupo A. En la red haplotípica observamos como nodo central al haplotipo 3 donde se agruparon una secuencia prehispánica de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E23-1) con las secuencias de los individuos contemporáneos de Asia, Siberia, Islas Aleutianas, Dogrib, Canadá, Nativos de México (Cora, Purépecha, Mixteco, Zapoteco y Nahuatl), Mayas de México y Guatemala, América Central y Sudamérica, lo que sugiere que estos individuos tienen un ancestro común. La secuencia antigua de *Palenque* Chiapas (MXCHPALENQUE TXIII_E3) mostró haplotipo 2 agrupando con secuencias contemporáneas de Nahuatl de Xochimilco y Mayas Tzotzil de Chiapas esto nos permitió sugerir una posible continuidad genética del Niño acompañante de *La Reina Roja* de *Palenque* en Chiapas en las poblaciones contemporáneas Mayas Tzotzil de Chiapas y con los Nahuatl de Xochimilco indicando flujo de genes a través de las poblaciones en el pasado. Estudios de Stone y Stoneking, 1998; Carlyle *et al.*, 2000, reportan que algunas poblaciones nativas americanas de América del Norte muestran continuidad genética a través del tiempo, debido a los movimientos de las poblaciones antiguas, expansión de la población o deriva genética, mientras que otras poblaciones nativas americanas no lo hacen (Kaestle Smith *et al.*, 2001; Schultz *et al.*, 2001). Otra secuencia antigua de este estudio de *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T5GB) mostró haplotipo 1 el cual no se agrupa con ninguna secuencia contemporánea, esto es debido probablemente a la baja frecuencia de este haplotipo en las poblaciones contemporáneas Nativo

Americanas, a que estas secuencias son raras, o a que se perdieron en las poblaciones contemporáneas durante el transcurso del tiempo. El haplogrupo A2 de las poblaciones prehispánicas se contempla como indicativo de ancestro común de las poblaciones de Asia y la migración a través del Estrecho de Bering, Canadá, EUA, a través de México y la región Maya, y de allí a América del Sur. El haplogrupo fundador A2 se encontró en individuos de este estudio y se ha informado que tienen una edad de coalescencia de 19.5 ± 1.3 kya / 16.1 ± 1.5 kya calculada según Kumar *et al.*, (2011) utilizando las tasas de mutación de Mishmar *et al.* (2002) y Soares *et al.*, (2009). Un estudio reciente por Raghavan *et al.*, (2015) quien utilizó datos antiguos y modernos de todo el genoma, reveló que los antepasados de los nativos americanos, incluyendo Athabascans y Amerindios, entraron en las Américas como una sola ola de migración desde Siberia no antes de hace 23 mil años (ka). Los antiguos americanos mostraron diversificación en dos ramas genéticas basales alrededor de 13 ka uno se dispersó a través de América del Norte y del Sur, y el otro se limitó a América del Norte.

En un segundo estudio se incluyeron 22 secuencias de poblaciones Mayas prehispánicas con haplogrupo A: (Xcambo, Bonampak [Grupo Frey y Grupo Quemado], *Palenque* [Temple XIII, Temple XV, Grupo B], *El Rey* Quintana Roo, y Comalcalco [Temple V, Temple III, El Comal, Áreas de trabajo], Dren, Peje Lagarto Pinos, Sueños de Oro, Calicanto) y Maya contemporáneas, Asia, Beringia, Norte de América, Central y Sur, se mostró como nodo central el linaje en el haplotipo H3 que agrupó las secuencias prehispánicas de Xcambo (E9b), *El Rey* Quintana Roo (MXQRELREY_E23), Bonampak (E1GF, E2GF, E3GF, E4GF, E3GQ) y *Palenque* (T3PGTXV) de este estudio y los individuos contemporáneos de Asia, Siberia, Islas Aleutianas, Dogrib, Canadá, Nativo Americano de México (Ojinaga, Cora, Purépecha, Mixe, Zapoteca, Nahuatl), Maya de México y Guatemala, América Central y del Sur. Observamos que la secuencia *El Rey* Quintana Roo (MXQRELREY_E23) se agrupó nuevamente en haplotipo 3, este resultado sugiere que estos individuos incluyendo el perteneciente a la población prehispánica tienen un ancestro común que migró de Asia a través del Estrecho de Bering, Canadá, EUA, a través de México y la región Maya, y hacia América del Sur. El Haplotipo 65

agrupó los dos individuos de *Palenque* Templo XIII (E2 y E3). Los haplotipos mitocondriales restantes de *Palenque* (T5B), Comalcalco (T5EB, T3E7, T3AE), El Comal (E2P6), Calicanto (E3VIP), y *El Rey* (E27, E8) no se agruparon con ninguna de las secuencias contemporáneas incluidas en este estudio. Esto se debe probablemente a una baja frecuencia de estos haplotipos que podrían no haberse incluido en las poblaciones de nativos americanos contemporáneos.

Así también analizamos las relaciones haplotípicas de las secuencias que presentan Haplogrupo C. En la red haplotípica como nodo central el haplotipo 1 donde se agrupó una secuencia prehispánica de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E9) con las secuencias de los individuos contemporáneos de Siberia, Canadá, Hispanos de USA, Mexicanos Nativos (Cora, Tarahumara, Pima, Purépecha, Mixteco y Nahuatl), los Mayas de México y Guatemala, América Central y Sudamérica, lo que sugiere que estos tienen un ancestro común. El haplogrupo C1 mostró tiempos coalescencia de 21.4 ± 2.7 kya / 16.4 ± 1.5 calculado por Kumar *et al.*, (2011) de acuerdo con las tasas de mutación de Mishmar *et al.*, (2002) y Soares *et al.*, (2009). Los haplotipos 2, 3, 4 y 5 que comprenden las secuencias prehispánicas de *El Rey* en Quintana Roo (MXQRELREY_E23-3) y *Palenque* en Chiapas (MXCHPALENQUE_T1GB) respectivamente, no se agruparon con ninguna de las secuencias contemporáneas, estos haplotipos son raros o bien no son presentes en las poblaciones contemporáneas.

En este estudio mediante un Análisis de Varianza Molecular se mostró que la mayor parte de la variación HVS-I en las poblaciones Mayas Prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo se encuentra dentro de las poblaciones con un 88.3% de la variación. El índice de fijación F_{ST} que da cuenta de la variación dentro de las poblaciones es 0.1170 y es estadísticamente significativa ($P < 0.00000$). Un estudio de la estructura de las poblaciones Mayas de 12 sitios arqueológicos en México, Guatemala, Belice y Honduras del periodo Clásico, a través de análisis de la variación de odontométrica 827 esqueletos, indicó que el aislamiento por distancia no describe la estructura de la población, ellos reportaron valores de F_{ST} totales de 0.018 lo cual indicó poca variación entre los grupos para los Mayas del periodo Clásico (Scherer A.K *et al.*, 2007). Sin embargo, un estudio

de empleando STR autosomales de 4 poblaciones Maya: 2 de Guatemala (*Kiche* y *Kakchikel*) y dos de mexicanos (Campeche y Yucatán), sugiere que, aunque existían barreras geográficas y políticas entre las comunidades Mayas, ocurrió intercambio genético entre los diferentes grupos Mayas, además en este estudio se determinó si las similitudes entre las comunidades Mayas reflejan afinidades genéticas o son simplemente un reflejo de su cultura, observando que los Mayas emergen como un grupo dentro de Mesoamérica, indicando que son más similares entre sí, que a otros grupos Mesoamericanos (Ibarra-Rivera L. *et al.*, 2008). Así también se ha estudiado las relaciones genéticas y estructura de la población entre tres grupos nativos mexicanos de Mesoamérica: Mayas, Purépechas y Triquis, donde se mostró que los Mayas y Huastecos no se diferenciaron esto concordó con la hipótesis arqueológica de que los huastecos representan un grupo Maya antiguo, mientras que los *Triquis* y *Purépechas* si se diferenciaron lo cual fue atribuible a su aislamiento geográfico y cultural (Martínez-Cortés G. *et al.*, 2010).

En nuestro estudio, nosotros determinamos que tan cercas o alejadas se encuentran las poblaciones Mayas prehispánicas mexicanas y Mayas contemporáneas, y otras de Asia, Beringia, América del Norte, América Central y América del Sur a través de sus distancias genéticas, mediante un análisis de Escalamiento Multidimensional. Observamos distancias genéticas muy cortas entre la población prehispánica de *Palenque* y las poblaciones de: Nahuatl de Zitlala, Ciboney de Cuba en el Caribe, Chukchi y Esquimo de Beringia y Asiaticos de Norte de Asia, mientras que la población prehispánica de *El Rey* mostró distancias más cortas con las poblaciones contemporáneas de Mayas de Campeche, Uruguayos de Uruguay, Dogrib de Canadá y Dominicanos de República Dominicana. Estas distancias cortas se pueden explicar por la presencia y distribución de los haplogrupos A y C en las poblaciones contemporáneas. En un análisis más global observamos que las poblaciones Mayas Contemporáneas y las poblaciones de América del Norte, Central y Sur muestran distancias genéticas muy cortas entre ellas, lo que indica una relación más estrecha. Torroni *et al.*, (1992) reportó que la divergencia genética entre Mayas de Yucatán y Naden es muy reducida, así también

observaron que el haplogrupo A ambas poblaciones mantienen distancias genéticas muy cortas. Por otro lado, se ha reportado que los haplotipos de mtDNA de haplogrupo A, se han observado en el este de Asia en Chinos Han y Koreanos (Ballinger *et al.*, 1992). Por otro lado, se mostró que las poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas indican distancias muy largas o se están muy aisladas de las poblaciones contemporáneas. Esto se debe probablemente a las diferencias en la composición de haplogrupo y tamaños de muestra más pequeños, indicativos de las nuevas migraciones en las poblaciones contemporáneas de acuerdo con la historia de las poblaciones Mayas que sufrieron diversas invasiones de otras poblaciones como los Nahuatl de afiliación uto-azteca, además de las migraciones contemporáneas.

Los valores de diversidad obtenidos fueron similares en todas las poblaciones. F_s de F_{st} fue negativo para la mayoría de las poblaciones. Estos resultados sugieren alelos raros presentes en las bajas frecuencias o expansión de la población, después de un cuello de botella reciente.

La población prehispánica Maya *El Rey* en Quintana Roo mostró valores de $\theta\pi$ (6.5) y θ_s (6), el valor de Tajima D (0.83741), sin embargo, podemos sugerir una posible migración subsecuente debido al valor negativo de F_{st} (F_s (-0.18671)); mientras que la población contemporánea Maya de Quintana Roo posee valores muy diferentes de $\theta\pi$ (5.456259) y θ_s (8.409888) y los valores negativos altos de Tajima D (-1.18433) y F_{st} (F_s (-8.05917) indicando una expansión de la población muy reciente. La población prehispánica Maya de *Palenque* en Chiapas mostró valores de $\theta\pi$ (7.8) y θ_s (7.01) el valor de Tajima D (0.69961), indicando expansión de la población debido al valor negativo alto de F_{st} (F_s (-1.3539); sin embargo, la población contemporánea Maya de Chiapas posee valores muy similares de $\theta\pi$ (6.068664) y θ_s (6.704184), mostrando valores negativos altos de Tajima D (-0.29554) y F_{st} (F_s (-3.35954) indicando expansión de la población. Los valores de diversidad obtenidos fueron similares en todas las poblaciones y F_s de F_{st} fueron negativos para la mayoría de las poblaciones. Estos resultados sugieren alelos raros presentes en las bajas frecuencias o expansión de la población, después de un cuello de botella reciente. Este estudio también demostró que los Mayas

Prehispánicos y Contemporáneos comparten ascendencia con los actuales asiáticos orientales incluyendo siberianos.

8.3 Estudio de la susceptibilidad de SNPs mitocondriales asociados a Diabetes Mellitus Tipo 2 en muestras de poblaciones Prehispánicas Mayas mexicanas

La diabetes es una de las mayores emergencias de salud a nivel mundial del siglo 21. En el Atlas de la Diabetes, Federación Internacional de Diabetes (IDF por sus siglas en inglés) han reportado para el 2015 que 415 millones de personas en el mundo tienen Diabetes y estiman que para el año 2040 aumentará a 642 millones de personas con esta enfermedad.

En México en 2015 se han reportado 11.5 millones de personas con Diabetes Tipo 2, con una proyección para el 2040 de 20.6 millones (Atlas de la Diabetes de la FID 7ª Edición, 2015).

La prevalencia de la Diabetes Tipo 2 en poblaciones mestizas contemporáneas mexicanas es muy alta del 12.3%, y en la actualidad se conocen algunos SNP's asociados a esta enfermedad en estas poblaciones.

Las poblaciones indígenas Maya han mostrado prevalencia de Diabetes de 11.7 % las cuales son muy similares a poblaciones mestizas (el origen de las poblaciones mestizas mexicanas es amerindia, europea y africana), por lo que en este estudio nos enfocamos en el estudio de conocer si existe la presencia de SNP's mitocondriales asociados a Diabetes Tipo 2 en las poblaciones prehispánicas Mayas mexicanas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo.

Los resultados nos mostraron que los 10 individuos prehispánicos de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo no tienen en su genoma mitocondrial los SNPs A3243G y T16189C que se han asociado con la DMT2 en poblaciones contemporáneas. Será necesario incrementar en el futuro el número de muestras para confirmar estos resultados.

IX. CONCLUSIÓN

1. La composición química y la morfología de las diferentes estructuras biológicas definidas mediante de MEBAR y EDS en los restos de los acompañantes de *La Reina Roja* dio pauta a la presencia de material genético para poder llevar a cabo los análisis de genética poblacional.
2. Los acompañantes de *La Reina Roja*, en términos de composición química mostraron altos contenido de Hg^{2+} sin S, lo cual sugiere que dichos acompañantes no fueron tratados con cinabrio (HgS) como en el caso de *La Reina Roja*, y ellos adquirieron el Hg^{2+} durante su vida probablemente debido a la contaminación de alimentos, agua contaminada y otros factores ambientales.
3. La preservación del DNA en los restos antiguos de los acompañantes de *La Reina Roja* se confirmó con los resultados obtenidos de la secuenciación de estas muestras.
4. Las 10 muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo mostraron frecuencias de haplogrupos de mtDNA de 10% para A, 40% A2 y 50% C1, y ausencia de haplogrupos B y D. Cuando se incrementó el número de muestras observamos también la presencia del haplogrupo D, aunque en bajas frecuencias (Ochoa-Lugo *et al.*, 2016).
5. El agrupamiento de haplotipos indicó que las muestras prehispánicas para haplogrupo A (MXQRELREY_E23-1, MXCHPALENQUE_TXIII E2 y MXCHPALENQUE_TXIII E3), y para el haplogrupo C (MXQRELREY_E9), y para algunos individuos contemporáneos tienen un ancestro común. Secuencias de los prehispánicos Mayas para haplogrupo A (MXQRELREY_E8 y MXCHPALENQUE_E5GB; y para el haplogrupo C (MXQRELREL_E23-3, MXCHPALENQUE_E4GB y MXCHPALENQUE_E3GB) mostraron haplotipos específicos ausentes en las poblaciones contemporáneas sugiriendo que estos haplotipos están ausentes o son raros en las poblaciones actuales.

6. El análisis de Escalamiento Multidimensional mostró distancias genéticas muy cortas entre la población prehispánica de *Palenque* y las poblaciones de: Nahuatl de Zitlala, Ciboney de Cuba en el Caribe, Chukchi y Esquimo de Beringia y Asiáticos de Norte de Asia, mientras que la población prehispánica de *El Rey* mostró distancias más cortas con las poblaciones contemporáneas de Mayas de Campeche, Uruguayos de Uruguay, Dogrib de Canadá y Dominicanos de la República Dominicana. El análisis de Escalamiento Multidimensional dividiendo las poblaciones en 7 grupos, mostraron que las poblaciones Mayas contemporáneas de América del Norte, Central y el Sur mantienen distancias cortas entre ellas, mientras que las poblaciones prehispánicas Maya Mexicanas muestran distancias muy grandes con otras poblaciones contemporáneas, lo cual puede deberse a las diferencias en las frecuencias de los haplogrupos en los diferentes grupos. Esto considerando que las poblaciones contemporáneas están más mezcladas debido a las migraciones, cuellos de botella, y/o deriva génica.
7. Los Mayas prehispánicos de *Palenque* en Chiapas mostró una diversidad nucleotídica más alta y valores negativos de F_{st} , lo cual nos permite sugerir expansión de la población.
8. Los Análisis de Varianza Molecular reveló que el 88.3% de la variación genética se encuentra dentro de las poblaciones.
9. Ninguna de las secuencias de las muestras prehispánicas de *Palenque* en Chiapas y *El Rey* en Quintana Roo mostró los SNPs probados en este trabajo del mtDNA asociados con Diabetes Mellitus Tipo 2.

X. PERSPECTIVAS

1. Realizar un análisis más detallado de los SNPs mitocondriales asociadas con la Diabetes Tipo 2 en secuencias del genoma mitocondrial, de todas las poblaciones Mayas Prehispánicas y Contemporáneos de México.
2. Realizar un análisis químico y morfológico, de gobernantes y gente común de las poblaciones Prehispánicas Mayas.
3. Realizar un análisis de linaje materno comparativo y la diversidad genética mitocondrial en las poblaciones Mayas prehispánica de las diferentes regiones que muestran características de rituales mortuorios en presencia de cinabrio.

XI. BIBLIOGRAFÍA

Achilli A., Olivieri A., Pala M., Kashani H., Carossa V., Perego U.A., Gandini F., Santoro A., Battaglia V., Grugni V., Lancioni H., Sirolla C., Bonfigli A.R., Cormio A., Boemi M., Testa L., Semino O., Ceriello A., Spazzafumo L., Gadaleta M.N., Marra M., Testa R., Franceschi C., Torroni A., 2011. Mitochondrial DNA Backgrounds Might Modulate Diabetes Complications Rather than T2DM as a Whole, Vol. 6, 1-12.

Achilli A., Perego U.A., Bravi C.M., 2008. The phylogeny of the four pan-American MtDNA haplogroups: implications for evolutionary and disease studies. *PLoS One*. 3(3):e1764.

Adler C.J., Haak W., Donlon D., Cooper A., 2011. The Genographic Consortium. Survival and recovery of DNA from ancient teeth and bones. *J Archaeol Sci*. 38(5):956–964.

Anderson S., Bankier A.T., Barrell B.G., de Bruijn M.H.L., Coulson A.R., Drouin J., Eperon I.C., Nierlich D.P., Roe B.A., Sanger F., Schreier P.H., Smith A.J.H., Staden R. y Young I.G., 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome, *Nature*, Vol. 290, 457-465.

Andrews R.M., I. Kubacka, P.F. Chinnery, et al. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet*. 23(2):147.

Andrews RM, 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA *Nat Genet*, Vol. 23:147.

Arellano-Jiménez M., García-García R., Reyes-Gasga J., 2009. Synthesis and hydrolysis of octacalcium phosphate and its characterization by electron microscopy and x-ray diffraction. *J. Phys. and Chem. of Solids*. 70, 390-5.

Ávila A., Mansilla J., Bosch P., Pijoan C., 2014. Cinnabar in Mesoamerica: poisoning or mortuary ritual? *J. Archaeol. Sci*. 49, 48-56.

Ballingers W., Schurra T.G., Torrony I., Gan Y., Hodge J.A., Hassan K., Chen K.H., y Wallace D.C., 1992. Southeast Asian mitochondrial DNA analysis reveals genetic continuity of ancient mongoloid migrations, *Genetics* 130, 139-152.

Bandelt H. J., Forster P. y Róhl A., 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* Vol.16, 37-48.

Bandelt H.J., Herrnstadt C., Yao Y.G., 2003. Identification of Native American founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences: some caveats. *Ann Hum Genet* 67: 512-524.

Benazzi S, Peresani M., Talamo S., Fu Q., Mannino M.A., Richards M.P., Hublin J.J., 2014. A reassessment of the presumed Neandertal remains from San Bernardino Cave, Italy, *Journal of Human Evolution* Vol.66, 89-94.

Berkovitz B.K.B., Robinson S., Moxham B.J., Patel D., 1992. Ultrastructural quantification of collagen fibrils in the central region of the articular disc of the temporomandibular joint of the cat and the guinea pig. *Arch oral Biol.* 31, 6, 479-481.

Bert F., Corella A., Gene M., 2004. Mitochondrial DNA diversity in the Llanos de Moxos: Moxo, Movima and Yuracare Amerindian populations from Bolivia lowlands. *Ann Hum Biol.* 31(1):9-28.

Boles T.C., Snow C.C., Stover E., 1995. Forensic DNA testing on skeletal remains from mass graves: a pilot project in Guatemala. *J Forensic Sci.* 40(3):349–55.

Bolnick DA, Smith D.G., 2003. Unexpected patterns of mitochondrial DNA variation among Native Americans from the southeastern United States. *Am J Phys Anthropol.* 122(4):336-54.

Campbell L. y Kaufman T., 1985. Mayan linguistics: where are we now? *Annual Review of Anthropology* 14: 187-98.

Campos P.F., Craig O.E., Turner-Walker G., 2012. DNA in ancient bone - where is it located and how should we extract it? *Ann Anat.* 194(1):7-16.

Carda C., Peydró A., 2006. Ultrastructural patterns of human dentinal tubules, odontoblasts processes and nerve fibres. *Tissue and Cell.* 38, 141-150.

Cervini Silva J., Palacios E., Muñoz M.D.L, Paz D.A., Ascención Montoya J., Ramos E., López F. y Romano Pacheco A., 2013. Cinnabar-Preserved Bone Structures from Primary Osteogenesis and Fungal Signatures in Ancient Human Remains, *Geomicrobiology Journal* Vol.30: 566-577.

Cooke C.A., Hintelmann H., Ague J.J., Burger R., Biester H., Sachs J.P., Engstrom D.R., 2013. Use and Legacy of Mercury in the Andes. *Environ. Sci. Technol.* 47, 4181-4188.

Crawford M.H., Beaty K.G., 2013. DNA fingerprinting in anthropological genetics: past, present, future. *Investig Genet.* 18;4 (1):23.

Crawford M.H., Rubicz R.C., Zlojutro M., 2010. Origins of Aleuts and the genetic structure of populations of the archipelago: molecular and archaeological perspectives. *Hum Biol.* 82(5-6):695-717.

Da Fonseca R.R., Smith B.D., Wales N., 2015. The origin and evolution of maize in the Southwestern United States. *Nature Plants.* Article number: 15007.

Das S., Bennett A.J., Sovio U., Ruukonen A., Martikainen H., Pouta A., Hartikainen A.L., Franks S., Elliott P., Poulton J., Jarvelin M.R. y McCarthy M.I., 2007. Detailed Analysis of Variation at and around Mitochondrial Position 16189 in a Large Finnish Cohort Reveals No Significant Associations with Early Growth or Metabolic Phenotypes at Age 31 Years. *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism* Vol. 92(8): 3219-3223.

De la Garza M., 1992. Los Mayas, 3000 Años de civilización. Bonechi. Monclém. Italia. pp 3-8.

Delgado-Sánchez R., Zárate-Moysen A., Monsalvo-Reyes A., 2007. Mitochondrial encephalomyopathy, lactic acidosis and stroke-like episodes (MELAS) with the A3243G mutation of the tRNA^{Leu}(UUR) gene of mtDNA in native American haplogroup B2. *Rev Neurol.* 44(1):18-22.

DeNiro M.J., 1985. Post-mortem preservation and alteration of in vivo bone collagen isotope ratios in relation to paleodietary reconstruction. *Nature* 317, 806-809.

Derenko M., Malyarchuk B., Grzybowski T., 2010. Origin and post-glacial dispersal of mitochondrial DNA haplogroups C and D in northern Asia. *PLoS One.* 5(12):e15214.

Doran G.H., Dickel D.N., Ballinger W.E., Agee O.F., Laipis P.J. y Hauswirth W.W., 1986. Anatomical, cellular and molecular analysis of 8,000-yr-old human brain tissue from the Windover archaeological site, *Nature* Vol.323, 803-806.

Driessens F.C.M., Verbeeck R.M.H., 1990. Biominerals. CRC Press, Boca Raton. 163-178.

Egan C.A., Bishop M.A., Hector M.P., 1996. An immunohistochemical study of the pulpal nerve supply in primary human teeth: evidence for the innervation of deciduous dentine. *J. Anat.* 188, 623-631.

Elwess N.L., Kopp M., Lavioe E., 2015. Analysis of Ancient Mitochondrial DNA within the Tipu Maya Collection. *The Internet Journal of Biological Anthropology.* 8 (1).

Excoffier L., Lischer H.E., 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour.* 10(3):564-567.

Fejerskov O., Guldager Bilde P., Bizzarro M., Connelly J.N., Skovhus-Thomsen J., Nyvad B., 2012. Dental Caries in Rome, 50–100 AD. *Caries Res.* 46, 467-473.

Forster P., Harding R., Torroni A., y Bandelt H.J., 1996. Origin and Evolution of Native American mtDNA Variation: A Reappraisal, *Am. J. Hum. Genet.* Vol.59:935-945.

Fuku N., Park K.S., Yamada Y., Nishigaki Y., Cho Y.M., Matsuo H., Segawa T., Watanabe S., Kato K., Yokoi K., Nozawa Y., Lee H.K. y Tanaka M., 2007. Mitochondrial Haplogroup N9a Confers Resistance against Type 2 Diabetes in Asians, *The American Journal of Human Genetics*, Vol. 80; 407-415.

Gabriel Ortiz G., Loera-Castañeda V., Sandoval-Ramírez L., Macías-Islas M.A., González-Enríquez G.V., Flores-Alvarado L.J., Velázquez-Brizuela I.E., de la Rosa A.C. y Pacheco-Moisés F.P., 2011. Mitochondrial DNA Haplogroups in Patients with Alzheimer Probable in Guadalajara, México, *Alzheimers Dis Res*,1:2.

García-Bour J., Pérez-Pérez A., Alvarez S., 2004. Early population differentiation in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia: ancient mtDNA sequences and Y-chromosome STR characterization. *Am J Phys Anthropol.* 123(4):361-70.

- Gazzola J., 2009.** Uso de cinabrio en la pintura mural de Teotihuacán. Arqueología, Dirección de Estudios Arqueológicos, INAH.
- Giraldo M.A., Chaudhari L.S., Schulz L.O., 2012.** Land-use and land-cover assessment for the study of lifestyle change in a rural Mexican community: The Maycoba Project, International Journal of Health Geographics, pp 11:27
- Gonzalez Oliver A., Acuña Alonso A.P., de la Cruz Laina I., Garfias Morales E., Aguirre Lara M.E., Glen Smith D. y Torre Blanco A., 2012.** Análisis genético de las poblaciones Mayas y lacandonas de las Tierras Bajas. IV Simposio Internacional, El hombre temprano en América, 1ra. Edición 2011, Editores José Concepción Jiménez López, Carlos Serrano Sánchez, Arturo González González, Felisa J. Aguilar Arellano, Instituto Nacional de Antropología e Historia, Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Investigaciones Antropológicas, Museo del Desierto, talleres de Solar Servicios Editoriales, S. A. de C. V, pp. 59-83.
- González-Cruz A., 1995.** El templo de la Reina Roja, Palenque, Chiapas. Arqueol Mex 5:61.
- González-Cruz A., 2011.** La Reina Roja: una tumba real en Palenque. ISBN 978-8- 4750-6973-9.
- González-Martín A., Gorostiza A., Regalado-Liu L., 2015.** Demographic History of Indigenous Populations in Mesoamerica Based on mtDNA Sequence Data. *PLoS ONE* 10(8): e0131791.
- González-Oliver A., Márquez-Morfín L., Jiménez J.C., 2001.** Founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in ancient Maya from Xcaret, Quintana Roo. *Am J Phys Anthropol.* 116(3):230-5.
- Guardado-Estrada M., Medina-Martínez I., Juárez-Torres E., Roman-Bassaure E., Macías L., Alfaro A., Alcántara-Vázquez A., Alonso P., Gomez G., Cruz-Talonia F., Serna L., Muñoz-Cortez S., Borges-Ibañez M., Espinosa A., Kofman S., y Berumen J., 2012.** The Amerindian mtDNA haplogroup B2 enhances the risk of HPV for cervical cancer: de-regulation of mitochondrial genes may be involved, *Journal of Human Genetics* 57, 269–276.

Guler C., Malkoc M.A., Gorgen V.A., Dilber E., Bulbul M., 2014. Effects of Er:YAG Laser on Mineral Content of Sound Dentin in Primary Teeth. *Sci. World J.* 1, 1-6.

Habelitz S., Balooch M., Marshall S.J., Balooch G., Marshall G.W., 2002. In situ atomic force microscopy of partially demineralized human dentin collagen fibrils. *J. Struct. Biol.* 138, 227-236.

Hall T.A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* Vol.41, 95-98.

Harris H.H., Vogt S., Eastgate H., Legnini D.G., Hornberger B., Cai Z., Lai B., Lay P.A., 2008. Migration of mercury from dental amalgam through human teeth. *J. Synchrotron Rad.* 15, 123-128.

Hedges R.E.M., Millard A.R., Pike A.W.G., 1995. Measurements and relationships of diagenetic alteration of bone from three archaeological sites, *J. Archaeol. Sci.* 22, 201-9.

Hillson S.W.E., 1992. Dental enamel growth perikymata and hypoplasia in ancient tooth crowns. *J. Royal Society of Med.* 85, 460-466.

Horai S. y Hayasaka K., 1990. Intraspecific Nucleotide Sequence Differences in the Major Noncoding Region of Human Mitochondrial DNA. *Am. J. Hum. Genet.* Vol.46: 828-842. <http://www.biomedcentral.com/1756-0500/7/223>emic stroke in Taiwan

Ibarra-Rivera L., Mirabal S., Regueiro M.M. y Herrera R.J., 2008. Delineating Genetic Relationships among the Maya, *American Journal of Physical Anthropology* 135:329-347.

Kemp B.M., A. González-Oliver, R.S. Malhi, 2010. Evaluating the Farming/Language Dispersal Hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 107(15):6759-64.

Kim J.H., Park K.S., Cho Y.M., Kang B.S., Kim S.K., Jeon H.J., Kim S.Y. y Lee H.K., 2002. The prevalence of the mitochondrial DNA 16189 variant in non-

diabetic Korean adults and its association with higher fasting glucose and body mass index, *Diabetes UK. Diabetic Medicine*, Vol.19, 000-000.

Kolman C. y Bermingham E., 1997. Mitochondrial and Nuclear DNA Diversity in the Choco and Chibcha Amerinds of Panama, *Genetics* Vol.147: 1289-1302.

Krings M., Stone A., Schmitz R.W., Krainitzki H., Stoneking M., y Pääbo S., 1997. Neandertal DNA Sequences and the Origin of Modern Humans, *Cell*, Vol. 90, 19-30.

Kumar S., Bellis C., Zlojutro M., Melton P.E., Blangero J. y Curran J.E., 2011. Large scale mitochondrial sequencing in Mexican Americans suggests a reappraisal of Native American origins, *BMC Evolutionary Biology*, Vol.11:293.

Lalueza C., Pérez-Pérez A., Prats E., 1997. Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia. *Hum Mol Genet.* 6(1):41-6.

Lalueza-Fox C., Gilbert M.T., Martínez-Fuentes A.J., 2003. Mitochondrial DNA from pre-Columbian Ciboneys from Cuba and the prehistoric colonization of the Caribbean. *Am J Phys Anthropol.* 121(2):97-108.

Law D., 2013. Mayan Historical Linguistics in a New Age. *Language and Linguistics Compass* 7/3: 141–156.

LeGeros R.Z., 1981. Apatites in biological systems. *Progress in Crystal Growth Characteristics.* 4, 1-45.

Librado P. and Rozas J., 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* Vol.25, 1451-1452.

Loo J.H., Trejaut J.A., Yen J.C., Chen Z.S., Ng W.M., Huang C.Y., Hsu K.N., Hung Q.H., Hsiao Y., Wei Y.H. y Lin M., 2014. Mitochondrial DNA association study of type 2 diabetes with or without isch Loo et al. *BMC Research Notes* 2014, 7:223.

López Jiménez F., González-Cruz A., 1995. El templo de la Reina Roja en Palenque, Chiapas. *Revista CIHMECH.* 5, 121-134.

Malhi R.S., Cybulski J.S., Tito R.Y., 2010. Brief communication: mitochondrial haplotype C4c confirmed as a founding genome in the Americas. *Am J Phys Anthropol.* 141(3):494-7.

Malik S., Sudoyo H., Pramoongjago P., Suryadi H., Sukarna T., Njunting M., Sahiratmadja E., Marzuki S., 2002. Nuclear mitochondrial interplay in the modulation of the homopolymeric tract length heteroplasmy in the control (D-loop) region of the mitochondrial DNA, *Hum Genet.*, Vol.110: 402-411.

Márquez M.L., 1991. La dieta Maya prehispánica en la costa yucateca. *Estudios de Cultura Maya*. UNAM. XVIII: 357-394.

Martínez-Cortés G., Nuño-Arana I., Rubi-Castellanos R., Vilchis-Dorantes G., Luna-Vázquez A., Coralva-Vázquez R.M., Canto-Cetina T., Salazar-Flores J., Muñoz-Valle J.F., Sandoval-Mendoza K., López Z., Gamero-Lucas J.J. y Rangel-Villalobos R., 2010. Origin and genetic differentiation of three Native Mexican groups (Purépechas, Triquis and Mayas): Contribution of CODIS-STRs to the history of human populations of Mesoamerica. *Annals of Human Biology*, 37(6): 801-819.

Mazzaccara C., Lafusco D., Liguori R., Ferrigno M., Galderisi A., Vitale D., Simonelli F., Landolfo P., Prisco F., Masullo M., Sacchetti L., 2012. Mitochondrial Diabetes in Children: Seek and You Will Find It. *Mitochondrial Diabetes in Children*, Vol. 7(4): 1-8.

Merriwether D.A., Hall W.W., Vahlne A., y Ferrell R.E., 1996. mtDNA Variation Indicates Mongolia May Have Been the Source for the Founding Population for the New World, *Am. J. Hum. Genet.*, Vol.59:204-212.

Mishmar D., Ruiz-Pesini E., Golik P., 2003. Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 100(1):171-6.

Mitomaster WebHome.

<http://www.mitomap.org/bin/view.pl/MITOMASTER/WebHome>.

Möller B., Granath L.E., 1973. Reaction of humandental pulp to silveramalgamrestorations. The effect of insertion of amalgam of high plasticity in deep cavities. *Acta Odontologica Scandinavica.* 31, 187-92.

Mountain J.L., Hebert J.M., Bhattacharyya S., Underhill P.A., Ottolenghi C., Gadgil M., Cavalli-Sforza L.L., 1995. Demographic History of India and mtDNA-Sequence Diversity. *Am. J. Hum. Genet.*, Vol. 56: 979-992.

Muñoz M.L., Gómez Ortega MdR., Pérez-Ramírez G., Díaz-Badillo A., Morales M.C. y Revilla M.C., 2012b. Propensión a la Diabetes en poblaciones prehispánicas contemporáneas de México, *Ciencia, Revista de la Academia Mexicana de Ciencias, Síndrome Metabólico*, Vol. 63(1), 26-35.

Muñoz M.L., Lopez-Armenta M., Moreno-Galeana M., 2012a. Extraction and electrophoresis of DNA from the remains of Mexican ancient populations. In: *Gel Electrophoresis - Part 2*", Sameh Magdeldin, ed. ISBN 979-953-307-276-9.

Muñoz M.L., Pérez-Ramírez G., Díaz-Badillo A., y Morales Gómez M.C., 2010. La Genética de Poblaciones Prehispánicas Mexicanas y su importancia, *Mensaje Bioquímico*, Vol. XXXIV, 31-42.

Naumann E., Krzewinska M., Götherström A., Eriksson G., 2014. Slaves as burial gifts in Viking Age Norway? Evidence from stable isotope and ancient DNA analyses. *J. Archaeol. Sci.* 41, 533-540.

Nei M., 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.

Nielsen-Marsh C.M., 2000. Patterns of Diagenesis in Bone I: The Effects of Site of Rollout Photographs of Maya Vases. 1, 128-145.

O’Rahilly S., 2009. Human genetics illuminates the paths to metabolic disease. *Nature*, Vol. 462, 307-314.

Ochoa-Lugo M.I., Muñoz M.L., Pérez-Ramírez G., Beaty K.G., Lopez-Armenta M., Cervini-Silva J., Moreno-Galeana M., Martínez-Meza A., Ramos E., Crawford M.H., Romano-Pacheco A., 2016. Genetic affiliation of pre-Hispanic and contemporary Mayas through maternal lineage. *Human Biology*, MS #2574, En Prensa.

Pääbo S. y Wilson A.C., 1988. Polymerase chain reaction reveals cloning artefacts, *Nature*, Vol. 334, 387-388.

Pääbo S., 1985. Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA, *Nature*, Vol. 314, 644-645.

Pääbo S., 1989. Ancient DNA: Extraction, characterization, molecular cloning and enzymatic amplification, *Proc. Natl. Acad. Sci.* Vol. 86, 1939-1943.

Pääbo S., Higuchii R.G., y Wilson A.C., 1989. Minireview. Ancient DNA and the Polymerase Chain Reaction, The Emerging Field of Molecular Archaeology, The Journal of Biological Chemistry, Vol. 264(17), 9709-9712.

Patonai Z., Maasz G., Avar P., Schmidt J., Lorand T., Bajnoczky I., Mark L., 2013. Novel dating method to distinguish between forensic and archeological human skeletal remains by bone mineralization indexes. *Int. J. Legal Med.* 127, 529-533.

Peñaloza-Espinosa R.I., Arenas-Aranda D., Cerda-Flores R.M., Buentello-Malo L., González-Valencia G., Torres J., Álvarez B., Mendoza I., Flores M., San-Doval L., Loeza F., Ramos I., Muñoz L., y Sala-Manca F., 2007. Characterization of mtDNA Haplogroups in 14 Mexican Indigenous Populations, *Human Biology*, Vol. 79(3):313-320.

Piperno D.R., Ranere A.J., Holst I., 2009. Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.P. maize from the Central Balsas River Valley, Mexico. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 106(13):5019-24.

Pohl M.E., Piperno D.R., Pope K.O., 2007. Microfossil evidence for pre-Columbian maize dispersals in the neotropics from San Andres, Tabasco, Mexico. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 104(16):6870-5.

Poulton J., Luan J., Macaulay V., Hennings S., Mitchell J. y Wareham N.J., 2002. Type 2 diabetes is associated with a common mitochondrial variant: evidence from a population-based case-control study. *Human Molecular Genetics*, VI. 11(13): 1581-1583.

Raghavan M., Steinrücken M., Harris K., 2015. Population genetics. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. *Science.* 349(6250):aab3884.

Rands R.L., 1974. Chronological Framework for Palenque. Primera Mesa Redonda de Palenque, Part. 1, Merle Greene Robertson editora, Robert L. Stevenson School Pebble Beach, California.

Ranere A.J., Piperno D.R., Holst I., 2009. The cultural and chronological context of early Holocene maize and squash domestication in the Central Balsas River Valley, Mexico. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 106(13):5014-8.

Reiche I., Vignaud C., Menu M., 2002. The crystallinity of ancient bone and dentin: new insights by transmission electron microscopy. *Archaeom.* 44, 3, 447-459.

Reyes-Gasga J., Martínez-Piñeiro E.L., Rodríguez-Álvarez G., Tiznado-Orozco G.E., García-García R., Brès E.F., 2013. XRD and FTIR crystallinity indices in sound human tooth enamel and synthetic hydroxyapatite. *Materials Sci. and Eng.* 33, 4568-4574.

Sandoval K., Buentello-Malo L., Peñaloza-Espinosa R., 2009. Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans. 2009. *Hum Genet.* 126:521-531.

Scherer A.K., 2007. Population structure of the Classic period Maya. *Am J Phys Anthropol.* 132(3):367-80.

Schulz L.O., Bennett P.H., Ravussin E., Kidd J.R., Kidd K.K., Esparza J. y Valencia M.E., 2006. "Effects of traditional and western environments on prevalence of type 2 diabetes in Pima Indians in Mexico and the U.S.", *Diabetes Care* Vol. 29(8), 1866-1871.

Schurr T.G., Ballinger S.W., Gan Y.Y., Hodge J.A., Merriwether D.A., Lawrence D.N., Knowler W.C., Weiss K.M. y Wallace D.C., 1990. Amerindian Mitochondrial DNAs Have Rare Asian Mutations at High Frequencies, Suggesting They Derived from Four Primary Maternal Lineages, *Am. J. Hum. Genet.* 46: 613-623.

Scorrano G., Brilli M., Martínez-Labarga C., Giustini F., Pacciani E., Chilleri F., Scaldaferrì F., Gasbarrini A., Gasbarrini G., Rickards O., 2014. Palaeodiet Reconstruction in a Woman With Probable Celiac Disease: A Stable Isotope Analysis of Bone Remains From the Archaeological Site of Cosa (Italy). *Amer. J. Phys. Anthropol.* 154, 349-356.

Shannon I.L., Keuper J.B., 1976. Microhardness of human dentin: baseline values and effects of fluorides. *J. Mo. Dent. Assoc.* 56(9), 11-8.

Sharer R.J., 1992. The ancient Maya. Stanford. CA. Stanford University Press.

Shigeru T., 2009. Mitochondrial haplogroups associated with Japanese Alzheimer's patients *Journal of Bioenergetics and Biomembranes* October 2009, 41:407

Shin J.Y., Hedges R.E.M., 2012. Diagenesis in bone and enamel apatite carbonate; the potential of density separation to assess the original composition. *J. Archaeol. Sci.* 39, 1123-1130.

Sladek R., Rocheleau G., Rung J., Dina C., Shen L., Serre D., Boutin P., Vincent D., Belisle A., Hadjadj S., Balkau B., Heude B., Charpentier G., Hudson T.J., Montpetit A., Pshezhetsky A.V., Prentki M., Posner B.I., Balding D.J., Meyre D., Polychronakos C., y Froguel P., 2007. A genome-wide association study identifies novel risk loci for type 2 diabetes, *Nature*, Vol. 445(22), 881-885.

Soares P., Ermini L., Thomson N., 2009. Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *Am J Hum Genet.* 84(6):740-59.

Söchtig J., Álvarez-Iglesias V., Mosquera-Miguel A., 2015. Genomic insights on the ethno-history of the Maya and the 'Ladinos' from Guatemala. *BMC Genomics.* 16:131.

Starikovskaya E.B., Sukernik R.I., Derbeneva O.A., 2005. Mitochondrial DNA diversity in indigenous populations of the southern extent of Siberia, and the origins of Native American haplogroups. *Ann Hum Genet.* 69(Pt 1):67-89.

Tajima F., 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics.* 105(2):437-60.

Tamm E., Kivisild T., Reidla M., 2007. Beringian standstill and spread of Native American founders. *PLoS One.* 2(9):e829.

Tamura K., 2000. On the estimation of the rate of nucleotide substitution for the control region of human mitochondrial DNA. *Gene.* 259(1-2):189-97.

Tamura K., Dudley J., Nei M., y Kumar S., 2007. MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24, 1596-1599.

Tamura K., Stecher G., Peterson D., 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol Biol Evol.* 30(12):2725-9.

Tesis de Maestría: Saldaña Martínez A., 2012. “Determinación de la mutación A3243G en el DNA mitocondrial de pacientes con Diabetes tipo 2.” Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Unidad Zacatenco, Genética y Biología Molecular, Directora de Tesis: María de Lourdes Muñoz Moreno, México, D.F., pp 1-67.

Thompson J., Gibson T., Plewniak F., Jeanmougin F., y Higgin D., 1997. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research* Vol.24, 4876-4882.

Torróni A., Schurr T.G., Cabell M.F., Brown M.D., Neel J.V., Larsen M., Smith D.G., Vullo C.M., y Wallace D.C., 1993. Asian Affinities and Continental Radiation of the Four Founding Native American mtDNAs, *Am. J. Hum. Genet.* Vol.53:563-590.

Torróni A., Schurr T.G., Yang C.C, Szathmary E.J.E., Williams R.C., Schanfield M.S., Troup G.A., Knowler W.C., Lawrence D.N., Weiss K.M., y Wallace D.C., 1992. Native American Mitochondrial DNA Analysis Indicates That the Amerind and the Nadene Populations Were Founded by Two Independent Migrations, *Genetics Society of America*, 130: 153-162.

van den Ouweland J.M.W., Lempkes H.H.P.J., Ruitenbeek W., Sandkuijl L.A., de Vijlder M.F., Struyvenberg P.A.A, van de Kamp J.J.P., y Maassen J.A., 1992. Mutation in mitochondrial tRNA Leu (UUR) gene in a large pedigree with maternally transmitted type II diabetes mellitus and deafness, *Nature Genetics*, Vol. 1: 368-371.

Versión online del Atlas de la Diabetes de la FID, 2015:
www.idf.org/diabetesatlas

Wallace D.C., Brown M.D., Lott M.T., 1999. Mitochondrial DNA variation in human evolution and disease. *Gene*. 238(1):211-30.

Wang P.W., Lin T.K., Weng S.W., y Liou C.W., 2009. Mitochondrial DNA Variants in the Pathogenesis of Type 2 Diabetes - Relevance of Asian Population Studies, *The Review of Diabetic Studies*, Vol. 6, No. 4, pp 237-246.

Ward R.H., Salzano F.M., Bonatto S.L., 1996. Mitochondrial DNA polymorphism in three Brazilian Indian tribes. *Am J Hum Biol.* 8 (3):317-323.

Weng S.W., Liou C.W., Lin T.K., Wei Y.H., Lee C.F., Eng H.L., Chen S.D., Liu R.T., Chen J.F., Chen I.Y., Chen M.H., y Wang P.W., 2005. Association of Mitochondrial Deoxyribonucleic Acid 16189 Variant (T3C Transition) with Metabolic Syndrome in Chinese Adults, *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism* Vol.90 (9):5037-5040.

Wen-Qiang L., Yan P., Chang-An Y., Jian-Yan W., Yi-Guan Z., y Xiao-Hui L., 2008. Novel Mutations of Mitochondrial DNA Associated with Type 2 Diabetes in Chinese Han Population. *Tohoku J. Exp. Med.*, 216, 377-384.

Xu, C., Wang, Y., 2012. Chemical composition and structure of peritubular and intertubular human dentin revisited. *Arch Oral Biol.* 57(4), 383-391.

Yamada M., Tohno S., Tohno Y., Minami T., Ichii M., Okazaki Y., 1995. Accumulation of mercury in excavated bones of two natives in Japan. *Sci. Total Environ.* 162, 253-256.

Yunis J.J., Yunis E.J., 2013. Mitochondrial DNA (mtDNA) haplogroups in 1526 unrelated individuals from 11 Departments of Colombia. *Genet Mol Biol.* 36(3):329-35.

Zamudio-Ortega C.M., Contreras-Bulnes R., Scougall-Vilchis R.J., Morales-Luckie R.A., Olea-Mejía O.F., Rodríguez-Vilchis L.E., 2014. Morphological, chemical and structural characterisation of deciduous enamel: SEM, EDS, XRD, FTIR and XPS analysis. *Eur. J. Paediatr. Dent.* 15(3), 275-80.

Zapata J., Pérez-Sirvent C., Martínez-Sánchez M.J., Tovar P., 2006. Diagenesis, not biogenesis: Two late Roman skeletal examples. *Sci. Total Environ.* 369, 357-368.

Zavgorodniy A.V., Rohanizadeh R., Swain M.V., 2008. Ultrastructure of dentine carious lesions. *Arch. Oral Biol.* 53, 124-132.

Zhao X., Chester C., Rajasekaran N., He Z., y Kohrt H.E., 2016. Strategic Combinations: The Future of Oncolytic Virotherapy with Reovirus, *Mol Cancer Ther*; 15(5): 767–73.

Zsigmondy, 1893. On congenital defects of the enamel. Dental Cos. 35, 709-17.

Tabla 2. Características de la Base de Datos de 1509 secuencias de NCBI (322 secuencias de poblaciones contemporáneas Mayas, 22 secuencias arqueológicas de Chile, 142 de Asia, 88 de Bering, 468 de América del Norte, 103 de América Central y 364 de América del Sur).

Isolate Name	Haplogroup	ID GenBank	HVS-I range	Ethnicity	Region	Locality	Country	Reference
403	A	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
613	A	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
18	A	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
1 S03/R03	A	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
WH6954	A	AY255144	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
3 S08/R03	A	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR13	A	not available	complete mtDNA	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
A2-3-03	A	DQ282411	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-05	A	DQ282413	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-04	A	DQ282412	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-06	A	DQ282414	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-08	A	DQ282416	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008

A2-3-12	A	DQ282420	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-01	A	DQ282409	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-02	A	DQ282410	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-07	A	DQ282415	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-15	A	DQ282423	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-11	A	DQ282419	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-10	A	DQ282418	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-14	A	DQ282422	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-3-09	A	DQ282417	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
62IA_H4	A	EU431082	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
BR15	A	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
185	A	EU007868	complete mtDNA	φφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
WH6980	A	AY255166	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
5241	A	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
603	A	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
BR16	A	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

1 S07/RXX	A	not available	16047-16405	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
406	A	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
Txukahamae 48	A	not available	15996-16401	Txukahamae	South America	São Paulo	Brazil	Dornelles et al., 2005
Xikrin 97	A	not available	15996-16401	Xikrin	South America	Bacajá River Amazonia	Brazil	Dornelles et al., 2005
Txukahamae 45	A	not available	15996-16401	Txukahamae	South America	São Paulo	Brazil	Dornelles et al., 2005
BR14	A	not available	15996-16401	ϕSE	South America	ϕSE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Khoton 11	A	not available	15996-16401	Khoton	Asia	Altai	Mongolia	Dornelles et al., 2005
HGDP00872	A4	EU566353	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
EWK42	A4	AY244178	complete mtDNA	Ewenki	Asia	Inner Mongolia	China	Kong et al., 2003
Kor82	A4	AY244228	complete mtDNA	Korean	Asia	Inner Mongolia	China	Kong et al., 2003
Mg216	A4	AY244244	complete mtDNA	Mongolian	Asia	Inner Mongolia	China	Kong et al., 2003
Oro13	A4	AY244288	complete mtDNA	Oroqen	Asia	Inner Mongolia	China	Kong et al., 2003
Mg226	A4	AY244254	complete mtDNA	Mongolian	Asia	Inner Mongolia	China	Kong et al., 2003
Kor54	A4	AY244200	complete mtDNA	Korean	Asia	Inner Mongolia	China	Kong et al., 2003
NahuaCu004	A4	EU720076	16011-16684	Nahuatl	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
ONsq0125	A4a	AP008617	complete mtDNA	Japanese	Asia	Aichi	Japan	Tanaka et al., 2004
Buryat552	A4a	EF153792	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007

AltaianKizji163	A4a	EF153774	complete mtDNA	Altaia-Kizhi	Asia	Altai	Russia	Derenko et al., 2007
Buryat627	A4a	EF153799	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
Buryat390	A4a	EF153783	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
VN65	A4a	EF153833	complete mtDNA	Velikij	Asia	Novgorod	Russia	Derenko et al., 2007
Buryat406	A4c	EF153787	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
Buryat575	A4c	EF153795	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
AltaianKizhi178	A4c	EF153775	complete mtDNA	Altaia-Kizhi	Asia	Altai	Russia	Derenko et al., 2007
Buryat523	A4c	EF153791	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
Maya_qr33_3	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c79_1	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt47_1	A2	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya	A2	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009

Mixtec	A2	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Xochimilco	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	A2	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_qr29	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Chickasaw5	A2	not available	16056-16569	Chickasaw	North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
Choctaw11	A2	not available	16056-16569	Choctaw	North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
Creek 42	A2	not available	16056-16569	Creek	North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
31	A2	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
LaTinta_03	A2	not available	16028-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
J	A2	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
LaTinta_14	A2	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Mixtec004	A2	EU719968	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Quechua	A2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_qr21_1	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y66_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y68_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015

Maya_c81_2	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr20_2	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr23_3	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr37_1	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr38_3	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr39_2	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr44_1	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y12_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y20_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y38_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y57_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y63_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c37_1	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c76_1	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt32_5	A2	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt39_6	A2	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal38_3	A2	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015

Triqui	A2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec	A2	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec	A2	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec	A2	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Pima	A2	not available	15996-16401	Pima	North America	Sonora	Mexico	Sandoval et al., 2009
Xochimilco	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Zitlala	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Ixhuatlancillo	A2	not available	15996-16401	Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	A2	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	A2	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Yuracare 66	A2	not available	16000-16400	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
117	A2	not available	16050-16365	Uruguayan	South America	Tacuarembó	Uruguay	Bonilla et al., 2004
AL13	A2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
27	A2	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005

104	A2	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
P4	A2	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
2 S01/R01	A2	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S04/RXX	A2	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S09/R06	A2	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR1	A2	not available	15996-16401	φ SE,S,NE,N	South America	φ SE,S,NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Chukchi120	A2	EU095533	complete mtDNA	Chukchi	Bering	Siberia	Bering	Tamm et al., 2007
GT32	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT41	A2	not available	16028-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT29	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_02	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT13	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
B	A2	not available	15996-16404	K'iche' Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
D	A2	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
Marco_08	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Xavante 4	A2	not available	15997-16401	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996

Cayapa522	A2	EU095530	complete mtDNA	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
Dogrib39	A2	EU095538	complete mtDNA	Dogrib	North America	Canadian	Canada	Tamm et al., 2007
Eskimo29	A2	EU095540	complete mtDNA	Eskimo	Bering	Siberia	Asia	Tamm et al., 2007
A2-1-24	A2	DQ282401	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-10	A2	DQ282396	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-13	A2	DQ282399	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-09	A2	DQ282395	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-11	A2	DQ282397	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-5-01	A2	DQ282428	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-03	A2	DQ282389	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-08	A2	DQ282394	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
7	A2	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
LaTinta_03	A2	not available	16028-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Marco_01	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT07	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_17	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015

Maya_08	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_37	A2	KM051472	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT11	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_21	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Marco_09	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Coban3	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT16	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_15	A2	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_36	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_27	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT35	A2	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_04	A2	not available	16033-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_13	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_24	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_23	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_01	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_03	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015

Cora09	A2	EU719670	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Maya_15	A2	not available	16102-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_11	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT10	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_19	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_22	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_18	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_34	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_09	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_35	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
HGDP00862	A2	EU566343.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00867	A2	EU566348.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00868	A2	EU566349.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00871	A2	EU566352.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00855	A2	EU566336.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
MA202	A2	HQ012128	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA207	A2	HQ012130	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011

Maya_qr34_2	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal94_2	A2	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt102_1	A2	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y62_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y60_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal96_3	A2	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt98_2	A2	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_c46_1	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Zitlala	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Ixhuatlancillo	A2	not available	15996-16401	Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
NahuaAt51	A2	EU720045	16011-16684	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Maya_qr35	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c35	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y54	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
MA005	A2	HQ120050	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011

Maya_qr45	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Zapotec007	A2	EU720281	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Maya_qr31	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y58	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
MA125	A2	HQ012095	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA173	A2	HQ012119	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
Coban4	A2	KM051465	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Coban5	A2	KM051466	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_26	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
A2-1-02	A2	DQ282388	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	A2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Zitlala	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Xochimilco	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
GUAH 1	A2	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009

Tarah006	A2	EU720222	16011-16684	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Kemp et al., 2010
Tarah096	A2	EU720231	16011-16684	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora06	A2	EU719669	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Triqui	A2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
GT06	A2	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_20	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Triqui	A2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Xochimilco	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Quechua	A2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Quechua	A2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
BR3	A2	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
GT18	A2	not available	16028-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Mixe020	A2	EU719921	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010

AL12	A2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
Maya	A2	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Huichol05	A2	EU719796	16011-16684	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Zoró 5	A2	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
Cinta Larga 5	A2	not available	15996-16401	Cinta Larga	South America	Cinta Larga	Brazil	Dornelles et al., 2005
Cinta Larga 80	A2	not available	15996-16401	Cinta Larga	South America	Cinta Larga	Brazil	Dornelles et al., 2005
7Tor22	A2	EF079873	complete mtDNA	Dominican	Central America	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
2 S02/RXX	A2	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
NahuaCu027	A2	EU720084	16011-16684	Nahuatl	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
1 S05/R05	A2	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR9	A2	not available	15996-16401	φ SE,S	South America	φ SE,S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Yuracare 287	A2	not available	16000-16400	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Maya_23	A2	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
BR12	A2	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
LaTinta_05	A2	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_19	A2	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
3 S06/RXX	A2	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996

BR10	A2	not available	15996-16401	φ SE,S	South America	φ SE,S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR11	A2	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Trinitario 362	A2	not available	16000-16400	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
GUAH 6	A2	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
GUAH 4	A2	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
Cayapa511	A2	EU095529	complete mtDNA	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
Papago384	A2	EU720106	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Necoxtla	A2	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
HGDP00864	A2	EU566345.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
BR4	A2	not available	15996-16401	φ NE,N	South America	φ NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR5	A2	not available	15996-16401	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
7Tor22	A2	EF079873	complete mtDNA	Dominican	Central America	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
2 S02/RXX	A2	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
Chukchi11	A2a	EF153809	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chuk22	A2a	EU482338	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Eskimo29	A2a	EU095540	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Esk13	A2a	EU482352	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008

131	A2a*	EU007838.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Otomí	A2a	not available	15996-16401	Hidalgo	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Xochimilco	A2a	not available	15996-16401	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
2	A2a	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
5	A2a	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
AL05	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
NahuaAt13	A2a	EU720034	16011-16684	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
BR8	A2a	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
1	A2a	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
6	A2a	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
AL04	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL17	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
141	A2a2*	EU007847.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
136	A2a	EU007843.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
138	A2a	EU007844.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Chukchi9	A2a	EF153808	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008

Esk1	A2a	EU482349	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chuk102	A2a	EU482343	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Esk5	A2a	EU482351	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chukchi1	A2a	EF153803	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chuk101	A2a	EU482342	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
139	A2a	EU007845.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
AL19	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
Apache514	A2a	EU095526	complete mtDNA	Apache	North America	Southwest USA	USA	Tamm et al., 2007
AL03	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL06	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL01	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL02	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL09	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL10	A2a	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL15	A2a1	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL14	A2a1	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
Selkup94	A2a1	EU095547	complete mtDNA	Selkup	Asia	western Siberia	Asia	Tamm et al., 2007

4	A2a1	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
213	A2a1	EU007884.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Maya_c72_1	A2a3	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt100_10	A2a3	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt101_1	A2a3	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Xochimilco	A2a3	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Tzotzilt105_2	A2a3	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Triqui	A2a3	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Xochimilco	A2a3	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_qr1_1	A2a3	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr25_1	A2a3	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr22_3	A2a3	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y22_2	A2a3	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y53_1	A2a3	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c22_1	A2a3	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c74_1	A2a3	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015

Tzotzilt106_1	A2a3	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Purépecha	A2a3	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Xochimilco	A2a3	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Tojolabal93_2	A2a3	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Zitlala	A2a3	not available	15996-16401	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
NahuaCu098	A2a3	EU720093	16011–16684	Nahuatl	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
NahuaAt25	A2a3	EU720038	16011–16684	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
AL07	A2a3	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
Esk19	A2a3	EU482355	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chuk103	A2a3	EU482344	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
3	A2a3	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
AL18	A2a3	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
215	A2a3	EU007886.1	complete mtDNA	☐☐☐Asian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Mixtec001	A2a3	EU719966	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Mixe010	A2a3	EU719918	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Maya_qr28_1	A2af	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015

Maya_c73_1	A2af	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y56_1	A2af	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c80_1	A2af	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt80_2	A2af	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt107_2	A2af	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Xochimilco	A2af	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
O	A2af	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
LaTinta_30	A2af	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT09	A2af	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ChuK40	A2b	EU482341	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
K	A2b	not available	15996-16404	K'iche', Maya	North America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
8	A2b	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
12	A2b	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
Chuk104	A2b	EU482345	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chukchi5	A2b	EF153806	complete mtDNA	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Derenko et al., 2007
Chuk105	A2b	EU482346	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008

Esk3	A2b	EU482350	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chukchi6	A2b	EF153807	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Esk14	A2b	EU482353	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chuk106	A2b	EU482347	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Koryak39	A2b	EF153827	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
11	A2b	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
130	A2b1	EU007837.1	complete mtDNA	Asiatic	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
133	A2b1	EU007840.1	complete mtDNA	Asiatic	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
214	A2b1	EU007885.1	complete mtDNA	Asiatic	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
216	A2b1	EU007887.1	complete mtDNA	Asiatic	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
217	A2b1	EU007888.1	complete mtDNA	Asiatic	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
218	A2b1	EU007889.1	complete mtDNA	Asiatic	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
61	A2b1	EU007894.1	complete mtDNA	Asiatic	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
10	A2b1	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
129	A2b1	EU007836.1	complete mtDNA	Asiatic	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
135	A2b1	EU007842.1	complete mtDNA	Asiatic	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007

A2-4-01	A2d2	DQ282424	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-4-03	A2d2	DQ282426	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-4-02	A2d2	DQ282425	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-4-04	A2d2	DQ282427	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
306	A2d2	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
A2-3-13	A2d2	DQ282421	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
N_Ixhuatlancillo	A2d2	not available	15996-16401	Nahuatl Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2d1	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
C1	A2d1	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C68	A2d1	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C70	A2d1	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
Cora40	A2d1	EU719677	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
A2-6-01	A2d1	DQ282429	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-6-02	A2d1	DQ282430	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-6-03	A2d1	DQ282431	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-6-04	A2d1	DQ282432	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008

A2-6-05	A2d1	DQ282433	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
LaTinta_06	A2d1a	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_qr43_1	A2e	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr40_1	A2e	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Mixtec	A2e	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Necoxtla	A2e	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Gaviao 14	A2e	not available	15997-16401	Gaviao	South America	Rondonia	Brazil	Ward et al., 1996
O8	A2e	not available	16023-16370	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
Arsario20	A2e	EU095528	complete mtDNA	Arsario	South America	ϕSNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
BR2	A2e	not available	15996-16401	ϕ SE	South America	ϕ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
909	A2e	not available	16050-16365	Uruguayan	South America	Tacuarembó	Uruguay	Bonilla et al., 2004
BR7	A2e	not available	15996-16401	ϕ SE,N	South America	ϕ SE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
AM1	A2e	not available	complete mtDNA	Yucatec Maya	North America	Yucatan Peninsula (Penutian)	México	Torrioni et al., 1993
LaTinta_04	A2e	not available	16024-16559	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
L	A2e	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
BR6	A2e	not available	15996-16401	ϕ N	South America	ϕ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

AL11	A2e	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL08	A2e	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
Ab	A2e	Ignaciano 062	16051-16391	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
Marco_07	A2e	not available	16024-16560	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Tarahumara	A2e	not available	15996-16401	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_qr27_3	A2e	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y64_1	A2e	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c27_3	A2e	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c77_1	A2e	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya	A2e	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	A2e	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
HGDP00854	A2e*	EU566335.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00857	A2e*	EU566338.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00859	A2e*	EU566340.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
Marco_06	A2e	not available	16024-16569	Ladino	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
A2-1-05	A2g*	DQ282391	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-06	A2g*	DQ282392	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008

Purépecha	A2i	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Necoxtla	A2i	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
IAB_D6	A2i	EU431080	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
A2-1-01	A2j*	DQ282387	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-07	A2j*	DQ282393	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-12	A2j*	DQ282398	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-14	A2j*	DQ282400	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-1-04	A2j*	DQ282390	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
Wayuu24	A2j*	EU095552	complete mtDNA	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Colombia	Tamm et al., 2007
Maya_qr36_2	A2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt103_1	A2	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal95_5	A2	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya	A2m	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
HGDP00863	A2m	EU566344.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
Maya_y55_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y67_1	A2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c70_3	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015

Maya_c75_1	A2	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzilt104_1	A2	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal92_3	A2	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tarahumara	A2m	not available	15996-16401	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2m	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Zitlala	A2m	not available	15996-16401	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
LaTinta_01	A2m*	not available	16027-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchting et al., 2015
LaTinta_07	A2m*	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchting et al., 2015
Marco_02	A2m*	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchting et al., 2015
Coban1	A2m*	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchting et al., 2015
Maya	A2m	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
HGDP00869	A2m*	EU566350.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	Mexico	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00878	A2m*	EU566359.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00876	A2m*	EU566357.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
Purépecha	A2p	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2p	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	A2p	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009

Otomí	A2p	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2p	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
6620-3	A2p*	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
PE1A	A2p*	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
A2-2-01	A2p*	DQ282402	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-2-02	A2p*	DQ282403	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-2-04	A2p*	DQ282405	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-2-06	A2p*	DQ282407	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-2-07	A2p*	DQ282408	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-2-03	A2p*	DQ282404	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
A2-2-05	A2p	DQ282406	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
Mixe013	A2p*	EU719919	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Papago378	A2p*	EU720105	16011-16684	Papago	North America	Arizona	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec045	A2p*	EU720292	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
54IA_C3	A2p*	EU431081	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
NahuaCu040	A2p*	EU720086	16011-16684	Nahuatl	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
Quechua	A2p	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009

Quechua	A2p	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Kogui39	A2p*	EU095545	complete mtDNA	Kogui	North America	☐☐ SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
9	A2p*	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
Esk45	A2p*	EU482358	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Coban6	A2p3a*	KM051467	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT01	A2p3a*	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_05	A2p3a*	not available	16034-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_06	A2p3a*	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_09	A2p3a*	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Coban2	A2p3a*	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_16	A2p3a*	KM051470	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_38	A2p3a*	KM051473	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT02	A2p3a*	KM051468	16024-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_11	A2p3a*	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_28	A2q	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Mixtec009	A2q*	EU719971	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010

NahuaAt37	A2q*	EU720041	16011-16684	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
N_Necoxtla	A2q	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec	A2q	not available	15996-16401	Mixtec	North America		Mexico	Sandoval et al., 2009
Marco_05	A2q*	KM051474	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchting et al., 2015
Marco_04	A2q*	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchting et al., 2015
GT28	A2q*	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
GT25	A2q*	not available	16028-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
Marco_10	A2q*	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchting et al., 2015
NahuaAt41	A2q*	EU720042	16011-16684	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Otomí	A2u*	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
MA012	A2u*	HQ012053	16011-16684	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
NahuaCu055	A2u*	EU720091	16011-16684	Nahuatl	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
Huichol06	A2u*	EU719797	16011-16684	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
NahuaAt35	A2u*	EU720040	16011-16684	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
N_Xochimilco	A2u	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
G	A2u*	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
E	A2u*	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995

N_Xochimilco	A2v	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Xochimilco	A2v	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
N	A2v	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
Na5A	A2v	AY195786	complete mtDNA	Native American	North America	California	USA	Mishmar D. et al., 2003
P9	A2v	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
NahuaAt08	A2v*	EU720033	16011-16684	Nahuatl	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
N_Xochimilco	A2v	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
P13	A2v	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
Zapotec	A2v*	not available	15996-16401	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Zapotec	A2v*	not available	15996-16401	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_qr24_1	A2w1	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr30_2	A2w1	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y24_2	A2w1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y30_1	A2w1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr41_2	A2w1	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y41_1	A2w1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015

Maya_y61_1	A2w1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c71_1	A2w1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c78_2	A2w1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil99_1	A2w1	not available	15878-16410	Tzotzil Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
N_Xochimilco	A2w1	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	A2w1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
C12	A2w1	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
A	A2w1	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
HGDP00874	A2w1	EU566355.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00860	A2w1	EU566341.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
Maya_10	A2w1	not available	16034-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchting et al., 2015
Maya_02	A2w1	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchting et al., 2015
GT34	A2w1	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
LaTinta_40	A2w1	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchting et al., 2015
Maya_07	A2w1	not available	16024-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchting et al., 2015
Maya_14	A2w1	not available	16034-16569	Guatemala Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchting et al., 2015

C56	A2w1	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
LaTinta_12	A2w1	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya	A2w1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
HGDP00875	A2w1	EU566356.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00856	A2w1	EU566337.1	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
Maya	A2w1a1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	A2w1a1	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
LaTinta_10	A2w1a1*	KM051469	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_24	A2w1a1*	KM051471	16025-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT15	A2w1a1*	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Chickasaw 24	B	not available	16056-16569	Chickasaw	Bering	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
Choctaw 27	B	not available	16056-16569	Choctaw	Bering	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
Creek 59	B	not available	16056-16569	Creek	Bering	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
D27	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
614	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
408	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005

2 S26/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
Mixtec	B	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
205	B	EU007881.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
15	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
Zoró 10	B	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
110	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
1 S25/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
407	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
1 S28/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
195	B	EU007876.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
1 S24/R12	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
150	B	EU007853.1	complete mtDNA	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
151	B	EU007854.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
152	B	EU007855.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
142	B	EU007848.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
186	B	EU007869.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
157	B	EU007856.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007

Mekranoti 52	B	not available	15996-16401	Mekranoti	South America	Mato Grosso and Pará	Brazil	Dornelles et al., 2005
2	B	not available	16104-16362	Shamatari	South America	Roraima, Amazon	Venezuela	Williams et al., 2002
SD10313	B	AY255136.2	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
LP027	B	JQ036381	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP031	B	JQ036385	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP295	B	JQ036649	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
Yuracare 059	Bc*	not available	16000-16400	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Yuracare 91 Bd	Bd*	not available	16000-16400	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Yuracare 17	Ba*	not available	16000-16400	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Trinitario 288	Bf*	not available	16000-16400	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
Yuracare 19	Bb	not available	16000-16400	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Ignaciano 295	Bg	not available	16000-16400	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
Trinitario 301	Bh*	not available	16000-16400	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
Trinitario 360	Bj*	not available	16000-16400	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
Yuracare 294	Be*	not available	16000-16400	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
5 S22/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR21	B	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

BR22	B	not available	15996-16401	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
209	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
302	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
C4	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C42	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
N64	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
P8	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
Xavante 1	B	not available	15997-16401	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
Xavante 2	B	not available	15997-16401	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
BR17	B	not available	15996-16401	φ SE,S,NE,N	South America	φ SE,S,NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR18	B	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR19	B	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR20	B	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
PE4B	B	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
BR30	B	not available	15996-16401	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

P19	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C39	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C8	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
1 S17/R12	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
C33	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
301	B	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
Gaviao 13	B	not available	15997-16401	Gaviao	South America	Rondonia	Brazil	Ward et al., 1996
PE6B	B	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
1 S20/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S21/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
2 S19/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S23/R12	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR29	B	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
N11	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
O23	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000

D30	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
D20	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
BR25	B	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
6032	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C67	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C62	B	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
PE1B	B	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
PE5B	B	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
HU3B	B	not available	15997-16401	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
PE2B	B	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
PE3B	B	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
1 S31/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR28	B	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
1 S30/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S29/R13	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996

BR27	B	not available	15996-16401	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Xavante 3	B	not available	15997-16401	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
1 S27/R14	B	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR26	B	not available	15996-16401	φ SE,NE	South America	φ SE,NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR23	B	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR24	B	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BuriatB3	B3*	AY519484	complete mtDNA	Buriat	Asia	Buyatia	Russia	Starikovskaya et al., 2005
Maya_y139_1	B4b1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
GD7813	B4b1*	AY255170.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
LN7552	B4c*	AY255149.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
LN7589	B4d*	AY255135.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
QD8141	B4d*	AY255140.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
WH6967	B5a*	AY255145.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
WH6973	B5b*	AY255179.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
EW1	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW2	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW3	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997

EW4	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW5	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW6	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW7	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW8	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW9	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW10	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW11	B1*	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
GUAH 17	B1	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
164	B1	EU007860.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
GUAH 16	B1	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
144	B1	EU007850.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
1 S18/R13	B1	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
AM13	B1	not available	complete mtDNA	Yucatec Maya	North America	Yucatan Peninsula (Penutian)	México	Torrioni et al., 1993
Zoró 6	B1	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
EW13	B1	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW14	B1	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997

EW15	B1	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
EW12	B1	not available	15997-16401	Emberá and Wounan	South America	Darién	Panama	Kolman et al., 1997
N_Necoxtla	B2*	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	B2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_qr114_2	B2	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y120_1	B2	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Triqui	B2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Necoxtla	B2	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Necoxtla	B2	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	B2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	B2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	B2	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	B2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Xochimilco	B2	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009

N_Necoxtla	B2	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Quechua	B2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Quechua	B2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
B1	B2	not available	16104-16362	Shamatari	South America	Roraima, Amazon	Venezuela	Williams et al., 2002
Native - Sinixt	B2	EF648602	complete mtDNA	Sinixt	North America	Washington	USA	Achilli et al., 2008
GT36	B2	not available	16034-16548	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
HGDP00866	B2	EU566347	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00858	B2	EU566339	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
NahuaAt24	B2	EU720053	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Triqui	B2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	B2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	B2	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	B2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	B2	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec067	B2	EU720022	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
N_Xochimilco	B2	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Quechua	B2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009

6Tor23	B2	EF079874	complete mtDNA	Dominican	Central America	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
3	B2	not available	16104-16362	Shamatari	South America	Roraima, Amazon	Venezuela	Williams et al., 2002
Marco_03	B2	not available	16024-16569	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_12	B2	not available	16034-16560	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_17	B2	not available	16024-16569	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
P	B2	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
Huichol28	B2	EU719824	16011-16684	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora19	B2	EU719698	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Coreguaje1-30	B2	EU095535	complete mtDNA	Coreguaje	South America	Orteguaza and Mecaya Rivers	Colombia	Tamm et al., 2007
GT05	B2	not available	16034-16548	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT04	B2	not available	16034-16548	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Mixtec021	B2	EU720014	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Waunana2-8	B2	EU095548	complete mtDNA	Waunana	South America	Province of Darién	Panama	Tamm et al., 2007
Papago348	B2	EU720112	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Cora33	B2	EU719705	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Quechua	B2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Quechua	B2	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009

Zuni013	B2	EU720359	16011-16684	Zuni	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
100IA_G1	B2	EU431084	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
NahuaAt24	B2	EU720053	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora22	B2	EU719699	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Mixe011	B2	EU719938	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
NahuaAt12	B2	EU720051	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Mixtec007	B2	EU720012	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec052	B2	EU720321	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Papago381	B2a*	EU720126	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
B2-2-01	B2a*	DQ282441	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
Hualapai12	B2a*	EU719744	16011-16684	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Papago070	B2a*	EU720107	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Pima109	B2a*	EU720171	16011-16684	Pima	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
(4) Pi_26_27	B2a*	AF347001	complete mtDNA	Warao	South America	Orinoco Delta	Venezuela	Ingman M. et al., 2000
Maya_y119_1	B2a	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tarahumara	B2a	not available	15996-16401	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Sandoval et al., 2009
Pima069	B2a*	EU720156	16011-16684	Pima	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010

B2-2-05	B2a1*	DQ282445	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
B2-2-03	B2a1*	DQ282443	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
B2-2-02	B2a1*	DQ282442	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
83IA_E2	B2a1*	EU431083	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
Hualapai01	B2a1*	EU719741	16011-16684	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
B2-2-04	B2a1a*	DQ282444	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
B2-2-06	B2a1a*	DQ282446	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
Cayapa602	B2b	EU095532	complete mtDNA	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
Ngoebe14	B2d	EU095546	complete mtDNA	Ngoebe	Central America	Comarca Ngobe-Buglé	Panama	Tamm et al., 2007
Wayuu7	B2d*	EU095550	complete mtDNA	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Colombia	Tamm et al., 2007
Wayuu17	B2d*	EU095551	complete mtDNA	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Colombia	Tamm et al., 2007
Sinixt	B2d*	EF648602	complete mtDNA	Sinixt	North America	Washington	USA	Greenspan, 2007
Na1B	B2d*	AY195749	complete mtDNA	Native American	North America	California	USA	Mishmar D. et al., 2003
B2-1-02	B2c	DQ282435	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
N_Xochimilco	B2c	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Ixhuatlancillo	B2c	not available	15996-16401	Nahuatl Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Necoxtla	B2c	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009

Maya	B2c	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	B2c	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2c	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
F	B2c	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
C	B2c	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
N_Necoxtla	B2c	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
	B2c	not available	15996-16401	Pima	North America	Sonora	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2c	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2c	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Necoxtla	B2c	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2c	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_qr109_1	B2c	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Mayaqr121_1	B2c	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal121_1	B2c	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
B2-1-03	B2c	DQ282436	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
Mixe023	B2c	EU719943	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Zuni042	B2c	EU720369	16011-16684	Zuni	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010

Cora28	B2c	EU719700	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Quechua	B2c	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
N_Necoxtila	B2c	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtila	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Zapotec012	B2c	EU720309	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec031	B2c	EU720317	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
HGDP00877	B2c	EU566358	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00865	B2c	EU566346	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
HGDP00873	B2c	EU566354	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
Mixtec044	B2c	EU720018	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec080	B2c	EU720325	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Papago072	B2c	EU720109	16011-16684	Papago	North America	Arizona	Mexico	Kemp et al., 2010
MA050	B2c	HQ012144	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA074	B2c	HQ012149	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
Cora29	B2c	EU719701	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
HoNahuaCu028	B2c	EU720096	16011-16684	Nahua	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
Mixe014	B2c	EU719940	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora30	B2c	EU719702	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010

Cora13	B2c	EU719696	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Huichol13	B2c	EU719814	16011-16684	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
NahuaAt06	B2c	EU720049	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Mixtec054	B2c	EU720019	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Huichol53	B2c	EU719845	16011-16684	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
NahuaAt62	B2c	EU720064	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
NahuaAt50	B2c	EU720058	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
B2-1-05	B2c1	DQ282438	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
B2-1-06	B2c1	DQ282439	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
B2-1-01	B2c1	DQ282434	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
B2-1-07	B2c1	DQ282440	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
B2-1-04	B2c1	DQ282437	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
NahuaAt36	B2c2b	EU720055	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Maya_qr110_3	B2c2b	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil110_6	B2c2b	not available	15878-16410	Tzotzil Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal110_8	B2c2b	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
N_Necoxtla	B2c2b	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009

Triqui	B2c2b	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Triqui	B2c2b	not available	15996-16401	Triqui	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	B2c2b	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec	B2c2b	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
GT03	B2c2b*	not available	16034-16548	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
melasmex07	B2c2b	JF318958.1	complete mtDNA	Native American	North America	MELAS patient, Edo. de Mexico	Mexico	Delgado-Sánchez R. et al., 2007
Cora31	B2o*	EU719703	16011-16684	Cora	Central America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora42	B2o*	EU719708	16011-16684	Cora	Central America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
LaTinta_39	B2o*	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_33	B2o*	not available	16035-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_32	B2o*	not available	16024-16550	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H	B2o*	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
N_Xochimilco	B2t	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Necoxtla	B2t	not available	15996-16401	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
LaTinta_08	B2t*	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_31	B2t*	KM051475	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_20	B2t*	KM051476	16034-16550	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015

LaTinta_22	B2t*	not available	16034-16559	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
GT27	B2t*	not available	16034-16550	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Creek 44	C	not available	16056-16569	Creek	North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
1 S40/R17	C	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
19	C	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
AY06	C	not available	15996-16401	Ayoreo	South America	Tobité	Bolivia	Dornelles et al., 2004
106	C	not available	15926-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
17	C	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
18	C	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
17	C	not available	15926-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
LN7710	C	AY255176.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
GUAH 25	C	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
P11	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
2493	C	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
F85 Selknam	C	not available	16154-16400	Selknam	South America	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile	García_Bour et al., 2004
c46	C	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003

GUAH 26	C	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
BR44	C	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
AM31	C	not available	complete mtDNA	Yucatec Maya	North America	Yucatan Peninsula (Penutian)	México	Torrioni et al., 1993
F14 Aonikenk	C	not available	16154-16400	Aonikenk	South America	Magallanes and Santa Cruz River	Chile	García_Bour et al., 2004
F5 Yamana	C	not available	16154-16400	Yamana	South America	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile	García_Bour et al., 2004
7145	C	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
Zoró 8	C	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
GUAH 21	C	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
GUAH 22	C	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
BB3	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
P3	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
5299	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
C9	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
O2A	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
PE1C	C	not available	16086-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000

3 S35/R15	C	not available	16084-16362	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
3 S37/RXX	C	not available	16084-16362	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR31	C	not available	15996-16401	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR32	C	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR33	C	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR34	C	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR36	C	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR37	C	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR38	C	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR39	C	not available	15996-16401	φ SE,N	South America	φ SE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Mura 4	C	not available	15996-16401	Mura	South America	Mura Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2005
Parakana 29	C	not available	15996-16401	Parakana	South America	Parakana Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2005
Parakana 40	C	not available	15996-16401	Parakana	South America	Parakana Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2005
Parakana 41	C	not available	15996-16401	Parakana	South America	Parakana Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2005
1 S36/RXX	C	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
F89 Aonikenk	C	not available	16154-16400	Aonikenk	South America	Magallanes and Santa Cruz River	Chile	García_Bour et al., 2004

O4	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
F83 Selknam	C	not available	16154-16400	Selknam	South America	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile	García_Bour et al., 2004
7160	C	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
Zoró 11	C	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
GUAH 18	C	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
F34 Yamana	C	not available	16154-16400	Yamana	South America	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile	García_Bour et al., 2004
YA1C	C	not available	15997-16401	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
BR41	C	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR42	C	not available	15996-16401	φ SE,N	South America	φ SE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
AY05	C	not available	16024-16384	Ayoreo	South America	Tobité	Bolivia	Dornelles et al., 2004
AY02	C	not available	16024-16384	Ayoreo	South America	Maria Auxiliadora	Paraguay	Dornelles et al., 2004
AY01	C	not available	16024-16384	Ayoreo	South America	Maria Auxiliadora	Bolivia	Dornelles et al., 2004
AY03	C	not available	16024-16384	Ayoreo	South America	Tobité	Bolivia	Dornelles et al., 2004
AY04	C	not available	16024-16384	Ayoreo	South America	Maria Auxiliadora, Tobité	Bolivia	Dornelles et al., 2004
O3A	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
1 S38/R18	C	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996

1 S40/R17	C	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR35	C	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
F67 Kaweskar	C	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
F18 Yamana	C	not available	16154-16400	Yamana	South America	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile	García_Bour et al., 2004
C10	C	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
GUAH 19	C	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
GUAH 23	C	not available	15996-16401	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
BR43	C	not available	15996-16401	φ NE,N	South America	φ NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
5 S32/R15	C	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S33/R15	C	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
2 S34/R15	C	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
Yuracare 7	Ca	not available	16000-16401	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Yuracare 11	Cb	not available	16000-16401	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Yuracare 12	Cc	not available	16000-16401	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Yuracare 20	Cd	not available	16000-16401	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
Movima 107	Ce	not available	16000-16401	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004

Movima 073	Cf	not available	16000-16401	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
Ignaciano 94	Cg	not available	16000-16401	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
Ignaciano 101	Ch	not available	16000-16401	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
Ignaciano 117	Cj	not available	16000-16401	Ignaciano	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
Movima 128	Ck	not available	16000-16401	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
Movima 135	Cl	not available	16000-16401	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
Trinitario 284	Cm	not available	16000-16401	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
ignaciano 306	Cn	not available	16000-16401	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
ignaciano 308	Co	not available	16000-16401	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
Movima 309	Cp	not available	16000-16401	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
Trinitario 340	Cq	not available	16000-16401	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
Trinitario 343	Cr	not available	16000-16401	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
Trinitario 345	Cs	not available	16000-16401	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
194	C5a	EU007875.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
165	C4a	EU007861.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
XJ8435	C4a	AY255174.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003

EvOh14	C4a	EU482361	16013-16520	Evenki	Asia	Evenk Autonomous Okrug, Krasnoyarsk	Russia	Volodko et al., 2008
As6C	C4a	AY195753	complete mtDNA	Evenki	Asia	Evenk Autonomous Okrug, Krasnoyarsk	Russia	Mishmar et al., 2003
Tub28	C4a	EU482380	16013-16520	Tubular	Asia	Altai	Russia	Volodko et al., 2008
Buriat288	C4a	AF346970	complete mtDNA	Buriat	Asia	Buryatia	Russia	Ingman et al., 2007
Papago357	C4a	EU720135	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
TofalarM104	C4a	AY615360	complete mtDNA	Tofalar	Asia	Irkutsk	Russia	Starikovskaya et al., 2005
Yuk2	C4a4	EU482323	16013-16520	Yukaghir	Asia	Sakha (Yakutia)	Russia	Volodko et al., 2008
LP233	C4a4	JQ036587	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
Zapotec050	C4a4	EU720338	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
LP345	C4a4	JQ036699	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
200	C4b	EU007879.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Yuk50	C4b	EU482304	16013-16520	Yukaghir	Asia	Sakha (Yakutia) Republic	Russia	Volodko et al., 2008
Khirgiz31	C4b	AF346991	complete mtDNA	Khirgiz	Asia	Kirgyzstan	Russia	Ingman et al., 2007
Yuk85	C4b	EU482317	16013-16520	Yukaghir	Asia	Sakha (Yakutia) Republic	Russia	Volodko et al., 2008
132	C4b	EU007839.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Yuk64	C4b	EU482310	16013-16520	Yukaghir	Asia	Sakha (Yakutia) Republic	Russia	Volodko et al., 2008

KoriakC2b	C4b	AY519487	complete mtDNA	Koriak	Asia	Kamchatka	Russia	Starikovskaya et al., 2005
NgnV18	C4b	EU482370	16013-16520	Naganasan-Avam	Asia	Taymyr Peninsula, Krasnoyarsk	Russia	Volodko et al., 2008
Ijka72	C4c	EU095543	complete mtDNA	Ijka	South America	φφ SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
SHU01	C4c	GU215075	complete mtDNA	Suswap	North America	British Columbia	Canada	Malhi et al., 2010
C1	C1	not available	16104-16362	Shamatari	South America	Roraima, Amazon	Venezuela	Williams et al., 2002
Maya_c140_1	C1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y140_1	C1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil158_2	C1	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil161_1	C1	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
LP423	C1	JQ036777	complete mtDNA	Han	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
Tarahumara	C1	not available	15996-16401	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Sandoval et al., 2009
Tarahumara	C1	not available	15996-16401	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	C1	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	C1	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	C1	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec	C1	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Ixhuatlancillo	C1	not available	15996-16401	Nahuatl Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009

Maya	C1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Pima	C1	not available	15996-16401	Pima	North America	Sonora	Mexico	Sandoval et al., 2009
Quechua	C1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
ZORO31	C1	EU095224	complete mtDNA	Zoro	South America	Mato Gross	Brazil	Fagundes et al., 2008
Cora10	C1	EU719728	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Hualapai04	C1	EU719768	16011-16684	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
MA068	C1	HQ012204	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA188	C1	HQ012212	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
NahuaAt64	C1	EU720073	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora76	C1	EU719735	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora76	C1	EU719735	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
Huichol54	C1	EU719846	16011-16684	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
I1878	C1	EU095226	complete mtDNA	Quechua	South America	Peru	Peru	Fagundes et al., 2008
Maya_c148_1	C1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil160_1	C1	not available	15878-16410	Tzotzil Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
N_Xochimilco	C1	not available	15996-16401	Nahualt Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_y151_1	C1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015

M	C1	not available	15996-16404	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
Zapotec021	C1	EU720331	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Quechua	C1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Pima	C1	not available	15996-16401	Pima	North America	Sonora	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya_c155_1	C1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c157_1	C1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y152_1	C1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr144_2	C1	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c153_1	C1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y150_1	C1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y153_1	C1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil159_6	C1	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil162_1	C1	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
GT17	C1	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Cora72	C1	EU719734	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
GT20	C1	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LaTinta_25	C1	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015

GT38	C1	not available	16030-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Mixe047	C1	EU719958	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
I1875	C1	EU095225	complete mtDNA	Quechua	South America	Peru	Peru	Fagundes et al., 2008
ZORO19	C1	EU095223	complete mtDNA	Zoro	South America	Mato Gross	Brazil	Fagundes et al., 2008
Zuni010	C1	EU720378	16011-16684	Zuni	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
Tarah017	C1	EU720260	16011-16684	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec011	C1	EU720329	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec014	C1	EU720330	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ARL58	C1	EU095227	complete mtDNA	Arara	South America	Laranjal	Brazil	Fagundes et al., 2008
Pima115	C1	EU720204	16011-16684	Pima	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Purépecha	C1	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	C1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
HGDP00870	C1	EU566351	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
Papago362	C1	EU720137	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Tarahumara	C1	not available	15996-16401	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	C1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Pima	C1	not available	15996-16401	Pima	North America	Sonora	Mexico	Sandoval et al., 2009

Pima	C1	not available	15996-16401	Pima	North America	Sonora	Mexico	Sandoval et al., 2009
Hualapai45	C1	EU719781	16011-16684	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Papago383	C1	EU720140	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Pima037A	C1	EU720217	16011-16684	Pima	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Y669	C1	EU095231	complete mtDNA	Yanomama	South America	Bolivar	Venezuela	Fagundes et al., 2008
Y591	C1	EU095229	complete mtDNA	Yanomama	South America	Bolivar	Venezuela	Fagundes et al., 2008
Y650	C1	EU095230	complete mtDNA	Yanomama	South America	Bolivar	Venezuela	Fagundes et al., 2008
160	C1a	EU007858.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
BR40	C1a	not available	15996-16401	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Ulchi	C1a	AY519496	complete mtDNA	Ulchi	Asia	Ulchsky, Khabarovsk	Russia	Starikovskaya et al., 2005
I160	C1a	EU007858	complete mtDNA	Nanai	Asia	Nanaisky, Khabarovsk	Russia	Ingman et al., 2000
Buryat324	C1a	EF153779	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
TCsq0052	C1a	AP008311	complete mtDNA	Japanese	Asia	Tokio	Japan	Tanaka et al., 2008
Wayuu4	C1b	EU095549	complete mtDNA	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Colombia	Tamm et al., 2007
LaTinta_18	C1b	not available	16029-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Purépecha	C1b	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	C1b	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009

N_Xochimilco	C1b	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Ixhuatlancillo	C1b	not available	15996-16401	Nahuatl Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
GT08	C1b	not available	16034-16569	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Hualapai62	C1b	EU719789	16011-16684	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
2486	C1b	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
O12	C1b	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
P2	C1b	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
YA3C	C1b	not available	15997-16401	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
MA203	C1b	HQ012215	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA090	C1b	HQ012207	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
Hualapai46	C1b	EU719782	16011-16684	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Jemez028	C1b	EU719907	16011-16684	Jemez	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
Jemez018	C1b	EU719906	16011-16684	Jemez	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
Papago351	C1b	EU720133	16011-16684	Papago	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Pima103	C1b	EU720202	16011-16684	Pima	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Huichol08	C1b	EU719841	16011-16684	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010

Pima119	C1b	EU720205	16011-16684	Pima	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
Zapotec001	C1b	EU720326	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
MA018	C1b	HQ012188	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA078	C1b	HQ012206	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA215	C1b	HQ012217	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
Na4C	C1b1	AY195759	complete mtDNA	Native American	North America	California	USA	Mishmar D. et al., 2003
C1-1-03	C1b2a	DQ282449	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-02	C1b2a	DQ282448	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-04	C1b2a	DQ282450	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-05	C1b2a	DQ282451	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-06	C1b2a	DQ282452	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-08	C1b2a	DQ282454	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-09	C1b2a	DQ282455	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-10	C1b2a	DQ282456	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-11	C1b2a	DQ282457	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-12	C1b2a	DQ282458b	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-1-01	C1b2a	DQ282447	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008

C1-1-07	C1b2a	DQ282453	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-06	C1b3	DQ282464	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
GT12	C1b4	not available	16030-16560	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
LP161	C1b4	JQ036515	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
Maya	C1b4	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
GT21	C1b4	not available	16034-16548	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
C1-4-02	C1b4	DQ282475	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-4-03	C1b4	DQ282476	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
113IA_F1	C1b4	EU431085	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
C1-2-03	C1b5	DQ282461	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-12	C1b5	DQ282469	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
125IA_A3	C1c	EU431086	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
126IA_A7	C1c	EU431087	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
13Tor24	C1c	EF079875	complete mtDNA	Dominican	Central America	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
Kogui12	C1c	EU095544	complete mtDNA	Kogui	North America	φφ SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
Arsario5	C1c	EU095527	complete mtDNA	Arsario	South America	³SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
C1-2-01	C1c	DQ282459	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008

C1-2-02	C1c	DQ282460	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-05	C1c	DQ282463	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-07	C1c	DQ282465	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
MA183	C1c	HQ012229	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA121	C1c	HQ012225	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
C1-2-11	C1c2	DQ282468	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-14	C1c2	DQ282471	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-08	C1c2	DQ282466	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-10	C1c2	DQ282467	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-04	C1c2	DQ282462	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-2-13	C1c2	DQ282470	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
LaTinta_29	C1c4	not available	16024-16569	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
S-984386	C1d	HM107353	complete mtDNA	Mestizo	South America	Huanucu	Peru	Perego et al., 2010
S-657487	C1d	HM107354	complete mtDNA	Mestizo	South America	Puca Puca	Peru	Perego et al., 2010
Otomí	C1d	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	C1d	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	C1d	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009

Purépecha	C1d	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
MA079	C1d	HQ012239	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
S-987389	C1d	HM107306	complete mtDNA	Mestizo	North America	Tamaulipas	Mexico	Perego et al., 2010
MA096	C1d	HQ012240	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
S-683498	C1d	HM107308	complete mtDNA	Mestizo	Central America	Chihuahua	Mexico	Perego et al., 2010
S-644177	C1d	HM107307	complete mtDNA	Mestizo	Central America	Guanajuato	Mexico	Perego et al., 2010
S-649798	C1d	HM107349	complete mtDNA	Mestizo	South America	Minas Gerais	Brazil	Perego et al., 2010
N_Xochimilco	C1d	not available	15996-16401	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
SA19	C1d	HM107309	complete mtDNA	Kolla	South America	Salta	Argentina	Perego et al., 2010
SA51	C1d	HM107310	complete mtDNA	Kolla	South America	Salta	Argentina	Perego et al., 2010
ABS174	C1d	HM107316	complete mtDNA	Mestizo	South America	Buenos Aires	Argentina	Perego et al., 2010
NahuaCu006	C1d	EU720098	16011-16684	Nahua	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
Maya_16	C1d	not available	16024-16550	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
Maya_21	C1d	not available	16024-16550	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
(27) Wa_RML	C1d	AF347013	complete mtDNA	Warao	South America	Orinoco Delta	Venezuela	Ingman M. et al., 2000
(28) Wa_SPACH	C1d	AF347012	complete mtDNA	Warao	South America	Orinoco Delta	Venezuela	Ingman M. et al., 2000
S-671578	C1d	HM107368	complete mtDNA	Mestizo	Central America	Puerto Cabezas	Nicaragua	Perego et al., 2010

Coreguaje1-54	C1d	EU095537	complete mtDNA	Coreguaje	South America	Orteguaza and Mecaya Rivers	Colombia	Tamm et al., 2007
Otomí	C1d	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
C1-3-02	C1d	DQ282473	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-3-03	C1d	DQ282474	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
C1-3-01	C1d	DQ282472	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
S-923879	C1d1	HM107339	complete mtDNA	Mestizo	South America	Lima	Peru	Perego et al., 2010
S-938246	C1d1	HM107359	complete mtDNA	Mestizo	South America	Piura	Peru	Perego et al., 2010
S-939485	C1d1	HM107360	complete mtDNA	Mestizo	South America	Huancavelica	Peru	Perego et al., 2010
S-686784	C1d1	HM107362	complete mtDNA	Mestizo	South America	Los Lagos	Chile	Perego et al., 2010
S-996796	C1d1	HM107365	complete mtDNA	Guna	Central America	Kuna Yala	Panama	Perego et al., 2010
S-915151	C1d1	HM107366	complete mtDNA	Mestizo	Central America	Panama	Panama	Perego et al., 2010
S-915473	C1d1	HM107367	complete mtDNA	Mestizo	Central America	Darien	Panama	Perego et al., 2010
S-987167	C1d1	HM107341	complete mtDNA	Mestizo	South America	Loreto	Peru	Perego et al., 2010
S-935165	C1d1	HM107343	complete mtDNA	Mestizo	South America	Imbabura	Ecuador	Perego et al., 2010
S-689881	C1d1	HM107338	complete mtDNA	Mestizo	South America	Rio Grande du Sul	Brazil	Perego et al., 2010
Evenki44	C1d1	AF346979	complete mtDNA	Evenki	Asia	Evenk Autonomous Okrug, Krasnoyarsk	Russia	Starikovskaya et al., 2005

S-919735	C1d1	HM107352	complete mtDNA	Mestizo	South America	Cajamarca	Peru	Perego et al., 2010
S-631499	C1d1a	HM107322	complete mtDNA	Mestizo	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2010
S-677163	C1d1a1	HM107320	complete mtDNA	Mestizo	North America	Quebec	Canada	Perego et al., 2010
S-678282	C1d1a1	HM107321	complete mtDNA	Mestizo	North America	Zacatecas	Mexico	Perego et al., 2010
SA27	C1d1b	HM107323	complete mtDNA	Kolla	South America	Salta	Argentina	Perego et al., 2010
Di23	C1d1b	HM107324	complete mtDNA	Diaguita	South America	Catamarca	Argentina	Perego et al., 2010
SA40	C1d1b	HM107325	complete mtDNA	Kolla	South America	Salta	Argentina	Perego et al., 2010
ABS228	C1d1b1	HM107327	complete mtDNA	Mestizo	South America	Buenos Aires	Argentina	Perego et al., 2010
Di22	C1d1b1	HM107326	complete mtDNA	Diaguita	South America	Catamarca	Argentina	Perego et al., 2010
ARN116	C1d1b1	HM107328	complete mtDNA	Mestizo	South America	Rio Negro	Argentina	Perego et al., 2010
S-629812	C1d1b1	HM107331	complete mtDNA	Mestizo	South America	Flores	Uruguay	Perego et al., 2010
S-934519	C1d1c	HM107334	complete mtDNA	Mestizo	North America	Oaxaca	Mexico	Perego et al., 2010
S-681241	C1d1d	HM107348	complete mtDNA	Mestizo	South America	Uruguay	Uruguay	Perego et al., 2010
S-681747	C1d1d	HM107347	complete mtDNA	Mestizo	South America	Rio Grande du Sul	Brazil	Perego et al., 2010
S-686135	C1d1e	HM107350	complete mtDNA	Mestizo	South America	Bio Bio	Chile	Perego et al., 2010
Mst64	C1d2	HM107315	complete mtDNA	Mestizo	South America	Colombia	Colombia	Perego et al., 2010
Mst42	C1d2a	HM107311	complete mtDNA	Mestizo	South America	Colombia	Colombia	Perego et al., 2010

Mst68	C1d2a	HM107312	complete mtDNA	Mestizo	South America	Colombia	Colombia	Perego et al., 2010
Creek 39	D	not available	16052-16354	Creek	North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
F69 Kaweskar	D	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
F74 Kaweskar	D	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
F68 Kaweskar	D	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
7146	D	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
BR52	D	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BOO72-15	D	KC414921	complete mtDNA	Ancient Siberian	Asia	Kola Peninsula, Murmansk	Rusia	Der Sarkissian et al., 2013
Zoró 7	D	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
Zoró 9	D	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
YA4D	D	not available	15997-16401	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
BR45	D	not available	15996-16401	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR48	D	not available	15996-16401	φ SE,S,N	South America	φ SE,S,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
BR50	D	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
1 S10/R08	D	not available	16047-16405	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
HU8D	D	not available	15997-16401	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000

13	D	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
605	D	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
2 S11/RXX	D	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
PE5D	D	not available	16086-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
BR46	D	not available	15996-16401	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
405	D	not available	16086-16401	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
c47	D	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
BR49	D	not available	15996-16401	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
GD7829	D	AY255151.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
F10 Kaweskar	D	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
AM50	D	not available	16039-16362	Yucatec Maya	North America	Yucatan Peninsula (Penutian)	México	Torrioni et al., 1993
F11 Kaweskar	D	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
7160a	D	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
6620-1	D	not available	16055-16401	Ciboney	Central America	Siboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
BR53	D	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
C75	D	not available	16023-16370	Mexican	North America	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000

HU10D	D	not available	15997-16401	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
YA3D	D	not available	15997-16401	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
HU9D	D	not available	15997-16401	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
HU1D	D	not available	15997-16401	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
F27 Aonikenk	D	not available	16154-16400	Aonikenk	South America	Magallanes and Santa Cruz River	Chile	García_Bour et al., 2004
F1 Aonikenk	D	not available	16154-16400	Aonikenk	South America	Magallanes and Santa Cruz River	Chile	García_Bour et al., 2004
F50 Kaweskar	D	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
PE3D	D	not available	16086-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
F57 Kaweskar	D	not available	16154-16400	Kaweskar	South America	Golfo de Penas and Magallanes	Chile	García_Bour et al., 2004
PE2D	D	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
PE1D	D	not available	15997-16401	Pehuenche	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
HU7D	D	not available	15997-16401	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
HU4D	D	not available	15997-16401	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
YA2D	D	not available	15997-16401	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
YA1D	D	not available	15997-16401	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
Zoró 12	D	not available	15997-16401	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
BR51	D	not available	15996-16401	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

1 S15/R10	D	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S16/R11	D	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S12/R09	D	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
1 S13/R09	D	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
2 S14/RXX	D	not available	16047-16405	**** Tribus	South America	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
BR47	D	not available	15996-16401	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
Movima 100	Da	not available	16051-16391	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
D1	D1	not available	16104-16362	Shamatari	South America	Roraima, Amazon	Venezuela	Williams et al., 2002
Tarah072	D1	EU720273	16011-16684	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
NahuaAt68	D1	EU720074	16011-16684	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec066	D1	EU720349	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Maya_qr164_2	D1	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_qr167_1	D1	not available	15878-16410	Maya Quintana Roo	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y168_1	D1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y170_1	D1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_y171_1	D1	not available	15878-16410	Maya Yucatan	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
Maya_c165_1	D1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015

Maya_c169_1	D1	not available	15878-16410	Maya Campeche	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil174_6	D1	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tzotzil175_2	D1	not available	15878-16410	Tzotzilt Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
Tojolabal172_12	D1	not available	15878-16410	Tojolabal Chiapas	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
135IA_G4	D1	EU431088	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
143IA_F2	D1	EU431089	complete mtDNA	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
Otomí	D1	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
Maya	D1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	D1	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Otomí	D1	not available	15996-16401	Otomí	North America	Hidalgo	Mexico	Sandoval et al., 2009
N_Ixhuatlancillo	D1	not available	15996-16401	Nahuatl Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
Pima	D1	not available	15996-16401	Pima	North America	Sonora	Mexico	Sandoval et al., 2009
Quechua	D1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Quechua	D1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Quechua	D1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
D1-1-10	D1	DQ282486	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-06	D1	DQ282482	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008

D1-1-07	D1	DQ282483	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-11	D1	DQ282487	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
HGDP00861	D1	EU566342	15934-16978	Yucatec Maya	North America	Yucatán	México	Healy M.E., and Hunley K.L., 2008
ZORO23	D1	EU095236	complete mtDNA	Zoro	South America	Mato Gross	Brazil	Fagundes et al., 2008
MA138	D1	HQ012253	complete mtDNA	Mexican American	North America		USA	Kumar et al., 2011
IC101	D1	KC676428	complete mtDNA	Mestizo	South America	São Paulo	Brazil	Cardena et al., 2013
BaGo018	D1	JQ996085	complete mtDNA	Gorotire tribe	South America	Pará	Brazil	Ramallo et al., 2013
DWT026	D1	JQ631114	complete mtDNA	Tibetan	Asia	Tibet	China	Qi et al., 2013
BRAAMAJa009	D1	JQ996094	complete mtDNA	Jamamadi	South America	Amazonas	Brazil	Ramallo et al., 2013
Mixe003	D1	EU719960	16011-16684	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Cora23	D1	EU719737	16011-16684	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
GAVIAO12	D1	EU095232	complete mtDNA	Gaviao	South America	Pará	Brazil	Fagundes et al., 2008
Maya	D1	not available	15996-16401	Campeche Maya	North America	Campeche	Mexico	Sandoval et al., 2009
Purépecha	D1	not available	15996-16401	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
Mixtec	D1	not available	15996-16401	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Sandoval et al., 2009
Quechua	D1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Na2D	D1	AY195748	complete mtDNA	Native American	North America	California	USA	Mishmar D. et al., 2003

Pima124	D1	EU720221	16011-16684	Pima	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
ARG178	D1	JQ736948	complete mtDNA	Mestizo	South America	Jujuy	Argentina	Cardoso et al., 2012
Mixtec042	D1	EU720028	16011-16684	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Zapotec034	D1	EU720347	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
Quechua	D1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Quechua	D1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Quechua	D1	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
Coreguaje1-31	D1	EU095536	complete mtDNA	Coreguaje	South America	Orteguaza and Mecaya Rivers	Colombia	Tamm et al., 2007
PTJ01	D1	EU095239	complete mtDNA	Poturuja	South America	Pará	Brazil	Fagundes et al., 2008
Zapotec062	D1	EU720348	16011-16684	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
MA181	D1	HQ012258	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
Teh26	D1	JQ280322	complete mtDNA	Tehuelche	South America	Chile	Chile	De Saint Pierre et al., 2011
Teh13	D1	JQ280321	complete mtDNA	Tehuelche	South America	Chile	Chile	De Saint Pierre et al., 2011
GAVIAO26	D1	EU095233	complete mtDNA	Gaviao	South America	Pará	Brazil	Fagundes et al., 2008
KTN18	D1	EU095238	complete mtDNA	Katuena	South America	Amazonas	Brazil	Fagundes et al., 2008
Tarah077	D1	EU720274	16011-16684	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
MA200	D1	HQ012259	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011

WAIWAI05	D1	EU095235	complete mtDNA	Waiwai	South America	Pará	Brazil	Fagundes et al., 2008
TYR04	D1	EU095240	complete mtDNA	Tiryo	South America	Amazonas	Brazil	Fagundes et al., 2008
TYR16	D1	EU095241	complete mtDNA	Tiryo	South America	Amazonas	Brazil	Fagundes et al., 2008
(30) G_GRC150	D1a	AF346984	complete mtDNA	Warao	South America	Orinoco Delta	Paraguay	Ingman M. et al., 2000
(30) G_GRC150	D1a	AF346984	complete mtDNA	Warao	South America	Orinoco Delta	Paraguay	Ingman M. et al., 2000
17Tor25	D1b	EF079876	complete mtDNA	Dominican	Central America	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
D1-1-03	D1b	DQ282479	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-08	D1b	DQ282484	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-02	D1c	DQ282478	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-01	D1c	DQ282477	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-05	D1c	DQ282481	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-04	D1d	DQ282480	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
D1-1-09	D1d	DQ282485	complete mtDNA	Hispanic	North America	USA	USA	Just R.S. et al., 2008
2	D2	not available	16104-16362	Shamatari	South America	Roraima, Amazon	Venezuela	Williams et al., 2002
Yuk93	D2	EU482386	16013-16520	Yukaghir	Siberia	Sakha Republic	Russia	Volodko et al., 2008
AL23	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL26	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003

14	D2	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
15	D2	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
AL20	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL21	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL22	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL27	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
Chukchi170	D2	EU095534	complete mtDNA	Chukchi	Bering	Siberia	Asia	Tamm et al., 2007
Eskimo2	D2	EU095539	complete mtDNA	Eskimo	Bering	Siberia	Asia	Tamm et al., 2007
Evenk2	D2	EU095541	complete mtDNA	Evenk	Asia	western Siberia	Asian Russia	Tamm et al., 2007
Evenk34	D2	EU095542	complete mtDNA	Evenk	Asia	western Siberia	Asian Russia	Tamm et al., 2007
16	D2	not available	complete mtDNA	Chukchi and Eskimo	Bering	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
AL24	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
AL25	D2	not available	16000-16400	Aleut	Bering	** Five different Islands	Bering	Rubicz et al., 2003
NahuaCu057	D2	EU720103	16011-16684	Nahua	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
Ale32	D2	EU482334	16013-16520	Tlingit	Asia	Commander Islands	Russia	Volodko et al., 2008
Yakut44	D2	EF153831	complete mtDNA	Yakut	Asia	Sakha Republic	Russia	Derenko et al., 2007

Chuk30	D2	EU482339	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chuk36	D2	EU482340	16013-16520	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Esk43	D2	EU482357	16013-16520	Eskimo	Asia	Chukotka	Russia	Volodko et al., 2008
Chukchi2	D2	EF153804	complete mtDNA	Chukchi	Asia	Chukotka	Russia	Derenko et al., 2007
IX Aleuts	D2a	EU660536.1	complete mtDNA	Eskimo	Bering	Russia	Bering	Derbeneva et al., 2002
Buryat412	D2a	EF153788	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
Buryat608	D2a	EF153796	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2007
Khamnigan27	D2a	EF153815	complete mtDNA	Khamnigan	Asia	Evenk Autonomous, Krasnoyarsk	Russia	Derenko et al., 2007
128	D2a2	EU007835.1	complete mtDNA	φφφAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
I Aleuts	D2b	EU660538.1	complete mtDNA	Aleuts	Bering	Commanders	Bering	Derbeneva et al., 2002
II Aleuts	D2b	EU660570.1	complete mtDNA	Aleuts	Bering	Commanders	Bering	Derbeneva et al., 2002
III Aleuts	D2b	EU660539.1	complete mtDNA	Aleuts	Bering	Commanders	Bering	Derbeneva et al., 2002
IV Aleuts	D2b	EU660542.1	complete mtDNA	Aleuts	Bering	Commanders	Bering	Derbeneva et al., 2002
V Aleuts	D2b	EU660545.1	complete mtDNA	Aleuts	Bering	Commanders	Bering	Derbeneva et al., 2002
VI Aleuts	D2b	EU660546.1	complete mtDNA	Aleuts	Bering	Commanders	Bering	Derbeneva et al., 2002
VII Aleuts	D2b	EU660547.1	complete mtDNA	Aleuts	Bering	Commanders	Bering	Derbeneva et al., 2002

XII Aleuts	D2c	EU660553.1	complete mtDNA	Eskimo	Bering	Russia	Bering	Derbeneva et al., 2002
XIII Aleuts	D2c	EU660556.1	complete mtDNA	Eskimo	Bering	Russia	Bering	Derbeneva et al., 2002
XIV Aleuts	D2c	EU660557.1	complete mtDNA	Eskimo	Bering	Russia	Bering	Derbeneva et al., 2002
RU9	D3	FJ858885	complete mtDNA	Yukaghir	Asia	Sakha Republic	Russia	Mazinin et al., 2009
NgnA55	D3	EU660537	complete mtDNA	Nganasan Avam	Asia	Taimyr, Krasnoyarsk	Russia	Derbeneva et al., 2002
Mansi65	D3	FJ858884	complete mtDNA	Mansi	Asia	Khanty–Mansia	Russia	Mazinin et al., 2009
Ckrd20	D3	FJ858883	complete mtDNA	Even	Asia	Evenk Autonomous, Krasnoyarsk	Russia	Mazinin et al., 2009
YXY034	D4	JQ635831	complete mtDNA	Tebetian Plateau	Asia	Tibet	China	Qi et al., 2013
RCY1047	D4	JQ635159	complete mtDNA	Tebetian Plateau	Asia	Tibet	China	Qi et al., 2013
U-11-D4	D4	KC844247	complete mtDNA	Mississippian archaeological site	North America	Indiana	USA	Marshall and Kaestle, 2013
LP521	D4	JQ036875	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP309	D4	JQ036663	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP128	D4	JQ036482	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP104	D4	JQ036458	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
Kny994_Kank	D4	KC994142	complete mtDNA	Kankanaey	Asia	Mountain Province	Philippines	Delfin et al., 2010
LN7550	D4	AY255134.2	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003

LP208	D4a	JQ036562	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP215	D4a	JQ036569	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP021	D4a1e	JQ036375	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
QD8166	D4a	AY255160.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
62	D4b	EU007895.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Khm49	D4b1a2	FJ951581	complete mtDNA	Evenki	Asia	Khamnigan	Russia	Derenko et al., 2010
GD7830	D4b2	AY255165.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
LAO166	D4b2b	HM852275	complete mtDNA	Laos	Asia	Khammouane	Laos	Bodner et al., 2011
LP050	D4b2b	JQ036404	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP214	D4b2b	JQ036568	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
Bargut_Bt79	D4b2b1c	FJ951538	complete mtDNA	Bargut	Asia	Inner Mogolia	China	Derenko et al., 2010
MA081	D4e1	HQ012262	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
MA035	D4e1	HQ012261	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
210	D4f	EU007883.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
LP196	D4g2a	JQ036550	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	Asia	Wang et al., 2012
Cayapa600	D4h3	EU095531	complete mtDNA	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
Quechua	D4h3	not available	15996-16401	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009

Tarahumara	D4h3a	not available	15996-16401	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Sandoval et al., 2009
31(S-653733_Tor667)	D4h3a	FJ168742.1	complete mtDNA	Popolucas del sureste	Central America	Veracruz	Mexico	Perego et al., 2009
33(S-932724_Tor668)	D4h3a	FJ168743.1	complete mtDNA	Arequipa	South America	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
34(S-654828_Tor669)	D4h3a	FJ168744.1	complete mtDNA	Arequipa	South America	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
35(S-971122_Tor670)	D4h3a	FJ168745.1	complete mtDNA	Yoeme (Yaquis)	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
36(S-979636_Tor671)	D4h3a	FJ168746.1	complete mtDNA	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Perego et al., 2009
37(S-985814_Tor672)	D4h3a	FJ168747.1	complete mtDNA	Suyu	South America	Loreto	Peru	Perego et al., 2009
38(S-919469_Tor673)	D4h3a	FJ168748.1	complete mtDNA	Suyu	South America	Loreto	Peru	Perego et al., 2009
39(S-971145_Tor674)	D4h3a	FJ168749.1	complete mtDNA	Piura	South America	Tumbes-Piura Region	Peru	Perego et al., 2009
40(S-973985_Tor675)	D4h3a	FJ168750.1	complete mtDNA	Halajtayata	South America	La Paz	Bolivia	Perego et al., 2009
41(S-929641_Tor676)	D4h3a	FJ168751.1	complete mtDNA	Apurimac	South America	Departamento del Peru	Peru	Perego et al., 2009
42(S-975949_Tor677)	D4h3a	FJ168752.1	complete mtDNA	Ancash	South America	Ancash	Peru	Perego et al., 2009
43(S-974153_Tor678)	D4h3a	FJ168753.1	complete mtDNA	Mexican	North America	San Luis Potosi	Mexico	Perego et al., 2009
45(S-689588_Tor679)	D4h3a	FJ168754.1	complete mtDNA	Maranhão	South America	Región Nordeste de Brasil	Brazil	Perego et al., 2009
46(S-619738_Tor680)	D4h3a	FJ168755.1	complete mtDNA	Native American	North America	California	USA	Perego et al., 2009
MA046	D4h3a	HQ012263	complete mtDNA	Mexican American	North America	USA	USA	Kumar et al., 2011
02(S-686324_Tor638)	D4h3a1	FJ168713.1	complete mtDNA	Puna Atacameña	South America	Atacama	Chile	Perego et al., 2009

03(S-979194_Tor639)	D4h3a1	FJ168714.1	complete mtDNA	Coquimbo	South America	San Juan	Chile	Perego et al., 2009
04(S-613299_Tor640)	D4h3a1	FJ168715.1	complete mtDNA	O'Higgins	South America	Santiago	Chile	Perego et al., 2009
05(S-686586_Tor641)	D4h3a1	FJ168716.1	complete mtDNA	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
06(S-686988_Tor642)	D4h3a1	FJ168717.1	complete mtDNA	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
07(S-973368_Tor643)	D4h3a1	FJ168718.1	complete mtDNA	Coquimbo	South America	San Juan	Chile	Perego et al., 2009
08(S-686634_Tor644)	D4h3a1	FJ168719.1	complete mtDNA	Talcahuano	South America	Talcahuano	Chile	Perego et al., 2009
09(S-686665_Tor645)	D4h3a1	FJ168720.1	complete mtDNA	Mapuche	South America	Santiago Metropolitan	Chile	Perego et al., 2009
10(S-686545_Tor646)	D4h3a1	FJ168721.1	complete mtDNA	Mapuche-Huilliche	South America	Los Lagos	Chile	Perego et al., 2009
11(S-686388_Tor647)	D4h3a1	FJ168722.1	complete mtDNA	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
12(S-686956_Tor648)	D4h3a1	FJ168723.1	complete mtDNA	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
13(S-686993_Tor649)	D4h3a2	FJ168724.1	complete mtDNA	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
14(S-686932_Tor650)	D4h3a2	FJ168725.1	complete mtDNA	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
15(S-686992_Tor651)	D4h3a2	FJ168726.1	complete mtDNA	Coquimbo	South America	San Juan	Chile	Perego et al., 2009
16(S-973369_Tor652)	D4h3a2	FJ168727.1	complete mtDNA	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
N_Ixhuatlancillo	D4h3a3	not available	15996-16401	Nahuatl Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
17(S-686445_Tor653)	D4h3a3	FJ168728.1	complete mtDNA	Aymaras	South America	Tarapacá	Chile	Perego et al., 2009
18(S-612724_Tor654)	D4h3a3	FJ168729.1	complete mtDNA	Nuevo León	North America	Nuevo León	Mexico	Perego et al., 2009

19(S-683481_Tor655)	D4h3a3	FJ168730.1	complete mtDNA	Native American	North America	California	USA	Perego et al., 2009
20(S-652677_Tor656)	D4h3a3	FJ168731.1	complete mtDNA	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Perego et al., 2009
21(S-652966_Tor657)	D4h3a3	FJ168732.1	complete mtDNA	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Perego et al., 2009
22(S-652654_Tor658)	D4h3a3	FJ168733.1	complete mtDNA	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Perego et al., 2009
23(S-653819_Tor659)	D4h3a3	FJ168734.1	complete mtDNA	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Perego et al., 2009
24(S-923767_Tor660)	D4h3a4	FJ168735.1	complete mtDNA	Suyu	South America	Loreto	Peru	Perego et al., 2009
25(S-936457_Tor661)	D4h3a4	FJ168736.1	complete mtDNA	Arequipa	South America	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
26(S-936749_Tor662)	D4h3a4	FJ168737.1	complete mtDNA	Arequipa	South America	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
27(S-674152_Tor663)	D4h3a5	FJ168738.1	complete mtDNA	La Libertad	South America	Amazon Region	Peru	Perego et al., 2009
28(S-686647_Tor664)	D4h3a5	FJ168739.1	complete mtDNA	Maule	South America	Provincia Talca	Chile	Perego et al., 2009
29(S-686678_Tor665)	D4h3a5	FJ168740.1	complete mtDNA	Mapuche-Huilliche	South America	Los Lagos	Chile	Perego et al., 2009
30(S-973354_Tor666)	D4h3a5	FJ168741.1	complete mtDNA	Mapuche	South America	Santiago Metropolitan	Chile	Perego et al., 2009
01(QD8153_Tor637)	D4h3b	FJ168712.1	complete mtDNA	Chang	Asia	Shandong	China	Perego et al., 2009
184	D4i	EU007867.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
159	D4i	EU007857.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
188	D4j	EU007871.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
198	D4j	EU007877.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007

LP094	D4j3	JQ036448	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
174	D4m	EU007866.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
Buryat_Br511	D4r	FJ951486	complete mtDNA	Buryat	Asia	Buryatia	Russia	Derenko et al., 2010
171	D4s	EU007863.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
YN289	D5	AY255169.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
LP145	D5a	JQ036499	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP219	D5a	JQ036573	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
GD7837n	D5a	AY255162.1	complete mtDNA	Han	Asia	across China	Asia	Kong et al., 2003
LP455	D5a	JQ036809	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP110	D5a	JQ036464	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP283	D5a2a	JQ036637	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP033	D5a3	JQ036387	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
LP108	D5b	JQ036462	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012
222	D5c	EU007893.1	complete mtDNA	ϕϕϕAsian	Asia	Mongolia, Siberia, Rusia y China	Asia	Ingman et al., 2007
LP025	D6c	JQ036379	complete mtDNA	Han Chinese	Asia	Yunnan	China	Wang et al., 2012

XII. ANEXO

12.1 ANEXO 1. Artículo Aceptado para su publicación

De: Ripan S Malhi <editor-humbiol-2574-1824936@digitalcommons.wayne.edu>

Enviado: viernes, 3 de junio de 2016 10:09 a. m.

Para: Dra. Lourdes Munoz Moreno

Cc: The Authors; The Editors

Asunto: MS #2574 - Human Biology

Dear Mirna Isabel Ochoa Lugo, Maria de Lourdez Muñoz, Gerardo Pérez-Ramírez, Kristine G. Beaty, Mauro Lopez-Armenta, Javiera Cervini-Silva, Miguel Moreno Galeana, Adrián Martínez Meza, Eduardo Ramos, Michael H. Crawford, and Arturo Romano-Pacheco,

Congratulations! After careful review, your article "Genetic affiliation of prehispanic and contemporary Mayas through maternal lineage" has been accepted into Human Biology. We look forward to publishing your article as soon as possible.

When you are satisfied that your paper meets the journal's formatting requirements and is ready to publish, please upload your revision and be sure to also include a cover letter detailing the changes you have made. If you are satisfied with the article as it is, let me know that as well.

The current version of your submission is available here:

<http://digitalcommons.wayne.edu/cgi/preview.cgi?article=2574&context=humbiol>

You may also view the reviews and preview your submission on that page. To submit revisions, use the Revise Submission link on that page.

Please make sure that your paper adheres to the formatting requirements at

<http://digitalcommons.wayne.edu/humbiol/styleguide.html>

Thank you,

Ripan S Malhi
Editor

Human Biology

Genetic affiliation of pre-Hispanic and contemporary Mayas through maternal lineage

Authors:

Mirna Isabel Ochoa-Lugo¹, Maria de Lourdes Muñoz^{1,2,*}, Gerardo Pérez-Ramírez¹, Kristine G. Beaty², Mauro Lopez-Armenta⁵, Javiera Cervini-Silva^{3,4}, Miguel Moreno-Galeana¹, Adrián Martínez Meza⁶, Eduardo Ramos⁶, Michael H. Crawford², Arturo Romano-Pacheco^{6,7}.

Author affiliations:

¹Department of Genetics and Molecular Biology, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, México, D. F., México; ²Laboratory of Biological Anthropology, University of Kansas, Lawrence, KS; ³Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa; ⁴Earth Sciences Division, Lawrence Berkeley National Laboratory; ⁵Laboratorio de Genética del Instituto de Ciencias Forenses (INCIFO) del Tribunal Superior de Justicia del Distrito Federal, México D. F., México; ⁶Department of Physical Anthropology, Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH), México; ⁷Universidad del Claustro de Sor Juana.

*Correspondence to: Maria de Lourdes Muñoz, Department of Genetics and Molecular Biology, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Av. Instituto Politécnico Nacional 2508, Col. San Pedro Zacatenco, 07360, México D.F., México. México, D. F., México; Laboratory of Biological Anthropology, University of Kansas, Lawrence, KS, USA

Keywords: Pre-Hispanic Populations, Ancient DNA, Mitochondrial DNA, Indigenous People, Mesoamerica, America, Migration.

Running title: Maternal lineage in pre-Hispanic and contemporary Mayas

Abstract.

Maya civilization developed in Mesoamerica and encompassed all of the Yucatan Peninsula, Guatemala, Belize, part of the Mexican states of Tabasco and Chiapas, and the western parts of Honduras and El Salvador. This civilization persisted approximately three thousand years and was one of the most advanced of its time, possessing the only known full writing system, art, and sophisticated architecture, as well as mathematical and astronomical systems. This civilization reached the apex of its power and influence during the Preclassic period, from 2000 Before the Current Era (BCE)-250 Current Era (CE). Genetic variation in the pre-Hispanic Mayas from archaeological sites in the states of Yucatan, Chiapas, Quintana Roo, and Tabasco, Mexico, and their relationship with the contemporary communities in these regions have not been previously studied. Consequently, the principal aim of this study was to determine the mitochondrial DNA (mtDNA) variation in the pre-Hispanic Maya population and to assess the relationship of these individuals with contemporary Mesoamerican Maya and populations from Asia, Beringia, and North, Central, and South America. Our results revealed 1) interactions and gene flow between populations in the different archaeological sites assessed in this study; 2) the mtDNA haplogroup frequency in the pre-Hispanic Maya population (60.53%, 34.21%, and 5.26% for haplogroups A, C and D, respectively) was similar to most Mexican and Guatemalan Maya populations, with haplogroup A exhibiting the highest frequency; 3) haplogroup B most likely arrived independently and mixed with populations carrying haplogroups A and C based on its absence in the pre-Hispanic Mexican Maya populations and low frequencies in most Mexican and Guatemalan Maya populations, although this also may be due to drift; 3) Maya and Ciboneys sharing haplotype H10 belonged to haplogroup C1 and haplotype H4 of haplogroup D suggesting shared regional haplotypes indicating a shared genetic ancestry suggesting regional interaction between populations in the Circum-Caribbean region than previously demonstrated; 4) haplotype sharing between the pre-Hispanic Maya and the indigenous populations from Asia, the Aleutian islands, and North,

Central and South America provide evidence for gene flow from the ancestral Amerindian population of the pre-Hispanic Maya to Central and South America.

Introduction

The Maya civilization was one of the best known classical civilizations of Mesoamerica that developed into a society equipped with astronomy, mathematics, a calendar system, hieroglyphic writing, astrology and agricultural innovations. The Maya are an indigenous people of Mexico and Central America and the descendants of the people who built the great cities are still residing on the same lands.

Historical documentation suggests that the ancestors of the Maya came to the Yucatan Peninsula through the Bering land bridge from North Asia. Eventually, these Maya immigrated south to Lake Petén, Guatemala, where they established a kingdom with their capital and sacred city of Flores Island in the lake [Muñoz et al., 2012b]. The Yucatan peninsula became the principal region of a new culture, called Toltec/Maya, which formed when Toltec migrated from the north and integrated with the Maya people.

Cultivation of the Maya Civilization

Human activity in Mexico during hunter-gatherer culture sustained through corn cultivation, basic pottery and stone tools that date back to the Holocene Epoch in 7200 BCE (Before the Current Era) [Ranere et al., 2009]. Furthermore, a phytolith analysis of sediments from San Andres, Tabasco, confirmed the diffusion of maize cultivation from the tropical Mexican Gulf Coast >7,000 years ago ($\approx 5,800$ BCE), followed by the rapid spread of the crop to South and North America by the ancestors of the Maya [Pohl et al., 2007; da Fonseca et al., 2015; Piperno et al., 2009; Grobman et al., 2012]. This diffusion is further supported by evidence suggesting that the introduction of maize

into the Southwest United States occurred before 2,050 BCE [Merrill et al. 2009; Kemp et al., 2010; Kohler and Reese, 2014].

Olmec influence on Maya

Olmec considered the oldest culture in Mesoamerica settled along the Gulf of Mexico and began building cities of stone and brick during the Pre-Classic Period. While the nature of the relationship between the Olmec and the Mayas is unknown, some archeologists have suggested that the Mayans were their descendants and/or trading partners [Benson, 1967]. Indirect evidence of the relatedness of the Olmecs and Mayans supports the notion that the Olmecs may have been the precursors of Mayans, as suggested by Arnaiz-Villena et al. [2000] based on HLA allele frequency distributions. Inomata et al. [2013] and Pringle [2013] have also documented the growth of the ceremonial space into a plaza-pyramid complex at Ceibal, Guatemala that predates the buildings at other lowland Maya sites, as well as the major occupations at the Olmec center of La Venta. These authors suggested that the development of lowland Maya civilization did not result directly from the influence of the Olmecs but from interactions with groups in the southwestern Maya lowlands, Chiapas, the Pacific Coast, and the southern Gulf Coast [Pringle, 2013; Inomata et al., 2013]. There is evidence for a settlement at La Venta between 1400 and 1150 BCE that expanded between 1150 and 800 BCE and developed into a major temple-town complex [Rust and Sharer, 1988].

Maya Language

Language and culture could also have played a pivotal role in Mesoamerica during the colonization of the American continent. Proto-Mayan is the common ancestor of all modern Mayan languages today and the Classic Maya languages documented in the hieroglyphic inscriptions [Law, 2013]. According to the classification scheme by Campbell and Kaufman [1985], Proto-Mayan was split in 6 main branches: K'iche'an, Mamean, Q'anjob'alan, Ch'olan-Tzeltalan, Yuktatekan, and Wastekan, the first division occurred circa 2200 BCE, when Wastekan moved northwest along the Gulf Coast

of Mexico. Subsequently, each subgroups was spawned and at present time the Maya language family includes approximately 31 languages spoken by more than 5 million people in Guatemala, Mexico, Belize, Honduras, and in diaspora communities in the US and Canada [Law, 2013]. Three languages are now extinct: Chikomuseltek [Campbell and Kaufman 1985; Ch'olti' [Houston et al., 2000; Law, 2013] and the language of Maya hieroglyphic inscriptions recorded from approximately 20,000 terse hieroglyphic inscriptions [Law, 2013]. Linguistic and maternal genetic diversity have not been correlated in Native Mexicans [Sandoval et al., 2009]).

Background on Maya genetics

Several important factors that could influence the magnitude of genetic admixture in the Maya include gene flow between different locations, including genetic exchange with people who adopted maize, other domesticates, and ceramic use but without a sedentary lifestyle for many centuries [Inomata et al., 2015], as well as gene flow introduced by rival Mayan groups. A recent study has suggested that those early migratory people contributed to the monumental constructions and public ceremonies in the lowland Maya site of Ceibal [Inomata et al., 2015]. This study supports the idea that the development of sedentism was a complex process involving and facilitating social interactions among diverse groups [Inomata et al., 2015]. Furthermore, Ragsdale et al. [2015] also suggested that trade and political relationships affected the population structure among Postclassic Mexican populations.

Several authors have used biological indicators such as dental morphology to reconstruct patterns of affinity among ancient and modern human groups [Scherer, 2007; Cucina et al., 2015, Aubry, 2009; Ragsdale et al., 2015]. The study of the population structure of the Classic period (250 BCE to 900 CE) Maya through analysis of the odontometric variation of 827 skeletons from 12 archaeological sites in Mexico, Guatemala, Belize, and Honduras indicated that the isolation by distance model is not applicable to the population structure of Classic period Maya [Scherer, 2007]. Further studies

examining dental morphology and $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ ratios indicated intense population dynamics in the peninsula during the Maya Classic period. These authors concluded that the different natures of the dental and isotopic indicators were consistent with proposed trade routes in the peninsula [Cucina et al., 2015].

Background Mitochondrial DNA

From an archaeological perspective, the primary indicator of contact and the sharing of ideas or culture between populations is the presence of foreign goods or architectural patterns in archaeological sites. From a biological point of view, population interactions can be inferred through the genetic makeup of the population, in which a high diversity in both haplogroups and haplotypes can show evidence of admixture, whereas homogeneity in mtDNA lineages shows evidence of drift [Cann et al., 1987; Wallace et al., 1999; Pakendorf and Stoneking, 2005; Nesheva, 2014].

Mitochondrial DNA has been used to elucidate the maternal evolutionary history of anatomically modern humans through the reconstruction of prehistoric human dispersals [Forster et al., 1996; Goebel et al., 2008; Theyab, et al., 2012; Melton, et al., 2013; Mendisco et al., 2014] and to study human genetic predispositions to various diseases [Chen et al., 2015; Montiel-Sosa et al., 2013; Scheibye-Knudsen et al., 2013; Delgado-Sánchez et al., 2007]. These studies are possible because mtDNA (1) is transmitted as a non-recombining unit through maternal lineages, (2) provides an exceptional record of mutations over time [Ingman et al., 2000], (3) is present in numerous copies in each cell, and (4) databases of entire human mtDNA sequences are readily available for comparison [Falk et al., 2014; Shokolenko et al., 2015].

Previous studies investigating mtDNA in contemporary Mayan populations have suggested that Native Mexican populations are more closely related genetically to North American populations [González - Martín et al., 2015] and that this genetic structure is related to geography rather than to

language. Additionally, genetic differences have been identified between the populations from the northern and central regions of Mexico and Mesoamerica [Gorostiza et al., 2012]. Furthermore, the heterogeneity of the Nahuas suggests that this group is composed of several genetically distinct cultural groups that were absorbed by the Aztecs [González - Martín et al., 2015] and later admixed with the Maya populations.

These phylogenetic studies using mtDNA data suggest a demographic scenario that is compatible with moderate local endogamy and isolation of the contemporary Maya combined with episodes of gene exchange between ethnic groups and that the recent adoption of an ethnic identity in the Guatemalan Maya stems from a cultural rather than a biological basis [Söchtig et al., 2015].

Occupations in South America may have resulted from a different process involving multiple early migrations and subsequent population movements. Lewis et al. [2007] suggested that later regional isolation and differential evolutionary processes led to the formation of greater diversity estimated within western populations, and limited genetic differentiation estimated among western populations was likely attributed to larger population sizes and more extensive gene flow within this region, as well as a period of reduced population sizes and more restricted gene flow. Concurrently, the findings of de Saint Pierre [2012] indicated that the present native populations inhabiting South Chile and Argentina comprise a group with a common origin, suggesting a population break between the extreme south of South America and the more northern part of the continent. They concluded that the early colonization process was not just an expansion from north to south but also included movements across the Andes.

To date, no studies have investigated the origin and diversity of Maya maternal lineages in the Mexican region. This analysis addresses this deficiency through the use of pre-Hispanic samples from archeological sites including Xcambo, Bonampak (Group Frey and Group Quemado), Palenque (Temple XIII, Temple XV, Group B), Rey Quintana Roo, and Comalcalco (Temple V, Temple III, Tenosique, El Comal, Working areas, Dren, Peje Lagarto Pinos, Sueños de Oro,

Calicanto (Figure 1). In addition, the genetic variation in these pre-Hispanic Mayas and their relationship with contemporary Maya populations (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize), Asia, Bering, North America, Central America and South America were determined to better understand their relationship and the effects of gene flow on contemporary Mayas (Suppl. Figure 2).

Materials and Methods

Archaeological sites from which bone samples for this study were obtained.

(1) Bonampak was occupied in the earliest Classic period 250 BCE and is located in the Lacandon Jungle, 30 km to the south of Yaxchilan near the border of Mexico and Guatemala. Its maximal cultural peak at approximately 743 CE is highlighted by one of the major features of this archaeological site: the mural paintings on buildings that surround the central plaza [Flores-Gutierrez, 2007]. In this study we include 1) four samples from the “Quemado group” located 250 m to the northeast of the Gran Plaza and 2) one sample from the “Frey group” located 350 m to the north of the Acropolis (Figure 1, Table 1).

(2) The Classic Maya site of Palenque (226 BCE to 799 C.E.) is situated on a limestone shelf at the base of the Sierra de Palenque. Located near the Usumacinta River in the Mexican state of Chiapas, it lies approximately 130 km south of “Ciudad del Carmen” and 150 m above sea level. Remains from Palenque Temple XIII and Temple XV are distinguished by the naturalistic sculpture, architectural inventiveness, and detailed epigraphic record. At present, this region is inhabited by Chol-speaking Mayas [Schele, 2012]. The Mayas used old buildings to construct new temples, and an earlier structure lies beneath the Palace that was built before the construction of the galleries, suggesting a much earlier occupation of the site, probably by the same group of Mayas that

constructed the rest of the ceremonial center [Ruz Lhuillier-cited by Schele, 2012]. This study includes 9 samples from this archeological site (Figure 1, Table 1).

(3) Comalcalco (“House of Frying Pans” in Nahuatl) is one of the most significant ancient cities in Tabasco, and the only Mayan city built with bricks of baked clay instead of stone. This archaeological site is made up of three complexes: the North Square, the Great Acropolis and the Acropolis of the East. It is similar in design to Palenque, and it flourished as an agricultural center specializing in cacao. The clay bricks are decorated with iconography and/or hieroglyphs, sand and oyster shells. Comalcalco is believed to feature the earliest brick buildings found in Mesoamerica. The city was a center of the Chontal Maya people who flourished in 500 CE, and it was abandoned in approximately 1000 CE. The chemical composition of the figurines found in Comalcalco are equivalent to those found on Jaina Island [Ochoa, 2004]. Dren is also located in Comalcalco, but in the working areas. Thus, it is possible that the samples were from the common people living in this area. This study includes 6 samples from this archeological site (Figure 1, Table 1).

(4) “Sueños de Oro”, Tenosique, Calicanto Jalapa, and Peje Lagarto, Huamanguillo are small archaeological sites in Tabasco located proximal to the major archeological sites in Tabasco (Figure 1, Table 1). “Sueños de Oro” is also known as “El ceibo” and is approximately 59 km from the municipality of Tenosique on the Guatemalan border. This study includes 2 samples from Sueños de Oro, 5 from Tenosique, 1 from Calicanto and 1 from Peje Lagarto (Table 1).

(5) El Rey Quintana Roo, named Nizuctec (250-600 CE), is located in Cancun in the state of Quintana Roo—it was known as Nizuc in early Colonial times [Andrews, 2006]. This study includes 5 samples from this archaeological site (Figure 1, Table 1).

(6) Xcambo is a small archaeological site located 2 km from the northern coast of the Yucatan Peninsula in the Municipality of Dzemul. The occupation of this city dates back to 150 BCE to 300 CE. Archaeological evidence suggests that Xcambo provided salt to the Mayan cities of Izamal,

Oxkintok and Ah Kim Pech [Aubry, 2009]. This study includes 2 samples from Xcambo (Figure 1, Table 1).

Samples

DNA analysis was performed for 38 pre-Hispanic individuals from the following archeological sites: Xcambo, Bonampak (Group Frey and Group Quemado), Palenque (Temple XIII, Temple XV, Group B), El Rey Quintana Roo, and Comalcalco (Temple V, Temple III, El Comal, Working areas), Dren, Peje Lagarto Pinos, Sueños de Oro, and Calicanto (Figure 1 and Table 1).

Archaeological bone samples (0.5 mg) from 2 different areas of each skeleton were collected for this study. Pre-Hispanic bone samples were donated by the INAH (Instituto Nacional de Antropología e Historia, Mexico). One sample was eliminated because the DNA was damaged.

Ancient Sample Preparation for DNA Extraction

DNA purification was preceded by sample decontamination to eliminate exogenous surface DNA. Each sample was washed with full-strength Clorox bleach followed by rinsing with DNA-free ddH₂O and UV light irradiation of each facet for 30 min [Muñoz et al., 2012a]. Gloves, masks, hats, coats and filter pipet tips were used in all experiments to avoid sample contamination in the laboratory [Adler et al., 2011, Campos et al., 2012; Muñoz et al., 2012a].

All sample preparations, DNA extractions and PCR amplifications were completed in the UV sterilization room (positive-pressure clean room with filtered air). The clean room contains an anteroom. This room is routinely cleaned with bleach, and all containers are wiped before being placed in the laboratory. A more complete explanation of the laboratory procedures and methods utilized in this analysis is provided in Smith et al. [2009]. Furthermore, a database containing mitochondrial control region sequences is maintained for all personnel working in the laboratory and any personnel who may have come in contact with human remains prior to the DNA analysis.

DNA Extraction

Bone powder was generated by grinding the skeletal material with a mortar and pestle until a fine powder was obtained. The powder (0.100 g) was transferred into a sterile 15-ml tube and suspended in 2 ml of extraction buffer (0.01 M Tris-HCl, 0.1 M EDTA and 0.2% SDS pH 8.0). The tubes were capped and sealed with Parafilm. After incubation with gentle agitation for 1 h at 37°C, 1 mg/ml proteinase K was added to the sample, followed by incubation at 50°C for 2 h. Throughout the procedure, a blank extraction treated identically to the experimental samples was included to monitor potential contamination during the DNA extraction process. Finally, the samples were centrifuged at 5,000×g for 5 min, and the supernatants were extracted using phenol-chloroform-isoamyl alcohol (24:24:1) for organic extraction [Hughes et al., 2006, Maniatis et al., 1989; Muñoz et al., 2012a]. Subsequently, the aqueous phase was concentrated by precipitation via the addition of 0.1 volumes of 3 M sodium acetate pH 5.0 and 2.5 volumes of ethanol. After mixing, the sample was incubated at -78°C overnight and centrifuged at 15,000 rpm for 10 min at 4°C. The supernatant was decanted, and the precipitate was rinsed with 70% ethanol. After drying the pellet at ambient temperature in a sterile area, the pellet was suspended in 100 µl of DNA-free sterile water. If ancient DNA was contaminated with inhibitors of polymerase DNase, the DNA was purified using the QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen, Valencia, CA, to Germantown, MD., USA) as recommended by the manufacturer. Alternatively, purification of ancient genomic DNA was also performed using Magnetic Bead technology in combination with chemagic Prepito-D, following the instructions of the supplier. Extracted DNA was maintained in aliquots of 10 µl at -70 °C.

Contamination controls lacking sample were also used in every DNA extraction and PCR to detect contamination. Additionally, a series of negative controls were routinely assessed using the protocol described by Malhi et al., [2010] and Muñoz et al. [2012a]. The samples were extracted at least twice from each sample.

PCR and DNA sequencing

The HVS-I of the ancient DNA samples was amplified, sequenced (corresponding to nucleotide pairs 15989 to 16236, 16159 to 16236, and 16190 to 16410) and genotyped by real-time PCR (TaqMan) for the haplogroup diagnostic markers for mitochondrial haplogroups A, C, D, and X (Applied Biosystems®). The primers used to amplify and sequence the HVS-I region of the ancient samples in this study were as follows:

L 15989 (5'-CCCAAAGCTAAGATTCTAAT-3') Gabriel et al. [2001]

L 16159 (5'-TACTTGACCACCTGTAGTAC-3') Wilson et al. [1995a]

H16236 ((5'-CTTTGGAGTTGCAGTTGATG-3') Wilson et al. [1995b]

L 16190 (5'-CCCATGCTTACAAGCAAGT-3') Gabriel et al. [2001]

H 16410 (5'-GAGGATGGTGGTCAAGGGAC-3') Gabriel et al. [2001]

Nucleotide sequencing was carried out by direct-sequencing with an ABI 3130xl Genetic Analyzer (PE Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). To provide additional confirmation that the ancient DNA results were not derived from laboratory-specific contaminants, the samples were also verified in the Insectary Laboratory and the Genetics Laboratory at the Institute of Forensic sciences (Tribunal Superior of Justice from Distrito Federal).

If the replicate did not exhibit an identical sequence to the original, a third extraction, amplification, and sequence reaction was performed to resolve the ambiguity. Ancient DNA extraction and sequencing was replicated in the Insectary and in the INCIFO (Instituto de Ciencias Forenses). Recently, ancient DNA extraction and sequencing has been replicated in two samples from la Cueva de San Felipe Tabasco, Mexico and in the ancient DNA laboratory of Dr. Dennis O'Rourke at the University of Utah in Salt Lake City.

Statistical analysis

Our analyses included a dataset of 1209 HVS-I mitochondrial sequences (38 from this study and 1173 from published sources) from North, Central, and South America, as well as Beringia and Siberia-Asia (Suppl. Table 1). The geographic location of each sample is presented in Suppl. figure 1. These sequences were aligned and compared using the revised Cambridge Reference Sequence (rCRS) [Andrews et al., 1999] with BioEdit v7.2.5 (last update 12/11/2013) [Tom Hall Ibis Biosciences, <http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>]. The HVI region was examined between nucleotide positions 15989 and 16410 according to the rCRS modified version of the original CRS published by Anderson et al. [1981].

Genetic Variability

To quantify the genetic variability of the HVI mtDNA sequences in the Maya population, standard and molecular diversity indices were estimated, namely the nucleotide diversity, mean number of pairwise differences (π) [Tajima et al., 1983, Nei et al., 1987], expected diversity based on the number of pairwise differences ($\theta\pi$) [Tajima, 1983], and the sequence diversity (H) [Nei et al., 1987]. These diversity parameters were computed using the ARLEQUIN program, version 3.5.2.1 [Excoffier et al., 2010].

All of the pre-Hispanic Maya samples collected in this study were pooled into 8 groups based on the archeological site and the geographic criterion (Figure 1). In addition, 3 groups of sequences were included from different ancient populations (Ciboney from Cuba; Guane from Colombia; and from the Archaeological Cemeteries of Chile). Following these same criteria, individual contemporary sequences were divided into 6 groups and named according to the geographic region: Asia, the Beringian Bridge, North, Central, and South America, and contemporary Mayas (Suppl. Figure 1, Suppl. Table 1).

Molecular Variance (AMOVA)

The genetic structure of the population among and within groups was estimated by the analysis of molecular variance (AMOVA). To explore the demographic history of these pre-Hispanic populations, we analyzed the mismatch distribution as implemented in ARLEQUIN 3.5.1.2 [Excoffier and Lischer, 2010]. Next, we measured Fu's F_s and Tajima's D neutrality tests of the total number of segregating sites. All analyses were performed in ARLEQUIN 3.5.1.2 [Excoffier and Lischer, 2010]. A multidimensional scaling (MDS) plot based on pairwise distances was also constructed using R3.1.2 [<https://www.r-project.org/>].

Median-Joining Network analysis

The genealogical relationships among the identified mtDNA control region haplotypes of the pre-Hispanic Maya populations from the archaeological sites were inferred by the median-joining (MJ) network [Bandelt et al., 1999] and calculated using Network 4.6.1.3 software [http://www.fluxus-engineering.com/sharenet_rn.htm], accounting for different rates of transitions and transversions for all mutations and setting the parameter to zero to restrict the choices of feasible links in the final network. Neighbor-joining tree clustering was constructed according to Kumar et al. [2011] and MEGA 5.2 [Tamura et al., 2013].

Classification of MtDNA Haplogroups

Finally, to classify the mtDNA haplotypes into haplogroups, we adopted the nomenclature system of Starikovskaya et al. [2005], Achilli et al. [2008], Derenko et al. [2010], Gomez-Carballea et al. [2015]; Kumar et al. [2011]; and Rieux et al. [2014]. All detected polymorphic positions were confirmed with Mitomaster [<http://www.mitomap.org/bin/view.pl/MITOMASTER/WebHome>]. All new diagnostic positions indicated in these studies were taken into account by assigning the haplotypes to haplogroups/subhaplogroups. The haplogroup composition of the analyzed populations was then evaluated both on an Asian, Beringian Bridge, Amerindian scale and in the

Maya context, to gain insights into the origin of the genetic differentiation of pre-Hispanic Mexican and contemporary Maya populations.

Results and Discussion

Mitochondrial DNA Diversity

The mtDNA hypervariable segment I (HVS-1) of 38 Maya pre-Hispanic samples from different archeological sites in Mexico (Figure 1, Table 1) was sequenced to determine the haplogroup and relationship to maternal lineages of other geographic regions. All mtDNA haplotypes were in lineages A (2.6%), A2 (44.73%), A2v (13.16%), C (2.6%), C1 (15.8%), C1b14 (15.8%), and D (5.3%) (Table 2). One sequence was classified in haplogroup A based on the presence of a C>T transition at position 16223 and a G>A transition at position 16319 (G16319A) [Torrioni et al., 1993]; 17 sequences were classified as haplogroup A2 based on the presence of C>T transitions at positions 16111 (C16111T), 16223 (C16223T) and 16290 (C16290T), a G>A transition at position 16319 (G16319A) and a T>C transition at position 16362 (T16362C) [Torrioni et al., 1993; Starikovskaya et al., 1998]; 5 sequences were classified as haplogroup A2v based on the presence of the transitions observed in haplogroup A2 and a T>C transition at position 16239 (C16223T) [Kumar et al., 2011]. No haplogroup B sequences were found in this pre-Hispanic group. One additional sequence was classified as haplogroup C based on the presence of a T>C transition at position 16325 (T16325C); 6 were classified as haplogroup C1 based on the presence of as haplogroup C and a C>T transition at positions 16327 (C16327T); and 6 sequences were classified as haplogroup C1b14 based on the presence of transitions detected in haplogroup C1 and a G>A transition at position 16181 (G16181A) (Gómez-Carballa et al., 2015; Kumar et al., 2011; Rieux et al., 2014). Finally, 2 sequences corresponded to haplogroup D based on the absence of polymorphisms diagnostic of other haplogroups and of the transitions C>T (C16223T) and T>C (T16362C), as proposed by Torrioni et al. [1993] to classify HVS-1 haplogroups.

Distribution and Network Analysis of mtDNA haplogroups

Analysis of the mtDNA haplogroup frequency in the pre-Hispanic populations was determined to study Maya history and population dynamics. The haplogroup frequencies are displayed in figure 1 and show the geographic distribution in each pre-Hispanic population according to the archaeological site. We also calculated the frequency distribution of pairwise differences between sequences of mtDNA for pre-Hispanic and contemporary populations to evaluate rapid population expansion. The distribution of the pairwise differences for the four haplogroups was unimodal, with main peaks at 1 for haplogroups A and 2 for haplogroups B, C, and D, indicative of population expansion (Figure 2). Supplemental figure 2 panels A and B shows the detailed mtDNA phylogenetic tree of pre-Hispanic Maya haplogroups and their immediate Siberian-Asian sister clades (panel A-D).

Network Analysis of Haplogroup A

Median joining networks of haplogroup A mtDNA HVS-I sequences were analyzed to determine the pattern of substitutions in the noncoding control HVS-I region. This analysis included sequences from nucleotide 16106 to 16399 (Figure 3) in this study (pre-Hispanic Maya populations) and from the GenBank database for Maya, North Central and South America, Beringia, and Asia (Suppl. Table 1, Suppl. Figure 1). All samples/citations used for the network analysis are included in Suppl. Table 1. The results of this analysis revealed a total of 211 haplotypes in all individuals and 10 out of 23 from the archaeological sites Xcambo, Bonampak (Group Frey and Group Quemado), Palenque (Temple XIII, Temple XV, and Group B), Rey Quintana Roo, Comalcalco (Temple V, Temple III, Tenosique, and Dren), Peje Lagarto Pinos, Sueños de Oro, and Calicanto (Table 2, Figure 3). These haplotypes were subdivided into sub-clusters, depending on the presence or absence of the characteristics of the HVS-I variants (Figure 3).

This analysis revealed one main diversification center, lineage H3, encompassing the pre-Hispanic sequences from Xcambo (E9b), El Rey Quintana Roo (E23-1), Bonampak (E1GF, E2GF, E3GF, E4GF, E3GQ), and Palenque (T3PGTXV) herein and the contemporary individuals from Northern Asia, Siberia, Aleutian Islands, Canada, Native Mexicans, Maya from Mexico and Guatemala, and Chibchan from Nicaragua and Costa Rica, and Central and South America (Figure 3, Table 3). In addition, the pre-Hispanic sequences from Xcambo (E14b), Palenque (E2GB, XIII_E3), and Comalcalco T3E9 and the contemporary individuals from Colombia (Chibchan) and Peru (Quechua) were grouped in this haplotype in a second analysis using sequences from nucleotides 16213 to 16399 (Suppl. Figure 3, Suppl. Table 1). Figure 4 and Table 3 displays the geographic distribution of this haplotype and sharing haplotypes respectively. The result is indicative of a common ancestor of the populations from North Asia that migrated through the Bering Strait Bridge, through Canada and the USA, down through Mexico and the Maya region, and from there to Central and South America.

Haplotype H30 was shared by 2 pre-Hispanic individuals from Comalcalco (T3E9) and Tenosique (E7P65) and with contemporary groups of Native Americans, Juarez, and Xochimilco in Mexico City in this network analysis of sequences from nucleotides 16106 to 16399 (Figure 3, Table 2 and 3 and Suppl. Table 1). Haplotype H208 was shared by the samples from Palenque E2GB and Palenque TXIII_E3.

The DNA of samples from Comalcalco (T3E14 and T3E7), Xcambo (E14), Palenque (E2), El Rey (E27 and E8), Tenosique (E2P8 and Tenosique E6P6) demonstrated greater damage, and the sequences obtained were from nucleotides 16215 to 16399. Consequently, a second network analysis was performed (Suppl. Figure 2, Suppl. Table 1). Furthermore, the sequences from the archaeological site “La Purnia”, Santander, Colombia were included in this second analysis because these sequences encompassed the HVI region from nucleotides 16210 to 16364 [Casas-Vargas et al., 2011]. The results showed that haplotype H2 included the pre-Hispanic samples and

contemporary sequences containing haplotype H3 in the first analysis and Xcambo E9b, Palenque E2GB, and TXIII_E3 individuals, the Pre-Columbian Guane and the contemporary sequences displayed in Table 3. Supplemental figure 2, Table 2 and Suppl. Table 1 show these results and figure 4 shows the geographic distribution of this haplotype. Haplotype H65 was shared by the pre-Hispanic sample from Comalcalco T3E14 and two Maya samples from La Tinta, Guatemala. Haplotypes for the pre-Hispanic samples from Paleque T5GB, El Rey Quintana Roo E27 and E8, Comalcalco T5EB and T3E7, and Calicanto E3VIP are shown in Table 2 and Suppl. figure 2. These samples did not cluster with any of the contemporary sequences, likely due to a low frequency of these haplotypes or missing haplotypes from the contemporary Native American populations.

Furthermore, the network analysis for haplogroup A revealed that among 23 samples, one contained haplogroup A (T3E14 from Comalcalco, Tabasco); haplogroup A2 was detected in all individuals from Bonampak, Palenque (T3PGTXV, E2GB, T5GB, TXIII, E2), El Rey Quintana Roo (E23-1, E27, E8), and Tenosique (E2P8 and E6P6); and haplogroup A2v that has been detected in contemporary populations from Central America [Kumar et al., 2011] was identified in 5 samples, 3 from Comalcalco (T5EBCHILD, T3E9, T3E7), 1 from Tenosique (E7P65), and 1 from Calicanto (E3VIP), all from Tabasco (Table 2).

A previous analysis of the biological relationship between Central and South American Chibchan-speaking populations using mtDNA sequences demonstrated the presence of a shared maternal genetic structure between Central American Chibchan [Melton et al., 2013], Mayan populations and northern South American Chibchan-speakers [Melton et al., 2007]. The maternal lineage affinity between the Chibchan and Maya groups was based on one contemporary Maya group from Guatemala [Boles et al., 1995, Melton et al., 2007, Melton et al., 2013]. However, this association has now been confirmed in this study analyzing the sequences of pre-Hispanic Mexican Maya and sequences from the Caribbean Islands, Colombia, and contemporary Maya groups from Mexico and Guatemala; as well as Central and South American Chibchan-speakers from previous reports (Table

3). Table 3 shows haplotype sharing between the pre-Hispanic Maya groups, contemporary Maya and Chibchan populations from central and South America.

Network Analysis for Haplogroup C

Sequence analyses of 13 out of 38 pre-Hispanic Maya individuals containing haplogroup C revealed a total of 11 haplotypes (Table 2). One sample belonged to haplogroup C; 6 were found in haplogroup C1; and 6 were identified as haplogroup C1b14 (Figures 1, 4, 5, Suppl. Figure 4, and Table 2).

The median network analysis for haplogroup C, which was based on the sequences from 16153 to 16399, revealed one primary diversification center, lineage H10 (haplogroup C1), which clustered the pre-Hispanic sample from Pejelagarto_I1 and Ciboney (CF5), Cuba, and the contemporary populations shown in Table 3 from USA, native Mexicans including Mayans, and individuals from Guatemala, Brazil, Peru, and Colombia. A second lineage, H5, encompassed sequences from Asian and North American individuals with several haplotype diversifications. The pre-Hispanic samples from Palenque T4GB and El Rey Quintana Roo E9 were found in haplotype H113, and the Comalcalco (T3AE) and Tenosique E3 samples shared haplotype H117. Haplotypes of individuals from El Rey Quintana Roo (E23), Palenque (T1GB), Comalcalco (T5I1), Tenosique (EN4P6), Sueños de Oro (E1P), and Sitio Dren (E2) are displayed in Table 2 and figure 5. Haplotypes H116, H117, H119, and H120 clustered in the same branch and were classified as belonging to haplogroup C1b14 based on the presence of a G>A transition at position 16181 [Gómez-Carballea et al., 2015; Kumar et al., 2011; Rieux et al., 2014] (Figure 5 and Table 2).

Haplogroup C1b14 observed in the prehispanic population from Tabasco (Table 2) is very infrequent in contemporary Native American populations. Specifically, this haplogroup was observed in 3 contemporary individuals, 2 Mexican Americans and 1 Zapotec [Gómez-Carballea et al., 2015; Kumar et al., 2011; Rieux et al., 2014]. Decrease of this haplogroup in the contemporary

population may be due to the reduction of the populations during the Spanish conquest. The sharing of haplogroup C1b14 may suggest common ancestry of this pre-Hispanic Maya and the 3 contemporary Mexicans.

A second network analysis was constructed because the sequences of the pre-Hispanic samples from Palenque T3AGB and Sueños de Oro E2P1 contained data from nucleotide positions 16213 to 16399 (Suppl. Figure 4). Haplotypes of these two samples and Palenque T4GB and El Rey Quintana Roo (E9, E23) are displayed in Table 2. This analysis displayed a main diversification center, lineage H9, containing sequences from pre-Hispanic individuals from Pejelargato, Comalcalco (T3AE6), Tenosique (E3), and Sitio Dren (E2) in this study, Ciboney from Cuba, and the contemporary individuals as in the first analysis containing haplotype H10 (Suppl. Figure 4, Tables 2, 3 and Suppl. Table 1). Haplotypes 84 to 89 were not observed in the database included in this study. However, Sueños de Oro E1P1 demonstrated an identity of 99% with an individual from Texas, suggesting that these haplotypes are rare and not represented in current studies, or they are not present in contemporary populations. These results support the notion that the Maya population spread to Central and South America. No haplogroup C was reported in the Pre-Columbian Guane group [Casas-Vargas et al. 2011]. The geographic distribution and shared haplotypes are shown in figure 4 and Table 3 respectively.

Network Analysis for Haplogroup D

The sequence analysis showed that of the two pre-Hispanic samples, 1 individual from Palenque E6ID and 1 from Comalcalco P3AE2, belonged to haplogroup D (Figure 6, Table 2) based on the absence of the polymorphisms diagnostic of other haplogroups and the presence of the frequent T>C and C>T transitions proposed by Torroni et al. [1993] at positions 16223 and 16362, respectively. The D1 haplogroup found throughout the Americas was absent in the samples used in

this study (Figure 6, Table 2), potentially due to the low frequency of this haplogroup in our pre-Hispanic population.

The median network haplogroup D analysis in the HV1 region, including nucleotide positions 16153 to 16399 (Figure 6), displayed three main diversification centers: haplotype H4 (haplogroup D) encompassing the individuals from the pre-Hispanic samples Palenque E6ID_TXV and Comalcalco P3AE2 in this study plus one sequence from Ciboney, and contemporary individuals from Northern Brazil, China and Northern Asia as shown in Table 3; Haplogroups D1 of haplotypes are displayed in figure 6, and Suppl. Table 1. The geographic distribution of the pre-Hispanic and contemporary samples that shared this haplotype H4 is displayed in figure 4. These results suggest that the ancestors of the pre-Hispanic individuals containing haplotype H4 originated from China and Northern Asia and subsequently spread to Cuba and South America. The main diversification centers of the American populations were grouped in haplogroup D (H4), D1 (H34), D4h3 (H26), and D2 (H17 and H1), which included sequences from Aleuts (Bering), Eskimo, Evenk, Chukchi, and Nahua individuals (Figure 6, Suppl. Table 1). These results also supported the maternal lineage affinity between the pre-Hispanic Mexican populations in this study and the pre-Hispanic Ciboney from Cuba, suggesting shared regional haplotypes indicating a shared genetic ancestry. This may point to more regional interaction between populations in the Circum-Caribbean region than previously demonstrated.

A second analysis of haplogroup D sequences from nucleotides 16181 to 16399 was conducted including the pre-Hispanic Guane group from Colombia in the analysis to evaluate the presence of a maternal lineage relationship between the pre-Hispanic Guane from Colombia [Casas-Vargas et al., 2011] and Mexican pre-Hispanic Maya individuals (results not shown). The two sequences from the pre-Hispanic Maya did not contained the same haplotype, indicating that these individuals did not share a common ancestor.

The results of network analysis of the haplogroup A, C and D lineages in the pre-Hispanic Maya were consistent with the hypothesis that the direct ancestors of Native Americans were a hybrid of different Siberian groups that had migrated to eastern Beringia at different times and following different routes (Figure 4) [Kunz & Reanier, 1994, Starikovskaya et al., 2005].

Analysis of molecular variance by timescale

Results for AMOVA using mtDNA HVS-I data that separated Maya population into four groups: 1) Early 250-550 CE(Xcambo), 2) Middle 580-900 CE (Bonampak, Palenque, Comalcalco, Tenosique, Suenos de Oro, Calicanto, Peje Lagarto), 3) Late 1200-1500 CE (El Rey Quintana Roo), 4) Contemporary Mexican Maya base on time scale are summarized in Table 4. The lowest amount of observed variation was 1.23% for mtDNA HVS-I among-groups ($F_{CT}=0.01234$), whereas within-group analysis explained 4.98% ($F_{SC}=0.05041$) of variation. The majority of variation, 93.79% ($F_{ST}=0.06213$), was found within-populations.

Sequence diversity analysis (Demographic analysis)

The results of the diversity indices and neutrality tests are shown in Table 5 for all contemporary and pre-Hispanic populations. Similar diversity values were obtained for all populations analyzed in this study. Fu's F_s was negative and significant for all six populations. These results suggest the presence of rare alleles at low frequencies or population expansion after a recent bottleneck.

Analysis by Multidimensional Scaling (MDS)

MDS of pre-Hispanic and modern populations

To visualize the relationships between the pre-Hispanic Mayas in this study and the contemporary populations from Asia, Beringia, and North and South America based on the HVI mtDNA sequence

data, MDS plots were constructed using the pairwise F_{st} values (Figure 7). The MDS plot revealed that the genetic distances between the pre-Hispanic and contemporary Maya populations were smaller in comparison to the Beringian, Asian, North or South American groups (Figure 7). The distance between North and South America was also shorter compared with the other groups indicating a closer affiliation. The distances between the ancient Maya population and the contemporary Mayas, Asians, Beringians, and North and South America can be explained by the shared haplotypes from haplogroups A, C, and D with the contemporary populations (Figures 3, 4, 5, and 6 and Table 3). Furthermore, the pre-Hispanic Maya populations in this study displayed a high frequency of haplogroup A (60.53%), followed by haplogroup C (34.21%) and an extremely low frequency of haplogroup D (5.26%) (Figure 1).

MDS of pre-Hispanic populations

The MDS plot comparing the pre-Hispanic populations revealed that Tenosique, Comalcalco, Quintana Roo and Palenque clustered together (Figure 8), Yucatan and Bonampak were located together, whereas Tabasco, Ciboney and Chile groups clustered separately. The ancient populations from Ciboney, Cuba and Chile are expected to be separate from the other populations because of their geographic locations and high frequency of haplogroups C and D in Ciboney and B and D in Chile. Pejelagarto and Calicanto were separated from the main group because of the small sample size and geographic location (Figure 1). The clustering together of Xcambo and Bonampak can be due to Preclassic period origin of both populations. We suggest that the individuals from Xcambo (250-550 CE) migrated to Bonampak (580 to 800 CE) at that time.

MDS of pre-Hispanic and ancient populations

When the ancient populations are compared with the contemporary Maya populations by the MDS plot (Figure 9), the contemporary populations from Quintana Roo, Yucatan, Guatemala, Campeche, and Tzotzil clustered together; however, Bonampak and Xcambo were also closely related;

Tenosique and Comalcalco were equidistant to the Tzotzil population; and Palenque, Pejelagarto, Calicanto, and El Rey Quintana Roo were separated from the other populations according to their geographic locations (Figures 1 and 9) and haplotype composition (Suppl. Table 1). In addition, Tojolabal was separated because it is a very different population compared with the other Maya populations, exhibiting a higher proportion of haplogroup B (58%), a lower proportion of haplogroup A (25.7%) and haplogroup D (16.2%), and the absence of haplogroup C [González - Martín et al., 2015]. The pre-Hispanic Maya groups in this study had a high frequency of haplogroup A, similar to that found in contemporary Mayas [González - Martín et al., 2015; Söchtig et al., 2015] and Aleuts from the Commander Islands [Crawford et al., 2010; Derbeneva et al., 2002].

MDS of pre-Hispanic and modern Mayan populations

A comparison of all pre-Hispanic Mayan populations as one group with the contemporary Mayan populations/group by MDS plot revealed that the ancient populations were separated from the contemporary populations (Figure 10), probably due to the differences in haplotype composition resulting from recent migrations into Maya populations, consistent with the history of the Mayan populations, which suffered different invasions by other populations, such as the Nahua of Uto-Aztecan affiliation, as well as recent migrations out of Maya areas. The ancient Mayan populations in this study contained a high frequency of haplogroup A (A, A2, A2v), followed by haplogroup C (C1 and C1b14), a very low frequency of haplogroup D, and the absence of haplogroup B. Most contemporary indigenous populations from Mexico contain all four haplogroups in different proportions [Peñaloza-Espinosa et al., 2007], although haplogroup A2 exhibits the highest frequency [Santos et al., 1994, 1996; Torroni et al., 1994]. The high frequency of haplogroup A2 in the pre-Hispanic Maya populations is shared with the Asian, Siberian Eskimo, and Chukchi-Eskimo groups [Crawford et al., 2010, 2013] and is probably due to a shared common ancestor.

Mitochondrial haplogroup Frequencies

In general, the mitochondrial haplogroup frequencies differed substantially between the Southwest and Mesoamerican populations; haplogroup B was very common in the Southwest populations (USA), which rarely exhibited mitochondrial haplogroup A [Kemp and Schurr, 2010]. However, there were some exceptions, such as the Tarahumara. Additionally, haplogroup B was much less common in Mesoamerican populations, in which haplogroup A predominated [Kemp et al., 2010]. However, the Nahua–Atocpan, a Mesoamerican population, exhibited slightly more haplogroup B than haplogroup A [Kemp et al., 2010], the Tojolabal Maya population exhibited a higher frequency of haplogroup B than haplogroup A [Gonzalez-Martin et al., 2015], and the ancient bones collected in a Quiché Indian village, located close to the provincial capital of Santa Cruz de Quiché, revealed the presence of 16 different mtDNA haplotypes, among which haplogroup B has the highest frequency [Boles et al., 1995].

The pre-Hispanic Maya population of this study displayed a high frequency of haplogroup A (60.53%), followed by haplogroup C (34.21%), a very low frequency of haplogroup D (5.26%), and the complete absence of haplogroup B. Similar haplogroup frequencies have also been observed in the Central American Chibchan populations Kori and Arsario [Melton et al., 2013]. Similarly, haplogroup B was apparently absent in the Fuego-Patagonians and the aboriginal groups above latitude 55 in North America and Asia, suggesting that the initial Paleoindian settlers that migrated into South America might represent an independent migration event unrelated to the Clovis people, as suggested previously [Lalueza et al., 1997]. However, Kemp et al. [2010] and Kumar et al. [2011] suggested an early coastal migration. Similarly, present-day Amerindian populations inhabiting the Caribbean region of Colombia either did not carry or had lower frequencies of haplogroup B (Kogui 0%, Arhuaco and Chimila 4.8%, Arsario 12.5% and Wayuu 17.6%), while the predominant haplogroup A was followed by haplogroup C [Yunis and Yunis, 2013]. Analysis of lower Central American Chibchan population mtDNA diversity has shown high frequencies of

haplogroup A2 and B4 [Melton et al., 2007, 2013], while those from northern South America mirror the Ancient Maya, with high frequencies of haplogroup A and moderate amounts of haplogroup C. The ancient population of Tipu from Belize has also been shown to carry haplogroup B (8%) at a low frequency, although haplogroup C (64%) was found in higher proportions compared with haplogroups D (28%) and B [Elwess et al., 2015]. Northern Colombia displayed lower frequencies of haplogroups B and D and a higher frequency of haplogroup B in western Colombia that declined towards eastern Colombia, whereas the Embed/Wounan population from Panama has been reported to contain haplogroups A, B, C and D [Kolman and Bermingham, 1997]. Similarly, the Tojolabal Maya population displayed a high frequency of haplogroup B2 (58.1%) [Gonzalez-Martin et al., 2015]. In contrast, haplogroup B was absent in the aboriginal populations of northwestern and northern Siberia [Derbeneva et al. 2002b, c], but it has been detected in populations restricted to the southwestern and south central periphery of the subcontinent [Sukernik et al. 1996; Derenko et al. 2000, 2003 Yunis and Yunis, 2013]. Haplogroup B mtDNA has also been detected in the skeletal remains exhumed from a 2000-year-old cemetery in northern Mongolia [Keyser-Tracqui et al. 2003]. Based on the results of this study and previous findings, the absence of haplogroup B in the pre-Hispanic Maya, the low frequency in most contemporary Maya, and its absence or low frequency in Colombia, may suggest that the entry of haplogroup B into the Americas occurred independently of the other mitochondrial haplogroups (A, C, and D) during a later migration process, as suggested previously [Torroni et al. 1993b, Starikovskaya et al., 1998; Lalueza et al., 1997]. Therefore, it is possible that the Maya ancestors did not carry haplogroup B or may have lost it through genetic drift, as proposed previously for the populations of Tierra del Fuego [Lalueza et al., 1997; García-Bour et al., 2004].

Haplotype Analysis and shared haplotypes

The founding haplogroup A2, which was identified in the individuals in this study, has been reported to have a coalescence age of 19.5 ± 1.3 kya/ 16.1 ± 1.5 kya, according to Kumar et al.

[2011]. These coalescence ages were calculated using the mutation rates reported by Mishmar et al. [2003] and Soares et al. [2009]. A2v has a more recent coalescent time of 9.1/9.5 kya [Kumar et al., 2011], whereas haplogroup C, C1 and C1b14 have coalescent times of 27.37 (19.55; 35.44) [Derenko et al., 2010], 21.4 ± 2.7 kya/ 16.4 ± 1.5 [Kumar et al., 2011], and 12.4 (7.7-17.3) kya [Gómez-Carballa et al., 2015], respectively. Haplotype H3 (haplogroup A2) from the pre-Hispanic populations in this study, the pre-Columbian Guane was shared with contemporary populations from North, Central and South America, supporting the ancestral continuity of the present populations (Figures 3, 4, Suppl. Figure 2, Table 3, and Suppl. Table 1). This finding supports the ethnogenesis of these Mexican Maya populations in pre-Hispanic times on a cultural and biological basis, in contrast to the contemporary Maya populations [Söchtig et al., 2015]. Haplogroup B was not detected in the pre-Hispanic populations of this study, although it has been reported in the pre-Columbian Guane population [Casas-Vargas et al., 2011]. Therefore, to validate this finding, it will be important to pursue further studies of the pre-Hispanic populations from the Maya area because the contemporary Tojolabal Maya population displayed a high frequency of haplogroup B2 (58.1%) [Gonzalez-Martin et al., 2015]. Increasing the number of sequences from pre-Hispanic samples will be necessary to determine whether the absence of haplogroup B in the pre-Hispanic samples from the archaeological sites in this study reflects the absence or low frequency of this haplogroup.

Haplogroup D1 defined by the T>C, C>T C>T transitions at positions 16223, 12325, and 16362, respectively [Kumar et al., 2011], in the pre-Columbian Guane differed from our findings, in which only the T>C and C>T transition at positions 16223 and 16362, respectively, specific for haplogroup D were identified [Torrioni et al. 1993; Kumar et al., 2011]. This haplogroup has also been found at low frequencies in the contemporary Maya populations from Quintana Roo, Yucatan, and Campeche, Mexico [González - Martín et al., 2015] and was absent in the Mexican pre-Hispanic populations.

Bodner et al. [2012] described two new subclades of the pan-American founder haplogroup D1 that were limited to the Southern Cone of South America. These findings were based on the limited geographic dispersal, high diversity of the D1g and D1j haplogroups, and calculated coalescence ages suggestive of a coastal and rapid initial extensive trans/Andean migration that may represent the genetic heritage of the pioneer settlers of South America and apparently is preserved in the present-day Mapuche people.

Haplogroup D, with an overall estimated coalescence time of 35–37 kya, based on the mutation rate used by Derenko, et al [2010], was identified in the pre-Hispanic samples from Palenque E6ID_TXV and Comalcalco P3AE2, which have been represented by at least three D1, D4h3a, and D4e1c branches in the Americas. The D1 haplogroup is found at a high frequency throughout the Americas, while D4h3a and D4e1c are found at low frequencies [Kumar et al., 2011]. These two samples lacked the 16325 mutation that is specific for haplogroup D1. It is not clear if this mutation has reverted in some Native American haplogroup D mtDNAs, such as the “Cayapa” haplotype BR53 [Alves-Silva et al., 2000], or if there is more than one Native American founder of this haplogroup, as suggested by Bandelt et al. [2003]. The present-day variation in the haplogroup C and D clades suggests that they expanded prior to the Last Glacial Maximum (LGM), with the oldest lineages present in eastern Asia [Derenko et al., 2010]. Our network analysis results for haplogroup D support this hypothesis because haplotype H4 contained 2 of our sequences and the sequences from eastern Asia (Figure 6, Table 3, and Suppl. Table 1). In addition, haplotype H4 also encompassed sequences from the pre-Hispanic samples from Ciboney and the contemporary individual from Brazil, supporting the dispersion of this haplotype from the Yucatan to Cuba or from Cuba to Yucatan during the pre-Hispanic era and to South America. Lalueza-Fox et al. [2003] suggested a migration of the Ciboneys from South America to the Caribbean Islands, although a migration in the opposite direction is also possible. This is also indicative of greater regional interaction among populations in the Circum-Caribbean region than previously demonstrated.

The pre-Hispanic Maya individuals from Xcambo (E9b), El Rey Quintana Roo (E23), Bonampak (E1GF, E2GF, E3GF, E4GF, E3GQ9), Palenque (T3PGTXV), Comalcalco (T3E9), and Tenosique (E7P65) all shared haplotype H3/H2 (Figures 3, Suppl. Figure 3, and Suppl. Table 1) with the pre-Hispanic individuals from Ciboney, Cuba, pre-Columbian Guane, the archaeological cemeteries from Chile, and contemporary people from Northern Asia, Siberia, the Aleutian Islands, Dogrib, and Canada, Mexican Native Americans, Maya from Mexico and Guatemala, and native groups from Central and South America (Figures 3-6, Suppl. Figures 2 and 3, and Table 3). This haplotype sharing supports the migration of the Maya ancestors from Asia across the Bering Strait Bridge, United States, and from Northern Mexico to the Maya region. It is also likely that the genetic composition of pre-Hispanic Maya populations displays continuity with contemporary Mayan populations because haplotype H3 of haplogroup A was also shared with different contemporary Maya populations. This finding also indicates that some of the contemporary Maya populations are descendants of both the original Maya population and other populations that migrated to these geographic areas because some of the haplotypes found in the pre-Hispanic individuals were also detected in different proportions in contemporary Maya populations.

The Mexican Maya in this study displayed the highest frequency of haplogroup A, similar to the ancient Post-Classic Aztecs from Tlatelolco (1450-1275 CE), Mexico [Kemp et al., 2005], the Maya from Xcaret, Mexico [González-Oliver et al., 2001], and the most modern Maya. In contrast, a 650-1200 CE Maya sample from Copán, Honduras exhibited a high frequency of haplogroup C [Merriwether et al., 1997], and the 800-1100 CE from the Tommy site, USA [Snow et al., 2010] showed a high frequency of haplogroup B, most closely resembling the ancient Anasazi, Fremont [Carlyle et al., 2000; Leblanc et al., 2007], and the modern populations of Cora, Hualapai, Huichol, Jemez, Tarahumara, Tohono O'odham and Zuni [Kemp et al., 2010], the Tojolabal Maya [Gonzalez-Martin et al., 2015], southwest (USA), and South America [Salas et al., 2009; Raff et al., 2011]. Therefore, contemporary Maya are descendants of the pre-Hispanic Maya, and the ancestral

Native Americans dispersed across North America approximately 13 thousand years ago (ka) [Raghavan et al., 2015]. Our results are consistent with other mtDNA data for the Guatemalan Maya region, demonstrating the presence of gene flow in the Mesoamerican area and a predominant unidirectional flow towards South America that most likely occurred during the Preclassic (1800 BCE-200 CE) and the Classic (200–1000 CE) eras of the Mesoamerican chronology. This pattern of gene flow is in agreement with the development of the Maya civilization [Söchtig et al., 2015]. Our results also support the expansion of maize with the human populations from the Mexican Gulf Coast to the south, as maize cultivation was dispersed from the lowland tropics of Tabasco more than 5,050 BCE to North and South America [Pohl et al., 2007, Merrill et al., 2009]. This finding is consistent with the introduction of maize into the Southwest prior to 2050 BCE [Merrill et al. 2009; Kemp et al., 2010; Kohler and Reese, 2014], according to the population expansion from the Maya area to North and South America (Figure 4) through the long-distance migration of farmers from the Mexican Gulf Coast [Malhi et al., 2003]. These results support the historically based migration theories supported by archaeological data.

Genetic admixture among pre-Hispanic populations

Figure 1 and Table 2 show HVS-I haplotype H3 (haplogroup A) being shared among the pre-Hispanic Maya from Comalcalco, Palenque, Tenosique, Sueños de Oro, Bonampak, Xcambo, and Rey Quintana Roo; haplogroup A2v among Comalcalco, Tenosique, and Calicanto; haplotype H4 (haplogroup D) between Comalcalco and Palenque; and the rare haplogroup C1b14 among Comalcalco, Tenosique, and Sueños de Oro suggesting a genetic admixture, which appears to be more pronounced in Comalcalco. These results also indicate regional gene flow among the pre-Hispanic populations and regional interaction.

Conclusions

The results obtained in the present network analysis demonstrate the following. 1) Gene flow occurred within the Maya area, with a directional flow to South America in the Preclassic and Classic eras of the Mesoamerican chronology. 2) Historical documentation showed that the ancestors of Maya civilization entered the Yucatan Peninsula after the first movement of people from Northern Asia into the Americas, with later migration of the Maya south to Central America and the Caribbean toward the northern region of South America are supported by our analyses of contemporary and pre-Hispanic mtDNA. 3) Haplotypes H3 of haplogroup A and H4 of haplogroup D were shared among pre-Hispanic Maya, Ciboney, and Han Chinese, suggesting the migration of a common ancestor from East Asia to the Maya region of Mexico, Cuba, and Colombia. 4) Haplotype H3 of haplogroup A was shared among the pre-Hispanic Maya population and contemporary Maya from Mexico and Guatemala, suggesting maternal continuity of the pre-Hispanic Maya in the contemporary population. 5) Haplotypes of haplogroups A and C were shared among the pre-Hispanic Maya populations and native populations from Cuba (pre-Hispanic), Panama, Costa Rica, Colombia (pre-Hispanic and contemporary), Chile (archaeological cemeteries) Peru, and Brazil, that the Maya and Native American populations still carried the genetic imprint of the pre-Hispanic Maya. The results obtained for the diversity indices and neutrality tests (Table 5) for all contemporary and pre-Hispanic populations suggested the presence of rare alleles at low frequencies or population expansion after a recent bottleneck. 6) The MDS graphs displayed haplotype differences among all populations and the relationships between the pre-Hispanic Mayas in this study and the contemporary populations from Asia, Beringia, and North and South America based on HVSI mtDNA sequence data. 7) Identification of the rare haplogroup C1b14 in the Mexican Maya pre-Hispanic population and low frequency of this haplogroup in the contemporary populations may be due to genetic drift. 8) The sharing of mitochondrial haplotypes and haplogroups among pre-Hispanic individuals also indicated regional gene flow among the pre-Hispanic populations and regional interaction.

In conclusion, the haplotype diversity observed in the pre-Hispanic and contemporary populations of Maya indicates groups that have undergone drift and lineal extinction, with periodic increases in genetic diversity through admixture with adjacent populations.

Acknowledgments: We are grateful to anonymous reviewers for their constructive comments that greatly improved. The project was supported by a grant from CONACYT-PNPC-2013-2014, CONACYT (Sabbatical year), and the Office of the President of UAM.

Literature Cited

Achilli, A., U.A. Perego, C.M. Bravi, et al. 2008. The phylogeny of the four pan-American MtDNA haplogroups: implications for evolutionary and disease studies. *PLoS One*. 3(3):e1764.

Adler C.J., W. Haak, D. Donlon, A. Cooper. 2011. The Genographic Consortium. Survival and recovery of DNA from ancient teeth and bones. *J Archaeol Sci*. 38(5):956–964.

Alfonso-Sánchez M.A., S. Cardoso, C. Martínez-Bouzas, et al. 2008. Mitochondrial DNA haplogroup diversity in Basques: A reassessment based on HVI and HVII polymorphisms. *Am J Hum Biol*. 20(2):154–164.

Alves-Silva J., M. da Silva-Santos, P.E. Guimarães, et al. 2000. The ancestry of Brazilian mtDNA lineages. *Am J Hum Genet*. 67(2):444-61.

Anderson S., A.T. Bankier, B.G. Barrell, et al. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*. 290(5806):457-65.

Andrews R.M., I. Kubacka, P.F. Chinnery, et al. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet.* 23(2):147.

Andrews A.P. 2006. Some Historic Notes and Observations on Isla Cancún Quintana Roo.

<http://research.famsi.org/aztlan/uploads/papers/Andrews-Cancun-Aztlan-06-2.pdf>

Aubry B. S. 2009. Population structure and interregional interaction in prehispanic mesoamerica: a biodistance study. *The Ohio State University*. PhD. thesis.

Arnaiz-Villena A., G. Vargas-Alarcón, J. Granados et al. 2000. HLA genes in Mexican Mazatecos, the peopling of the Americas and the uniqueness of Amerindians. *Tissue Antigens.* 56(5):405-16.

Bandelt H.J., P. Forster, A. Röhl. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol.* 16(1):37-48.

Bandelt H.J., C. Herrnstadt, Y.G. Yao, et al. 2003. Identification of Native American founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences: some caveats. *Ann Hum Genet* 67: 512–524.

Benson E.P. ed. 1967. Dumbarton Oaks Conference on the Olmec (October 28th and 29th).

Dumbarton Oaks Research Library and Collection. Trustees for Harvard University. Washington, DC: Library of Congress catalog number 68-58523.

Bert F., A. Corella, M. Gené, et al. 2004. Mitochondrial DNA diversity in the Llanos de Moxos: Moxo, Movima and Yuracare Amerindian populations from Bolivia lowlands. *Ann Hum Biol.* 31(1):9-28.

Bodner M, U.A. Perego, G. Huber, et al. 2012. Rapid coastal spread of First Americans: novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome Res.* 22(5):811-20.

- Boles T.C., C.C. Snow, E. Stover. 1995. Forensic DNA testing on skeletal remains from mass graves: a pilot project in Guatemala. *J Forensic Sci.* 40(3):349–55.
- Bolnick DA, D.G. Smith. 2003. Unexpected patterns of mitochondrial DNA variation among Native Americans from the southeastern United States. *Am J Phys Anthropol.* 122(4):336-54.
- Bonilla C., B. Bertoni, S. González et al. 2004. Substantial Native American female contribution to the population of Tacuarembó, Uruguay, reveals past episodes of sex-biased gene flow. *Am J Hum Biol.* 16(3):289-97.
- Campbell L. and T. Kaufman. 1985. Mayan linguistics: where are we now? *Annual Review of Anthropology* 14: 187-98.
- Campos P.F., O.E. Craig, G. Turner-Walker, et al. 2012. DNA in ancient bone - where is it located and how should we extract it? *Ann Anat.* 194(1):7-16.
- Cann R.L., M. Stoneking, A.C. Wilson. 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature.* 325(6099):31-6.
- Casas-Vargas A., A.Gómez, I. Briceño, et al. 2011. High genetic diversity on a sample of pre-Columbian bone remains from Guane territories in northwestern Colombia. *Am J Phys Anthropol.* 146(4):637-49.
- Chen X.Y., S.Y. Zhao, Y. Wang, et al. 2015. A novel mitochondrial DNA deletion in a patient with Pearson syndrome and neonatal diabetes mellitus provides insight into disease etiology, severity and progression. *Mitochondrial DNA.* 27:1-4.
- Crawford M.H., K.G. Beaty. 2013. DNA fingerprinting in anthropological genetics: past, present, future. *Investig Genet.* 4(1):23.

Crawford M.H., R.C. Rubicz, M. Zlojutro. 2010. Origins of Aleuts and the genetic structure of populations of the archipelago: molecular and archaeological perspectives. *Hum Biol.* 82(5-6):695-717.

Cucina A., T.D. Price, E. Magaña-Peralta. 2015. Crossing the peninsula: The role of Noh Bec, Yucatán, in ancient Maya Classic Period population dynamics from an analysis of dental morphology and Sr isotopes. *Am J Hum Biol.* 27(6):767-78.

da Fonseca R.R., B.D. Smith, N. Wales, et al. 2015. The origin and evolution of maize in the Southwestern United States. *Nature Plants.* Article number: 15007.

Delgado-Sánchez R., A. Zárate-Moysen, A. Monsalvo-Reyes, et al., 2007. Mitochondrial encephalomyopathy, lactic acidosis and stroke-like episodes (MELAS) with the A3243G mutation of the tRNA^{Leu}(UUR) gene of mtDNA in native American haplogroup B2. *Rev Neurol.* 44(1):18-22.

de Saint Pierre M., C.M. Bravi, J.M. Motti, et al. 2012. An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of three mitochondrial DNA. *PLoS One.* 7(9):e43486.

Derbeneva O.A., R. Sukernik, N.V. Volodko, et al. 2002. Analysis of mitochondrial DNA diversity in the Aleuts of the commander islands and its implications for the genetic history of Beringia. *Am J Hum Genet.* 71(2):415-21.

Derenko M., B. Malyarchuk, T. Grzybowski, et al. 2010. Origin and post-glacial dispersal of mitochondrial DNA haplogroups C and D in northern Asia. *PLoS One.* 5(12):e15214.

Dornelles C.L., J. Battilana, N.J. Fagundes, et al. 2004. Mitochondrial DNA and Alu insertions in a genetically peculiar population: the Ayoreo Indians of Bolivia and Paraguay. *Am J Hum Biol.* 16(4):479-88.

Elwess N.L., M. Kopp, E. Lavioe, et al. 2015. Analysis of Ancient Mitochondrial DNA within the Tipu Maya Collection. *The Internet Journal of Biological Anthropology*. 8 (1).

Excoffier L., H.E. Lischer. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour*. 10(3):564-567.

Falk M.J., L. Shen, M. Gonzalez, et al. 2015. Mitochondrial Disease Sequence Data Resource (MSeqDR): a global grass-roots consortium to facilitate deposition, curation, annotation, and integrated analysis of genomic data for the mitochondrial disease clinical and research communities. *Mol Genet Metab*. 114(3):388-96.

Flores-Gutiérrez D. 2007. Aspectos astronómicos del inframundo en Bonampak.
http://132.248.9.9/libroe_2007/0931807_5/12_c08.pdf

Forster P., R. Harding, A. Torroni, et al. 1996. Origin and evolution of Native American mtDNA variation: a reappraisal. *Am J Hum Genet*. 59(4):935-45.

Fuselli S., E. Tarazona-Santos, I. Dupanloup, et al. 2003. Mitochondrial DNA diversity in South America and the genetic history of Andean highlanders. *Mol Biol Evol*. 20(10):1682-91.

Gabriel M.N., E.F. Huffine, J.H. Ryan, et al. 2001. Improved MtDNA sequence analysis of forensic remains using a "mini-primer set" amplification strategy. *J Forensic Sci*. 46(2):247-53.

García-Bour J., A. Pérez-Pérez, S. Alvarez. 2004. Early population differentiation in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia: ancient mtDNA sequences and Y-chromosome STR characterization. *Am J Phys Anthropol*. 123(4):361-70.

Goebel T., M.R. Waters, D.H. O'Rourke. 2008. The late Pleistocene dispersal of modern humans in the Americas. *Science*. 319(5869):1497-502.

Gómez-Carballa A., L. Catelli, J. Pardo-Seco, et al. 2015. The complete mitogenome of a 500-year-old Inca child mummy. *Sci Rep.* 5:16462.

González-Martín A., A. Gorostiza, L. Regalado-Liu, et al. 2015. Demographic History of Indigenous Populations in Mesoamerica Based on mtDNA Sequence Data. *PLoS ONE* 10(8): e0131791.

González-Oliver A., L. Márquez-Morfín, J.C. Jiménez, et al. 2001. Founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in ancient Maya from Xcaret, Quintana Roo. *Am J Phys Anthropol.* 116(3):230-5.

Gorostiza A., V. Acunha-Alonzo, L. Regalado-Liu, et al. 2012. Reconstructing the History of Mesoamerican Populations through the Study of the Mitochondrial DNA Control Region. *PLoS ONE* 7(9): e44666.

Green L.D., J.N. Derr, A. Knight. 2000. mtDNA affinities of the peoples of North-Central Mexico. *Am J Hum Genet.* 66(3):989-98.

Grobman A., D. Bonavia, T.D. Dillehay, et al. 2012. Preceramic maize from Paredones and Huaca Prieta, Peru. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 109(5):1755-9.

Houston S., J. Robertson, D. Stuart. 2000. The language of Classic Maya Inscriptions. *Curr Anthropol.* 41 (3): 321-356.

Hughes S., T.J. Hayden, C.J. Douady, et al. 2006. Molecular phylogeny of the extinct giant deer, *Megaloceros giganteus*. *Mol Phylogenet Evol.* 40(1):285-91.

Ingman M., U. Gyllensten. 2007. Rate variation between mitochondrial domains and adaptive evolution in humans. *Hum Mol Genet.* 16(19):2281-7.

Ingman M., H. Kaessmann, S. Pääbo, et al. 2000. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature*. 408(6813):708-13.

Inomata T., J. MacLellan, D. Triadan, et al. 2015. Development of sedentary communities in the Maya lowlands: coexisting mobile groups and public ceremonies at Ceibal, Guatemala. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 112(14):4268-73.

Inomata T., D. Triadan, K. Aoyama, Castillo V, Yonenobu et al. 2013. Early ceremonial constructions at Ceibal, Guatemala, and the origins of lowland Maya civilization. *Science*. 340(6131):467-71.

Just R.S., T.M. Diegoli, J.L. Saunier, et al. 2008. Complete mitochondrial genome sequences for 265 African American and U.S. "Hispanic" individuals. *Forensic Sci Int Genet*. 2(3):e45-8.

Kemp, B.M., A. Resendez, J. Berrelleza, et al. 2005. An Analysis of Ancient Aztec mtDNA from Tlatelolco: Pre-Columbian Relations and the Spread of Uto-Aztecan. In: *Biomolecular Archaeology: genetic approaches to the past*. D.M Reed, ed. Vol. 32. Center for Archaeological Investigations, Southern Illinois University; Carbondale, Illinois.

Kemp B.M., A. González-Oliver, R.S. Malhi, et al. 2010. Evaluating the Farming/Language Dispersal Hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 107(15):6759-64.

Kemp, B. M. and T. G. Schurr. 2010. Ancient and modern genetic variation in the Americas. In *Human Variation in the Americas*. M. Benjamin, Auerbach, ed. Center for Archaeological Investigations, Occasional Paper No. 38: 12-50.

Kohler TA and K.M. Reese. 2014. Long and spatially variable Neolithic Demographic Transition in the North American Southwest. *Proc Natl Acad Sci. U S A*. 2014 Jul 15;111(28):10101-6. doi: 10.1073/pnas.1404367111. Epub 2014 Jun 30.

- Kolman C.J., E. Bermingham. 1997. Mitochondrial and nuclear DNA diversity in the Chocó and Chibcha Amerinds of Panamá. *Genetics*. 147(3):1289-302.
- Kong Q.P., Y.G. Yao, C. Sun, et al. 2003. Phylogeny of east Asian mitochondrial DNA lineages inferred from complete sequences. *Am J Hum Genet*. 73(3):671-6.
- Kumar S., C. Bellis, M. Zlojutro, et al. 2011. Large scale mitochondrial sequencing in Mexican Americans suggests a reappraisal of Native American origins. *BMC Evol Biol*. 11:293.
- Lalueza C., A. Pérez-Pérez, E. Prats, L. 1997. Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia. *Hum Mol Genet*. 6(1):41-6.
- Lalueza-Fox C., M.T. Gilbert, A.J. Martínez-Fuentes, et al. 2003. Mitochondrial DNA from pre-Columbian Ciboneys from Cuba and the prehistoric colonization of the Caribbean. *Am J Phys Anthropol*. 121(2):97-108.
- Law D. 2013. Mayan Historical Linguistics in a New Age. *Language and Linguistics Compass* 7/3: 141–156.
- Lewis C.M. Jr, B. Lizárraga, R.Y. Tito, et al. 2007. Mitochondrial DNA and the peopling of South America. *Hum Biol*. 79(2):159-78.
- Malhi R.S., J.S. Cybulski, R.Y. Tito, et al. 2010. Brief communication: mitochondrial haplotype C4c confirmed as a founding genome in the Americas. *Am J Phys Anthropol*. 141(3):494-7.
- Malhi R.S., H.M. Mortensen, J.A. Eshleman, et al. 2003. Native American mtDNA prehistory in the American Southwest. *Am J Phys Anthropol*. 120(2):108-24.
- Maniatis, T., E. F. Fritsch, J. Sambrook. 1989. In: *Molecular Cloning*. Cold Spring Harbor Laboratory Press.

- Melton P.E., N.F. Baldi, R. Barrantes, et al. 2013. Microevolution, migration, and the population structure of five Amerindian populations from Nicaragua and Costa Rica. *Am J Hum Biol.* 25(4):480-90.
- Melton PE., I. Briceño, A. Gómez, et al. 2007. Biological relationship between Central and South American Chibchan speaking populations: evidence from mtDNA. *Am J Phys Anthropol.* 133(1):753-70.
- Mendisco F., C. Keyser, V. Seldes, et al. 2014. Genetic diversity of a late prehispanic group of the Quebrada de Humahuaca, northwestern Argentina. *Ann Hum Genet.* 78(5):367-80.
- Merrill WL, R.J. Hard, J.B. Mabry, et al. 2009. The diffusion of maize to the southwestern United States and its impact. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 106(50):21019-26.
- Merriwether D.A., D.M. Reed, R.E. Ferrell. 1997. Ancient and contemporary mitochondrial DNA variation in the Maya. In: *Bones of the Maya: studies of ancient skeletons*, S.L. Whittington and D.M. Reed, eds. Washington, DC: Smithsonian Institute Press. p 208–217.
- Meyer S., G. Weiss, A. von Haeseler. 1999. Pattern of nucleotide substitution and rate heterogeneity in the hypervariable regions I and II of human mtDNA. *Genetics.* 152(3):1103-10.
- Mishmar D., E. Ruiz-Pesini, P. Golik, et al. 2003. Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 100(1):171-6.
- Mitomaster WebHome. <http://www.mitomap.org/bin/view.pl/MITOMASTER/WebHome>.
- Montiel-Sosa J.F., Herrero M.D., M.de L. Muñoz, et al. 2013. Phylogenetic analysis of mitochondrial DNA in a patient with Kearns-Sayre syndrome containing a novel 7629-bp deletion. *Mitochondrial DNA.* 24(4):420-31.

- Moraga M., C.M. Santoro, V.G. Standen, et al. 2005. Microevolution in prehistoric Andean populations: chronologic mtDNA variation in the desert valleys of northern Chile. *Am J Phys Anthropol.* 127(2):170-81.
- Moraga M.L., P. Rocco, J.F. Miquel, et al. 2000. Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: implications for the peopling of the southern cone of the continent. *Am J Phys Anthropol.* 113(1):19-29.
- Muñoz M.de L, M. Lopez-Armenta, M. Moreno-Galeana, et al. 2012a. Extraction and electrophoresis of DNA from the remains of Mexican ancient populations. In: *Gel Electrophoresis - Part 2*", Sameh Magdeldin, ed. ISBN 979-953-307-276-9.
- Muñoz M.de L., E. Ramos, A. Díaz-Badillo, et al. 2012b. Migration of pre-Hispanic and contemporary human Mexican populations . In: *Causes and Consequences of Human Migration. An Evolutionary Perspective*, Michael H. Crawford and Benjamin C. Campbell eds. Cambridge University Press.
- Nei, M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.
- Nesheva D. 2014. Aspects of ancient mitochondrial DNA analysis in different populations for understanding human evolution. *Balkan J Med Genet.* 17(1):5-14.
- Software Network 4.6.1.3, 2015. http://www.fluxus-engineering.com/sharenet_rn.htm]
- Ochoa L. 2004. "Comalcalco Ancient City of Brick and Stucco" (PDF). *Voices of Mexico* (Mexico: Universidad Nacional Autónoma de México) (69): 95–99. ISSN 0186-9418. OCLC 4155186 [www.revistascisan.unam.mx/Voices/pdfs/6918.pdf]
- Pakendorf B., and M. Stoneking. 2005. Mitochondrial DNA and human evolution. *Annu Rev Genomics Hum Genet.* 6:165-83.

- Peñaloza-Espinosa R.I., D. Arenas-Aranda, R.M. Cerda-Flores, et al. 2007. Characterization of mtDNA haplogroups in 14 Mexican indigenous populations. *Hum Biol.* 79(3):313-20.
- Perego U.A., A. Achilli, N. Angerhofer, et al. 2009. Distinctive Paleo-Indian migration routes from Beringia marked by two rare mtDNA haplogroups. *Curr Biol.* 19(1):1-8.
- Perego U.A., N. Angerhofer, M. Pala, et al. 2010. The initial peopling of the Americas: a growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. *Genome Res.* 20(9):1174-9.
- Piperno D.R., A.J. Ranere, I. Holst, et al. 2009. Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.P. maize from the Central Balsas River Valley, Mexico. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 106(13):5019-24.
- Pohl M.E., D.R. Piperno, K.O. Pope, et al. 2007. Microfossil evidence for pre-Columbian maize dispersals in the neotropics from San Andres, Tabasco, Mexico. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 104(16):6870-5.
- Pringle H. 2013. Archaeology. Deep dig shows Maya architecture arose independently of Olmec's. *Science.* Apr 26;340(6131):417.
- R Project for Statistical Computing. R3.1.2 [<https://www.r-project.org/>]
- Raff J.A., D.A. Bolnick, J. Tackney, et al. 2011. Ancient DNA perspectives on American colonization and population history. *Am J Phys Anthropol.* Dec;146(4):503-14.
- Raghavan M., M. Steinrücken, K. Harris, et al. 2015. Population genetics. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. *Science.* 349(6250):aab3884.
- Ragsdale C.S., H.J. Edgar. 2015. Cultural interaction and biological distance in postclassic period Mexico. *Am J Phys Anthropol.* 157(1):121-33.

- Ranere A.J., D.R. Piperno, I. Holst, et al. 2009. The cultural and chronological context of early Holocene maize and squash domestication in the Central Balsas River Valley, Mexico. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 106(13):5014-8.
- Rieux A., A. Eriksson, M. Li, et al., 2014. Improved calibration of the human mitochondrial clock using ancient genomes. *Mol Biol Evol*. 31(10):2780-92.
- Rubicz R., T.G. Schurr, P.L. Babb, et al. 2003. Mitochondrial DNA variation and the origins of the Aleuts. *Hum Biol*. 75(6):809-35.
- Rust W.F., Sharer R.J. 1988. Olmec settlement data from la venta, tabasco, Mexico. *Science*. 242(4875):102-4.
- Salas A., J. Lovo-Gómez, V. Alvarez-Iglesias, et al. 2009. Mitochondrial echoes of first settlement and genetic continuity in El Salvador. *PLoS One*. 4(9):e6882.
- Sandoval K., L. Buentello-Malo, R. Peñaloza-Espinosa, et al. Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans. 2009. *Hum Genet*. 126:521–531
- Santos M., R.H. Ward, R. Barrantes. 1994. mtDNA variation in the Chibcha Amerindian Huetar from Costa Rica. *Hum Biol*. 66(6):963-77.
- Santos S.E., A.K. Ribeiro-Dos-Santos, D. Meyer, et al. 1996. Multiple founder haplotypes of mitochondrial DNA in Amerindians revealed by RFLP and sequencing. *Ann Hum Genet*. 60(Pt 4):305-19.
- Scheibye-Knudsen M., K. Scheibye-Alsing, C. Canugovi, et al. 2013. A novel diagnostic tool reveals mitochondrial pathology in human diseases and aging. *Aging (Albany NY)*. 5(3):192-208.

Schele E.D. 2012. The Untold Story of Alberto Ruz and his Archaeological Excavations at Palenque, México: A Micro- and Macrohistorical Approach. PhD. Thesis, Presented to the Faculty of the Graduate School of The University of Texas at Austin.

Scherer A.K. 2007. Population structure of the Classic period Maya. *Am J Phys Anthropol.* 132(3):367-80.

Shokolenko IN, Alexeyev MF2. 2015. Mitochondrial DNA: A disposable genome? *Biochim Biophys Acta.* 1852(9):1805-1809.

Smith, S., M. G. Hayes, G. Cabana et al. 2009. Inferring population continuity versus replacement with aDNA: A cautionary tale from the Aleutian Islands. *Hum. Biol.* 81(4):19–38.

Soares P., L. Ermini, N. Thomson, et al. 2009. Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *Am J Hum Genet.* 84(6):740-59.

Söchtig J., V. Álvarez-Iglesias, A. Mosquera-Miguel, et al. 2015. Genomic insights on the ethno-history of the Maya and the 'Ladinos' from Guatemala. *BMC Genomics.* 16:131.

Snow M.H., K.R. Durand, D.G. Smith. 2010. Ancestral Puebloan mtDNA in Context of the Greater Southwest. *J Archaeol Sci.* 37(7):1635-1645.

Starikovskaya E.B., R.I. Sukernik, O.A. Derbeneva, et al. 2005. Mitochondrial DNA diversity in indigenous populations of the southern extent of Siberia, and the origins of Native American haplogroups. *Ann Hum Genet.* 69(Pt 1):67-89.

Starikovskaya Y.B., R.I. Sukernik, T.G. Schurr, et al. 1998. mtDNA diversity in Chukchi and Siberian Eskimos: implications for the genetic history of Ancient Beringia and the peopling of the New World. *Am J Hum Genet.* 63(5):1473-91.

- Tajima F. 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*. 105(2):437-60.
- Tamm E., T. Kivisild, M. Reidla, et al. 2007. Beringian standstill and spread of Native American founders. *PLoS One*. 2(9):e829.
- Tamura K. 2000. On the estimation of the rate of nucleotide substitution for the control region of human mitochondrial DNA. *Gene*. 259(1-2):189-97.
- Tamura K., G. Stecher, D. Peterson, et al. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol Biol Evol*. 30(12):2725-9.
- Theyab J.B., S. Al-Bustan, M.H. Crawford. 2012. The genetic structure of the Kuwaiti population: mtDNA Inter- and intra-population variation. *Hum Biol*. 84(4):379-403.
- Tom Hall Ibis Biosciences, <http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>.
- Torrioni A., Y.S. Chen, O. Semino, et al. 1994. mtDNA and Y-chromosome polymorphisms in four Native American populations from southern Mexico. *Am J Hum Genet*. 54(2):303-18.
- Torrioni A., T.G. Schurr, M.F. Cabell, et al. 1993. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *Am J Hum Genet*. 53(3):563-90.
- Tackney J.C., B.A. Potter, J. Raff, et al. 2015. Two contemporaneous mitogenomes from terminal Pleistocene burials in eastern Beringia. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 112(45):13833-8.
- Vona G., A. Falchi, P. Moral, et al. 2005. Mitochondrial sequence variation in the Guahibo Amerindian population from Venezuela. *Am J Phys Anthropol*. 127(3):361-9.
- Wallace D.C., M.D. Brown, M.T. Lott. 1999. Mitochondrial DNA variation in human evolution and disease. *Gene*. 238(1):211-30.

Ward R.H., F.M. Salzano, S.L. Bonatto, et al. 1996. Mitochondrial DNA polymorphism in three Brazilian Indian tribes. *Am J Hum Biol.* 8 (3):317-323.

Williams S.R., N.A. Chagnon, R.S. Spielman. 2002. Nuclear and mitochondrial genetic variation in the Yanomamö: a test case for ancient DNA studies of prehistoric populations. *Am J Phys Anthropol.* 117(3):246-59.

Wilson M.R., D. Polansky, J. Butler, et al. 1995a. Extraction, PCR amplification and sequencing of mitochondrial DNA from human hair shafts. *Biotechniques.* 18(4):662-9.

Wilson M.R., J.A. DiZinno, D. Polansky, et al. 1995b. Validation of mitochondrial DNA sequencing for forensic casework analysis. *Int J Legal Med.* 108(2):68-74.

Yunis JJ, E.J. Yunis. 2013. Mitochondrial DNA (mtDNA) haplogroups in 1526 unrelated individuals from 11 Departments of Colombia. *Genet Mol Biol.* 36(3):329-35.

Table 1. Features of samples from the pre-Hispanic Mayas (see also S1 File).

Sample Code and Archeological Site	Building	Burial (E) Tomb (T)	Age	Sex	Temporality (CE)	Hap	City	Latitude/ Longitude
Xcambo								21.35/-89.266°
MXYUCXCAMBO_E9b_A2	Work areas	E9	Adult	M	250-550	A2	Yucatan	
MXYUCXCAMBO_E14_A2	Work areas	E14	Adult	M	250-550	A2	Yucatan	
Bonampak								16.704/-91.065°
MXCHBONAMPAK_E1GF_A2	Group Frey	E1	Adult	M	580-800	A2	Chiapas	
MXCHBONAMPAK_E2GF_A2	Group Frey	E2	Adult	M	580-800	A2	Chiapas	
MXCHBONAMPAK_E3GF_A2	Group Frey	E3	Adult	M	580-800	A2	Chiapas	
MXCHBONAMPAK_E4GF_A2	Group Frey	E4	Adult	M	580-800	A2	Chiapas	
Bonampak								
MXCHBONAMPAK_E3GQ_A2	Group Quemado	E3	Adult	M	580-800	A2	Chiapas	
Palenque								17.5092°/-91.982°
MXCHPALENQUE_T3PGTXV_A2	XV	T3	Adult	M	750-800	A2	Chiapas	
MXCHPALENQUE_E6ID TXV_D	XV	E6 IND-D	Adult	M	750-800	D	Chiapas	
MXCHPALENQUE_TXIII E3CHILD_A2	XIII	E3	Infant	M	750-800	A2	Chiapas	
MXCHPALENQUE_E2_A2	XIII	E2	Adult	F	750-800	A2	Chiapas	
MXCHPALENQUE_T5GB_A2	GROUP B	T5	Infant	M	750-800	A2	Chiapas	
MXCHPALENQUE_E2GB_A2	GROUP B	T2	Adult	F	750-800	A2	Chiapas	
MXCHPALENQUE_T4GB_C1	GROUP B	T4	Adult	F	750-800	C1	Chiapas	
MXCHPALENQUE_T1GB_C1	GROUP B	T1	Adult	F	750-800	C1	Chiapas	
MXCHPALENQUE_T3AGB_C1	GROUP B	T3, IND-A	Adult	F	750-800	C1	Chiapas	
El Rey Quintana Roo								21.061°/86.781°
MXQRELREY_E23-1_A2		E23-1	Adult		1200-1500	A2	Quintana Roo	
MXQRELREY_E23-3_C1		E23-3	Youth		1200-1500	C1	Quintana Roo	
MXQRELREY_E8_A2		E8	Adult		1200-1500	A2	Quintana Roo	
MXRELREY_E9_C1		E9	Adult		1200-1500	C1	Quintana Roo	
MXQRRELREY_E27_A2		E27	Adult		1200-1500	A2	Quintana Roo	
Comalcalco								18.280°/ -93.202°
MXTABCOMALCALCO_T5EBCHILD_A2v	V	T5	Infant	M	700-900	A2v	Tabasco	
MXTABCOMALCALCO_T5I1_C1b14	V	IND 1	Adult	M	700-900	C1b14	Tabasco	
MXTABCOMALCALCO_T3E9_A2v	IIIA, North Plaza	E9	Adult	M	700-900	A2v	Tabasco	
MXTABCOMALCALCO_T3E14_A	IIIA, North Plaza	E14	Adult	M	700-900	A	Tabasco	
MXTABCOMALCALCO_T3E7_A2v	IIIA, North Plaza	E7	Adult	M	700-900	A2v	Tabasco	

MXTABCOMALCALCO_T3AE6_C1b14	IIIA, North Plaza	E6	Adult	M	700-900	C1b14	Tabasco	
MXTABCOMALCALCO_P3AE2_D	IIIA, North Plaza	E2	Adult	M	700-900	D	Tabasco	
Site Dren, Comalcalco								
MXTABSITIODREN_E2_C1b14	Work areas	E2	Adult	M	700-900	C1b14	Tabasco	
Tenosique								
MXTABTENOSIQUE_E2P8_A2	Work areas	E2, Well 8	Adult	M	700-900	A2	Tabasco	17.466°/-91.416°
MXTABTENOSIQUE_E6P6_A2	Work areas	E6, Well 6 South	Adult	M	700-900	A2v	Tabasco	
MXTABTENOSIQUE_E7P65_A2v	Work areas	E7, Well 6	Adult	M	700-900	A2v	Tabasco	
MXTABTENOSIQUE_E4P6CHILD_C1b14	Work areas	E4, Well 6	Infant	ND	700-900	C1b14	Tabasco	
MXTABTENOSIQUE_E3_C1b14	Work areas	E3, Well 9	Adult	M	700-900	C1b14	Tabasco	
Sueños de Oro (El Cibo), Tenosique								
MXTABSUENOSDEORO_E1P1_C1b14	Work areas	E1, Well 1	Adult	M	700-900	C1b14	Tabasco	
MXTABSUENOSDEORO_E2P1_C	Work areas	E2, Well 1	Adult	M	700-900	D	Tabasco	
Site Calicanto, Jalapa								
MXTABCALICANTO_E3VIP_A2v	Work areas	E3	Main Ind.	M	700-900	A2v	Tabasco	17.732°/-92.754
Peje Lagarto, Huimanguillo								
MXTABPEJELAGARTO_I1_C1	Pipe 1	Individual 1	Adult	M	700-900	C1	Tabasco	17.85°/-93.383

CE= Common Era; ND= Not determined.

¹Kumar et al. [2011]; ²MitoMaster; ³Gomez-Carballa et al., 2015; ⁴Rieux et al., 2014. Bold font was used to display the specific haplogroup polymorphic sites. Haplotypes numbers for each network are displayed in column 2 and 3.

Table 3. Haplotypes encountered shared at various locations through sequencing of mtDNA from pre-Hispanic and contemporary human populations.

HAPLOGROUP	Temporality (CE)	HAPLOTYPE NUMBER			
		A	C	D	
POPULATION/GEOGRAPHIC AREA		H3	H30	H10	H4
Xcambo (E9b_A2, E14_A2)	250-550	•			
Bonampak (E1GF_A2, E2GF_A2, E3GF_A2, E4GF_A2, E3GQ_A2)	580-800	•			
Palenque (T3PGTXV_A2)	750-800	•			
El Rey Quintana Roo (E23-1_A2)	1200-1500	•			
Pre-Columbian Guane	1090 ± 70	•			
Chibchan: Costa Rica (Rama), Panama (Maleku, Guaymi), and Colombia	Contemporary	•			
Ecuador (Kayapa), Bolivia (Yuracare), Uruguay (Tacuarembó), Peru (Quechua), Brazil (Xavante)	Contemporary	•			
Chile (Archaeological Cementeries)	1900*-1900	•			
Mexico City (Nahuatl Zitlala, Ixhuatlancillo)	Contemporary	•			
Mexico City (Nahuatl Xochimilco)	Contemporary	•	•		
Michoacan (Purépecha), Oaxaca (Mixe)	Contemporary	•			
Maya: Yucatan, Quintana Roo, Chiapas (Tzotzil, Tojolobal)	Contemporary	•		•	
Campeche (Maya)	Contemporary	•			
Guatemala (Maya)	Contemporary	•	•		
Guatemala (Ladino)	Contemporary	•			
Nayarit (Cora)	Contemporary	•		•	
USA (Native Americans, Hispanic)	Contemporary	•		•	
Arizona (Hualapai)	Contemporary			•	
California (Native American)	Contemporary		•	•	
Northern Asia (Mongolia, Siberia, Rusia and China)	Contemporary	•			•
Siberia (Chukchi Eskimo)	Contemporary	•			
China (Han)	Contemporary			•	•
Ojinaga, Juarez	Contemporary	•	•	•	
Aleutian archipelago (Aleut)	Contemporary	•			
Comalcalco (T3E9)	700-900		•		
Tenosique (E7P65)	700-900		•		
Quechua: Peru (Yancash, Yuncay, Tupe, Tayacaja, Arquipa)	Contemporary	•		•	
Peje Lagarto (I1_C1)	700-900			•	
Cuba (Ciboney), Hualapay	40*			•	•
Sonora (Pimas), Venezuela (Guahibo, Amazon, Wayuu), Colombia (Wayuu), Bolivia (Movima), Peru (Quechua, Aymara), Brazil and Venezuela (Shamatari), Brazil (Zoró, Xikrin, Tibus), Chile (Pehuenche, Aonikenk)	Contemporary			•	
Palenque (E6ID TXV_D)	750-800				•
Comalcalco (P3AE2_D)	700-900				•
Brazil (Maranhão, SE, N),	Contemporary				•

*BCE

Table 4. Analysis of molecular variance (AMOVA) for mitochondrial DNA control region by timescale of the following groups: 1 Early 250-550 CE (Xcambo); 2. Middle 580-900 CE (Bonampak, Palenque, Comalcalco, Tenosique, Suenos de Oro, Calicanto, Peje Lagarto); 3. Late 1200-1500 CE (El Ray Quintana Roo); and 4. Contemporary Mexican Maya populations.

Source of Variation	d.f.	Sum of Squares	Variance Components	Percentage of variation
Among groups	3	12.552	0.03295 Va	1,23
Among populations	8	52.837	0.13289 Vb	4.98
Within populations	313	783.512	2.50323 Vc	93.79
Total	324	848.902	2.66907	
Fixation Indices	FSC :	0.05041		
	FST :	0.06213		
	FCT :	0.01234		

Genetic structure test (4 groups). Distance method: Pairwise difference
Significance tests (1023 permutations)

Vc and FST: P(rand. value < obs. value) = 0.00000
P(rand. value = obs. value) = 0.00000
P-value = 0.00000+-0.00000

Vb and FSC: P(rand. value > obs. value) = 0.00000
P(rand. value = obs. value) = 0.00000
P-value = 0.00000+-0.00000

Va and FCT: P(rand. value > obs. value) = 0.13685
P(rand. value = obs. value) = 0.00000
P-value = 0.13685+-0.01012

Table 5. Diversity indices and neutrality tests for 6 populations (pre-Hispanic Mayas, Contemporary Mayas, North America, South America, Bering, and Asian).

Population/City ^a	Ancient Maya	Contemporary Maya	North America	South America	Bering	Asian	Mean	SD
n	40	331	310	405	63	47	199.33333	166.77010
Nucleotide Diversity (Pi)	4.64103	3.97836	4.59668	5.17376	3.18382	3.80481	4.22974	0.71171
θ_k (95% CI)	21.69131 (11.77983-40.13327)	26.25052 (19.68381-34.6986)	64.64430 (50.52623-82.41044)	155.96344 (127.08540-191.28236)	13.68336 (8.09424-22.81939)	28.27285 (16.01871-50.23837)	51.75096 (38.86470-70.26374)	54.00129 (45.80205-62.63826)
θ_s (SD)	6.34765 (2.16339)	8.31005 (1.98286)	10.93126 (2.52823)	13.37413 (2.91478)	4.45633 (1.49606)	6.33959 (2.10068)	8.29317 (2.19767)	3.31960 (0.48425)
θ_π (SD)	4.64103 (2.58215)	3.97836 (2.20743)	4.59668 (2.50362)	5.17376 (2.77688)	3.18382 (1.85000)	3.80481 (2.16443)	4.22974 (2.34742)	0.71171 (0.33599)
Tajima's D	-0.91697	-1.49457	-1.70157	-1.79209	-0.88503	-1.33424	-1.35408	0.38570
P-value ^c	0.19500	0.03300	0.01300	0.00500	0.18900	0.06800	0.08383	0.08659
Fu's F_s	-11.51058	-25.36427	-25.13194	-24.77965	-13.05111	-20.96007	-20.13294	-6.31079
P-value ^c	0.00100	0.00000	0.00000	0.00000	0.00100	0.00000	0.00033	0.00052

^aSamples belonging to haplogroups A, B, C, and D.

n: Sample size

^c Significant P-values < 0.05 (for Tajima's D) and < 0.02 (for Fu's F_s).

SD: Standard deviation

Figure Legends

Figure 1. Overview of the locations of archaeological Maya sites in the Yucatan, Chiapas, and Tabasco.

The figure shows the locations and origins of the collected pre-Hispanic samples. The numbers in each pie chart section indicate the number and percentage of individuals possessing each haplogroup (pie graph). The percentage of each haplogroup in the 38 samples is also displayed on the right side of the pie chart.

Figure 2. Mismatch distributions for haplogroups A, B, C, and D with HVS datasets for all populations are shown.

Demographic history inferred by mismatch distributions of the numbers of pairs of nucleotide differences among individuals within each of mtDNA haplogroups A (blue), B (red), C (green), and D (purple) for the populations from the pre-Hispanic Maya (Yucatan, Chiapas, and Tabasco) and the contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize); Asia, Bering Strait Bridge, North America, and South America. The observed distributions were compared using the sudden population expansion model (ARLEQUIN version 3.5.1.2) [Excoffier and Lischer, 2010]. Harpending's Raggedness Index values are also displayed in the figure.

Figure 3. Haplotype network of mtDNA haplogroup A in the pre-Hispanic Maya, contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize), Asia, Bering, North America, and South America.

A phylogenetic network was constructed with the mtDNA sequences from nucleotides 16106 to 16399 using the Network 4.6.1.1 program. The size of the circle is proportional to the number of individuals in each haplotype present in the dataset (Suppl. Table 1). The distances between the circles correspond to one mutation between haplotypes; otherwise, it is indicated. Black dots on the branches represent inferred missing haplotypes (single nucleotide changes).

Figure 4. Geographic distribution of shared mitochondrial DNA haplotypes between the Maya pre-Hispanic populations in this study and those reported previously for contemporary and pre-Hispanic groups (Suppl. Table 1) from Asia, Beringia, and America.

The figure shows the geographic locations of the shared haplotypes between the pre-Hispanic Maya individuals and the pre-Hispanic and contemporary people from Asia, Beringia and America.

Figure 5. Haplotype network of mtDNA haplogroup C in the pre-Hispanic Maya, contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize), Asia, Bering, North America, and South America.

A phylogenetic network was constructed using the mtDNA sequences from nucleotides 16153 to 16399 with the Network 4.6.1.1 program. The size of the circle is proportional to the number of individuals in each haplotype present in the dataset (Suppl. Table 1). The distances between the circles correspond to one mutation between the haplotypes; otherwise, it is indicated. Black dots on the branches represent inferred missing haplotypes (single nucleotide changes).

Figure 6. Haplotype network of mtDNA haplogroup D in the pre-Hispanic Maya, contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize), Asia, Bering, North America, and South America.

A phylogenetic network was constructed with the mtDNA sequences from nucleotides 16153 to 16399 using the Network 4.6.1.1 program. The size of the circle is proportional to the number of individuals in each haplotype present in the dataset (Suppl. Table 1). Distances between the circles correspond to one mutation between the haplotypes; otherwise, it is indicated. Black dots on the branches represent inferred missing haplotypes (single nucleotide changes).

Figure 7. Multi-dimensional scaling between pre-Hispanic Maya, contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize), Asia, Bering, North America, and South America.

The genetic affinities among the pre-Hispanic Maya, contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize) and populations from Asia, Bering, North America, and South America (See Suppl. Table 1) were analyzed by MDS to demonstrate their genetic affinities.

Figure 8. Multi-dimensional scaling among ancient Maya populations. The genetic affinities among the pre-Hispanic Maya and ancient populations from Chile and Cuba (See Suppl. Table 1) were analyzed by MDS to demonstrate their genetic affinities.

Figure 9. Multi-dimensional scaling between the pre-Hispanic Maya and contemporary Maya (Mexico, Guatemala, Honduras, and Belize).

The genetic affinities between the pre-Hispanic Maya and contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize) (See Suppl. Table 1) were analyzed by MDS to demonstrate their genetic affinities.

Figure 10. Multi-dimensional scaling between all ancient Maya populations as a group and the contemporary Maya populations by city. The genetic affinities between the pre-Hispanic Maya and Maya from each city (see Suppl. Table 1) were analyzed by MDS to demonstrate their genetic affinities.

Supplemental data

Supplemental Figure Legends

Figure 1. Geographic locations of the sequences analyzed in this study.

The figure shows the locations of all samples from ancient and contemporary individuals described in Table 1 and Suppl. Table 1.

Figure 2. Haplotype network of mtDNA haplogroup A in the pre-Hispanic Maya, contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize), Asia, Bering, North America, and South America.

A phylogenetic network was constructed using the mtDNA sequences from nucleotides 16215 to 16399 using the Network 4.6.1.1 program as described in figure 3.

Figure 3. Mitochondrial DNA phylogenetic tree of the pre-Hispanic haplogroups A and D (panel A) and C (panel B). The file contains figures showing the phylogenetic reconstruction of 38 HVS-I mitochondrial DNA sequences belonging to the pre-Hispanic Maya haplogroup clades presented in panel A) haplogroups A and D and panel B) haplogroup C.

Figure 4. Haplotype network of mtDNA haplogroup C in the pre-Hispanic Maya, contemporary Maya (Yucatan, Guatemala, Honduras, and Belize), Asia, Bering, North America, and South America.

A phylogenetic network was constructed using the mtDNA sequences from nucleotides 16215 to 16399 with the Network 4.6.1.1 program as described in figure 5.

Supplemental Table

Table 1. Details of the mitochondrial genomes used in this study (ethnography, GenBank accession numbers, and references for the mitochondrial genome sequences).

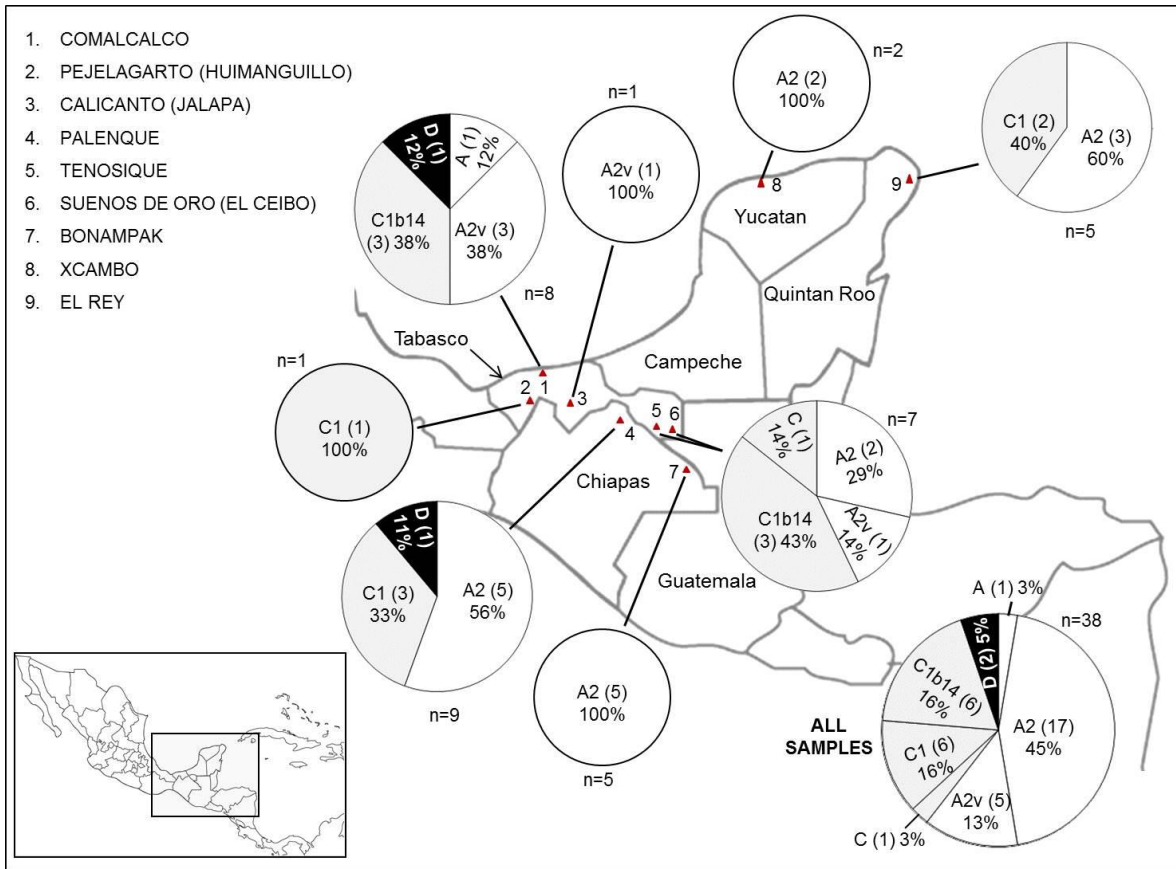


Figure 1

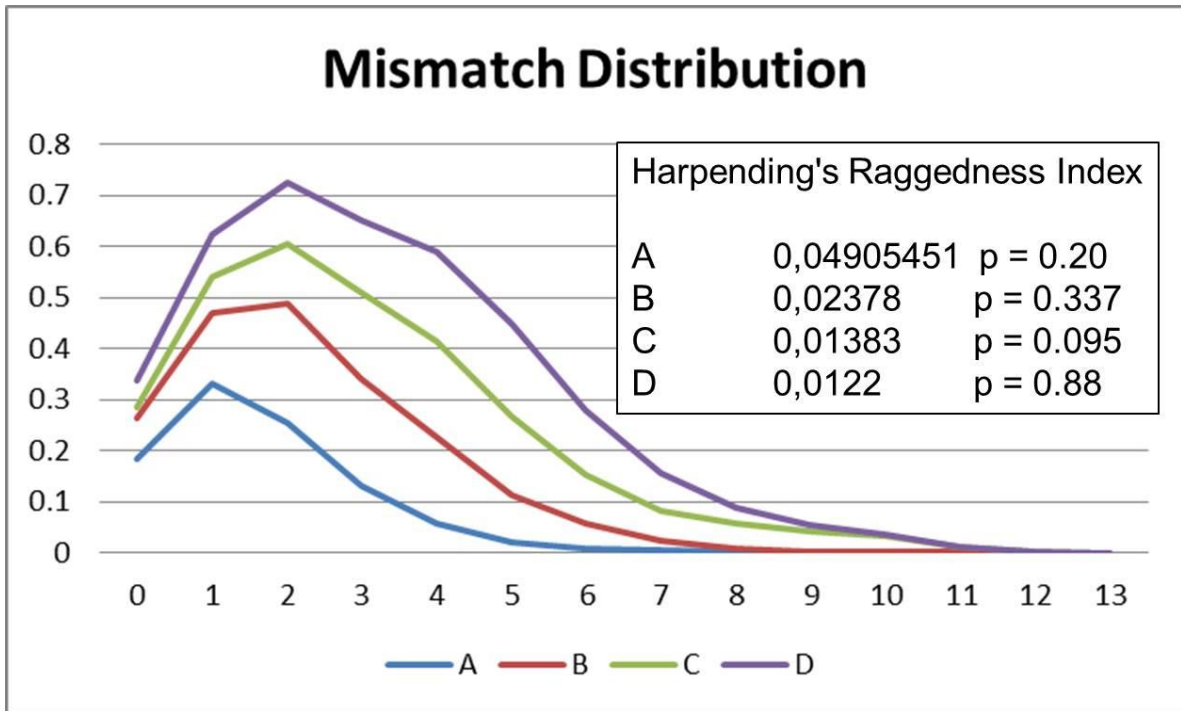


Figure 2

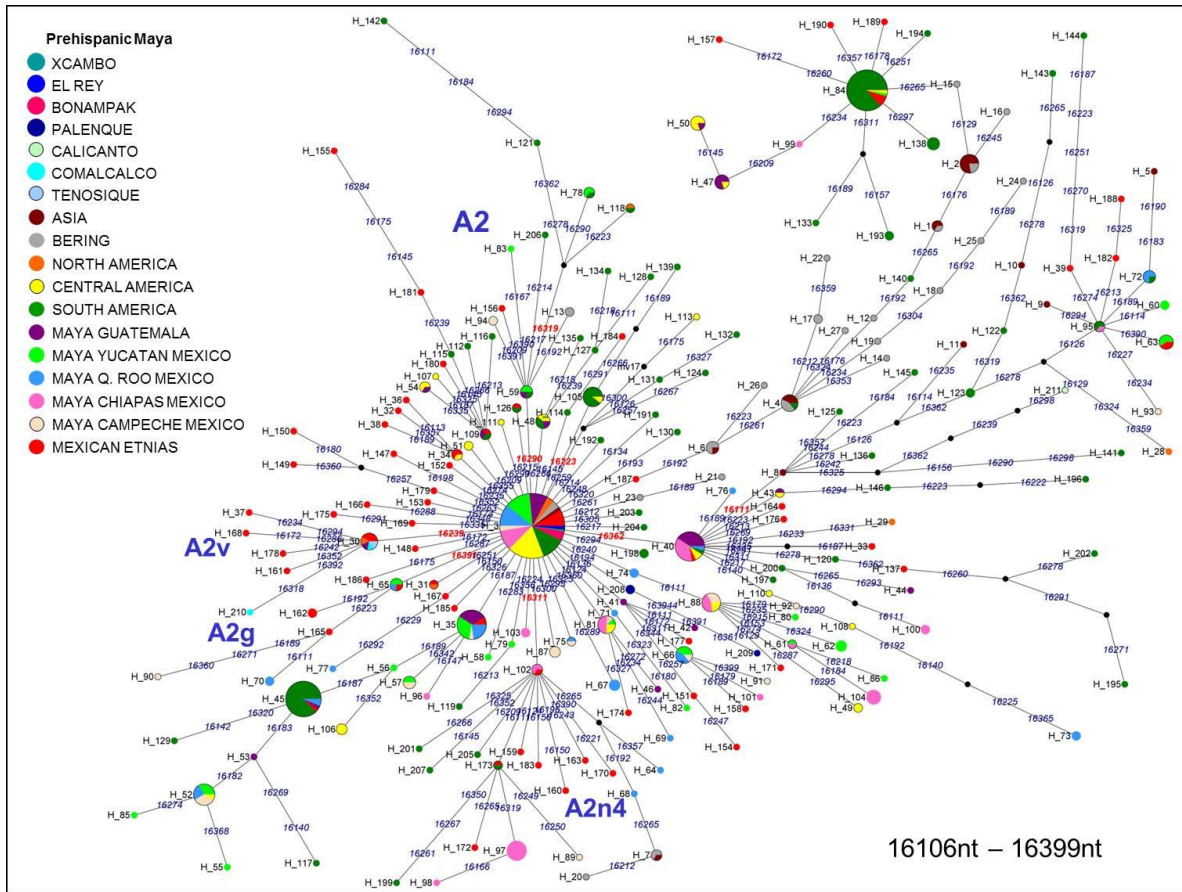


Figure 3

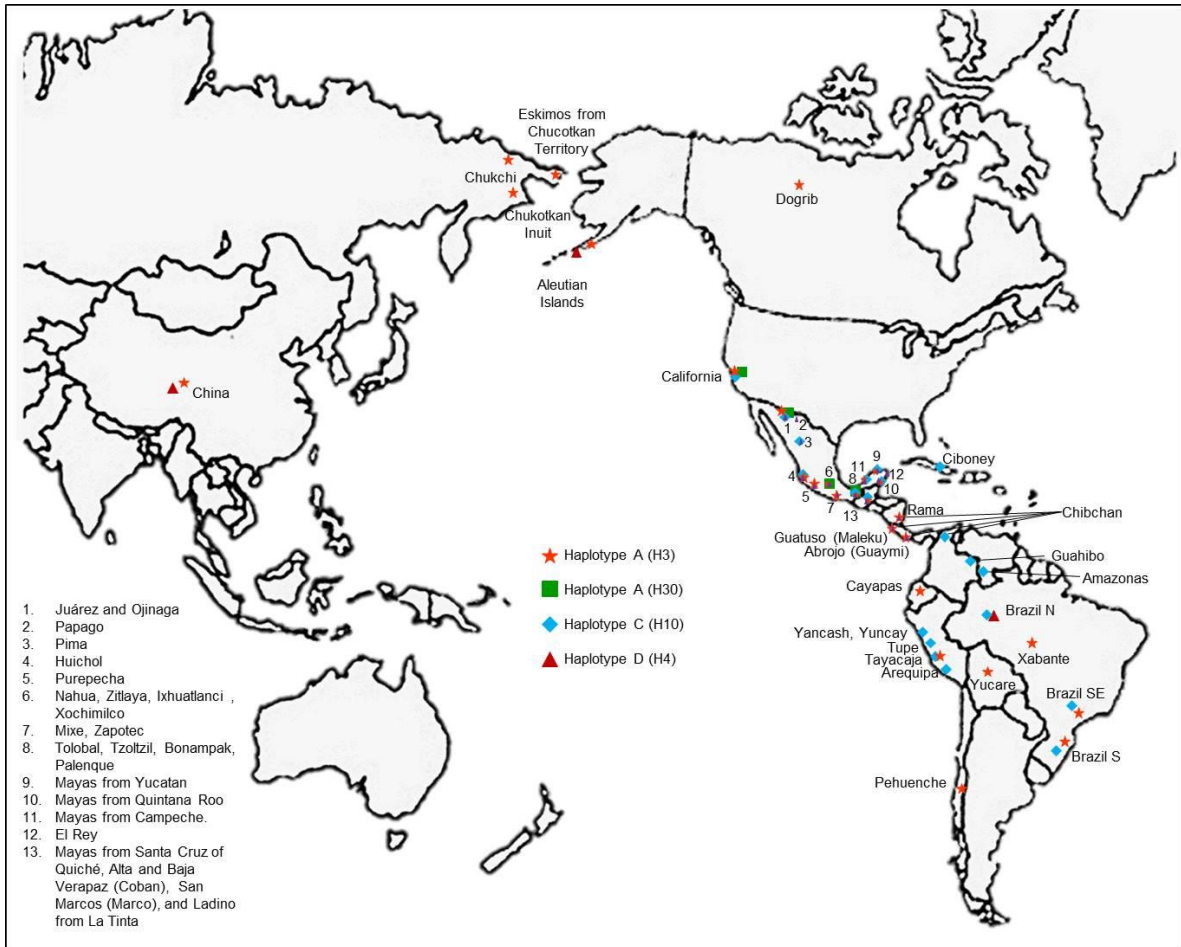


Figure 4

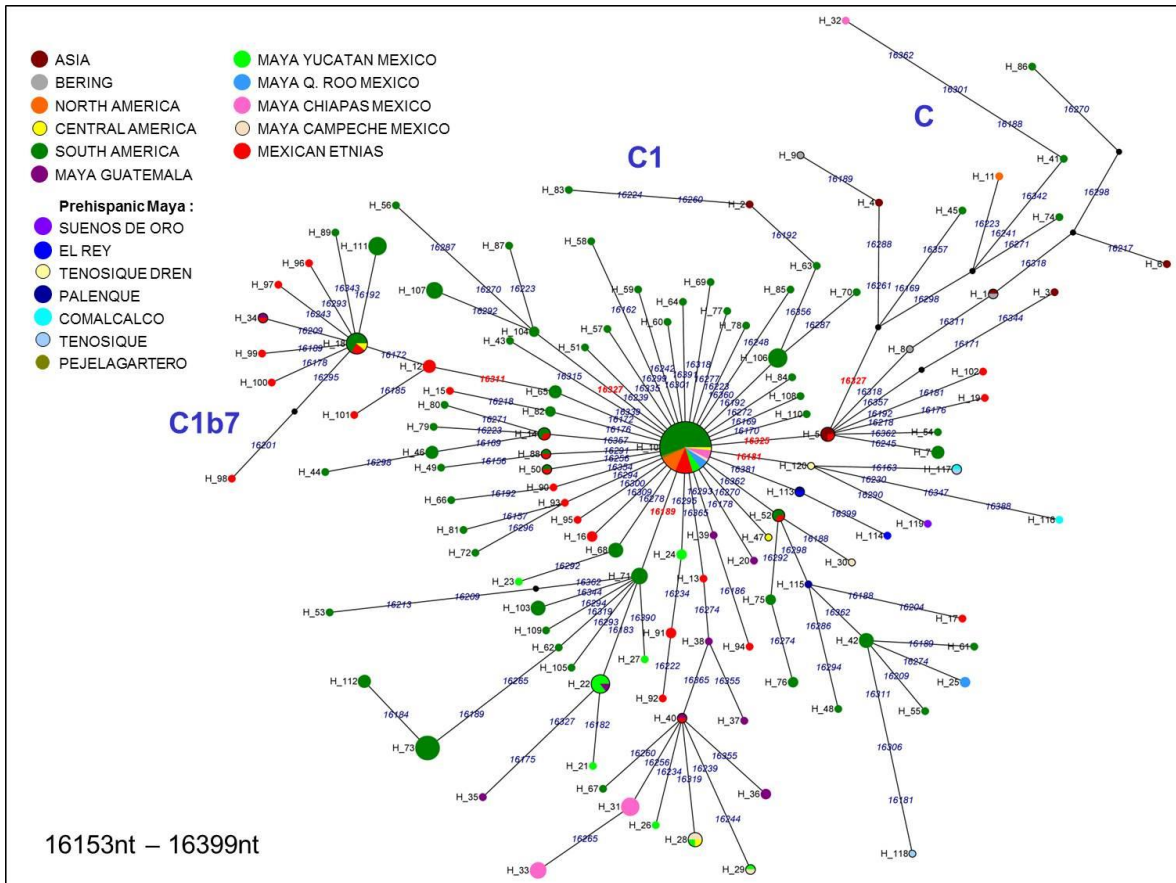


Figure 5

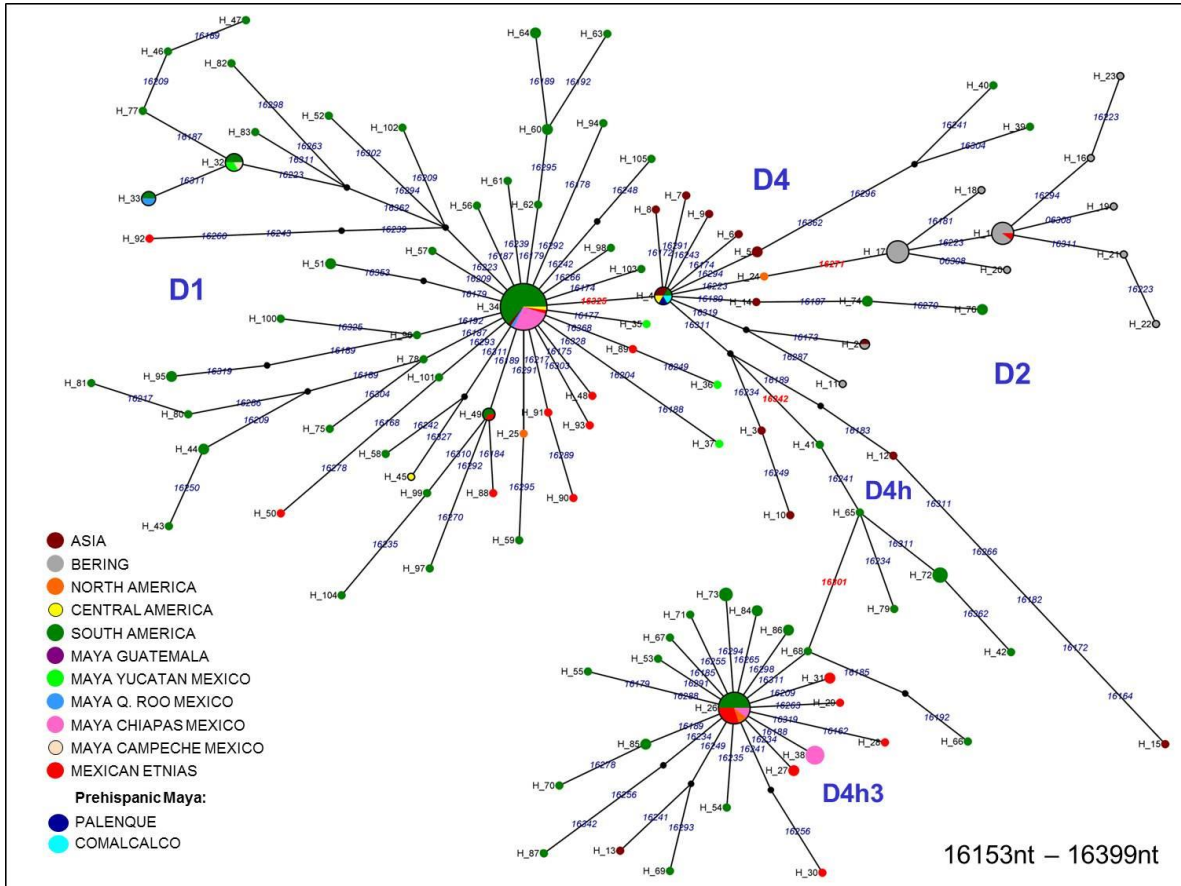


Figure 6

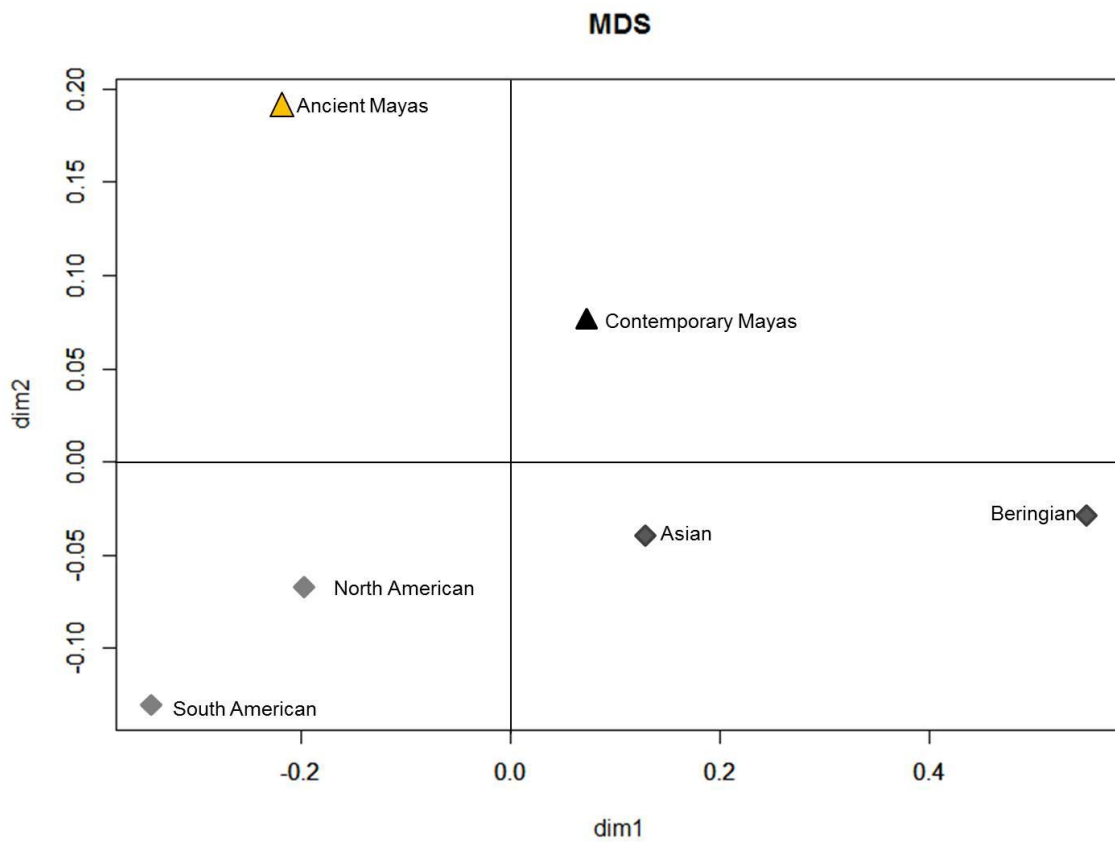


Figure 7

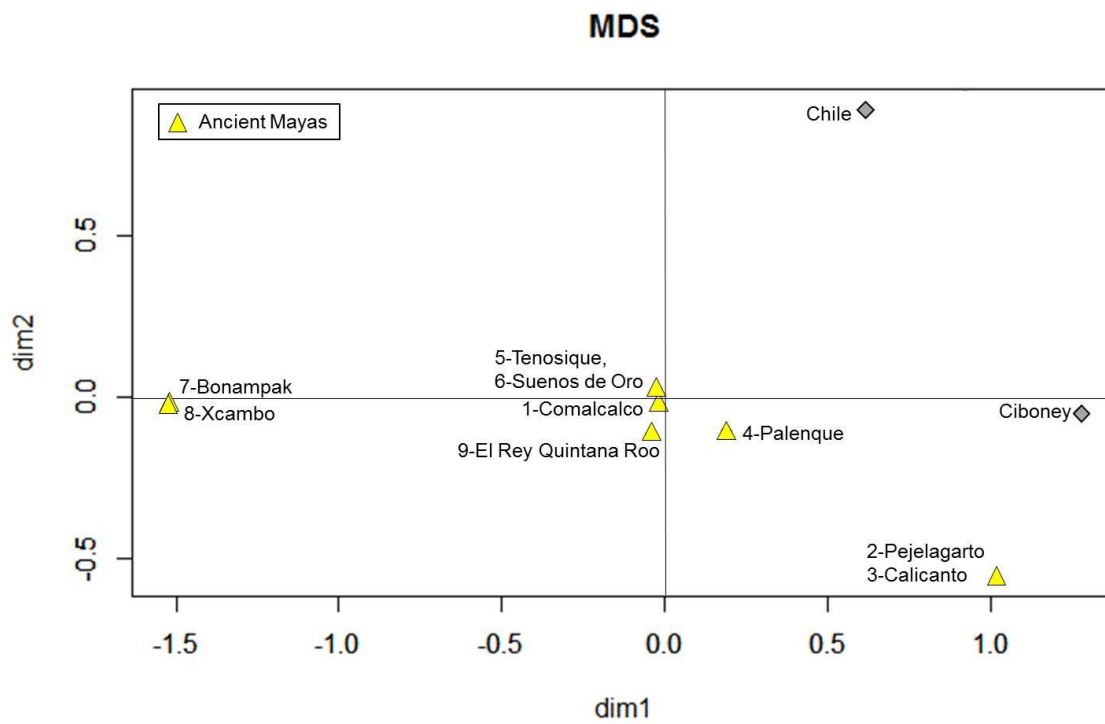


Figure 8

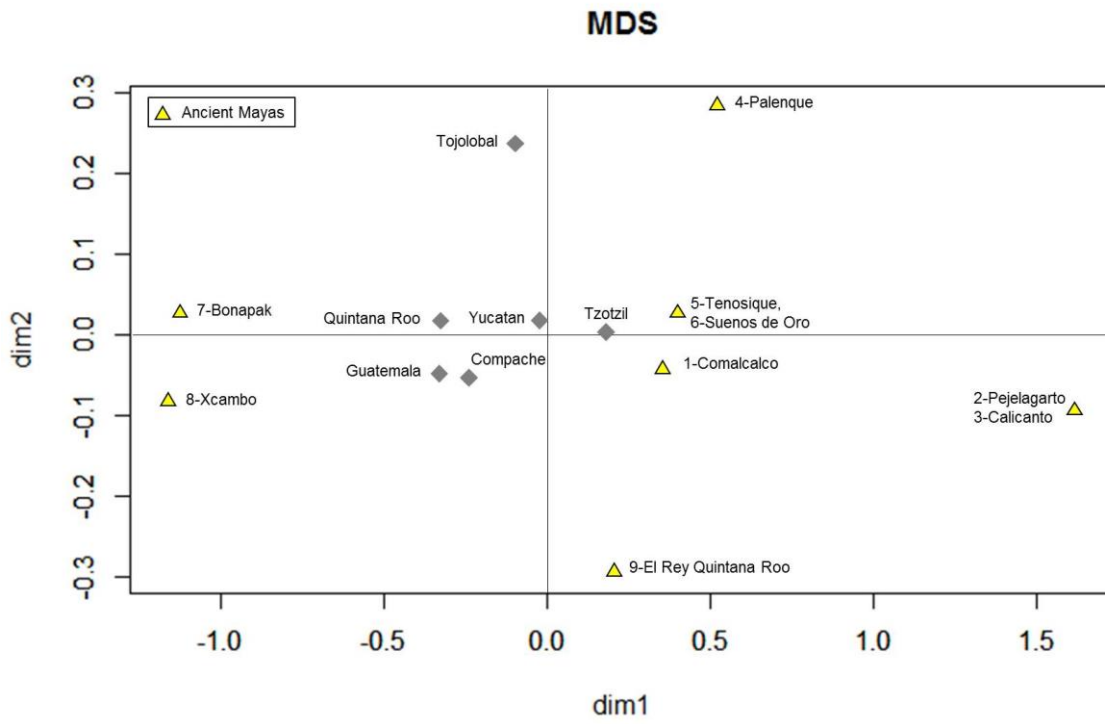


Figure 9

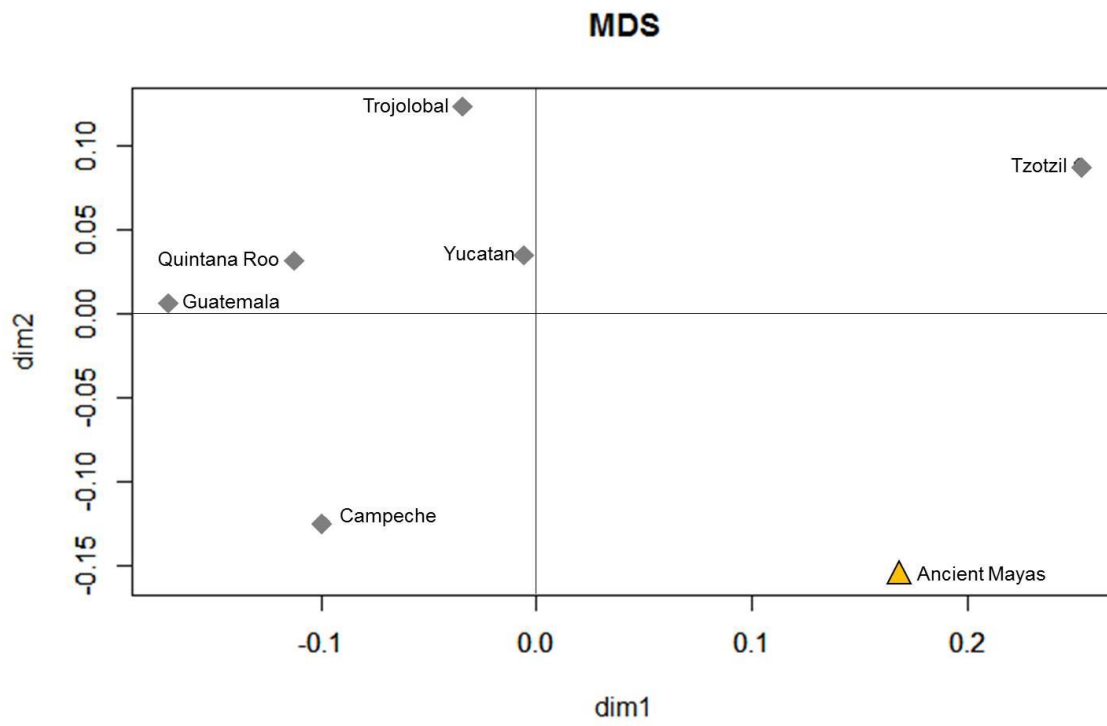
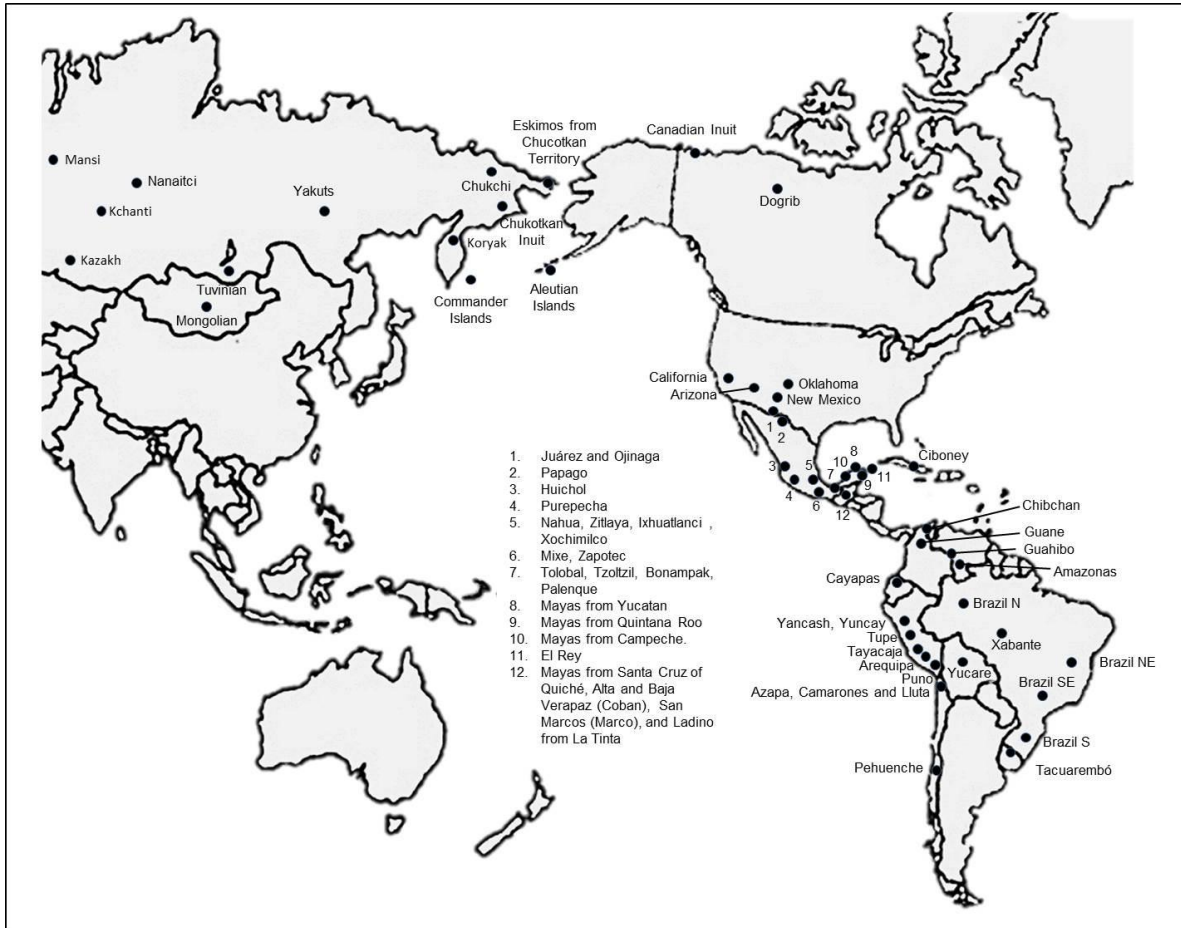
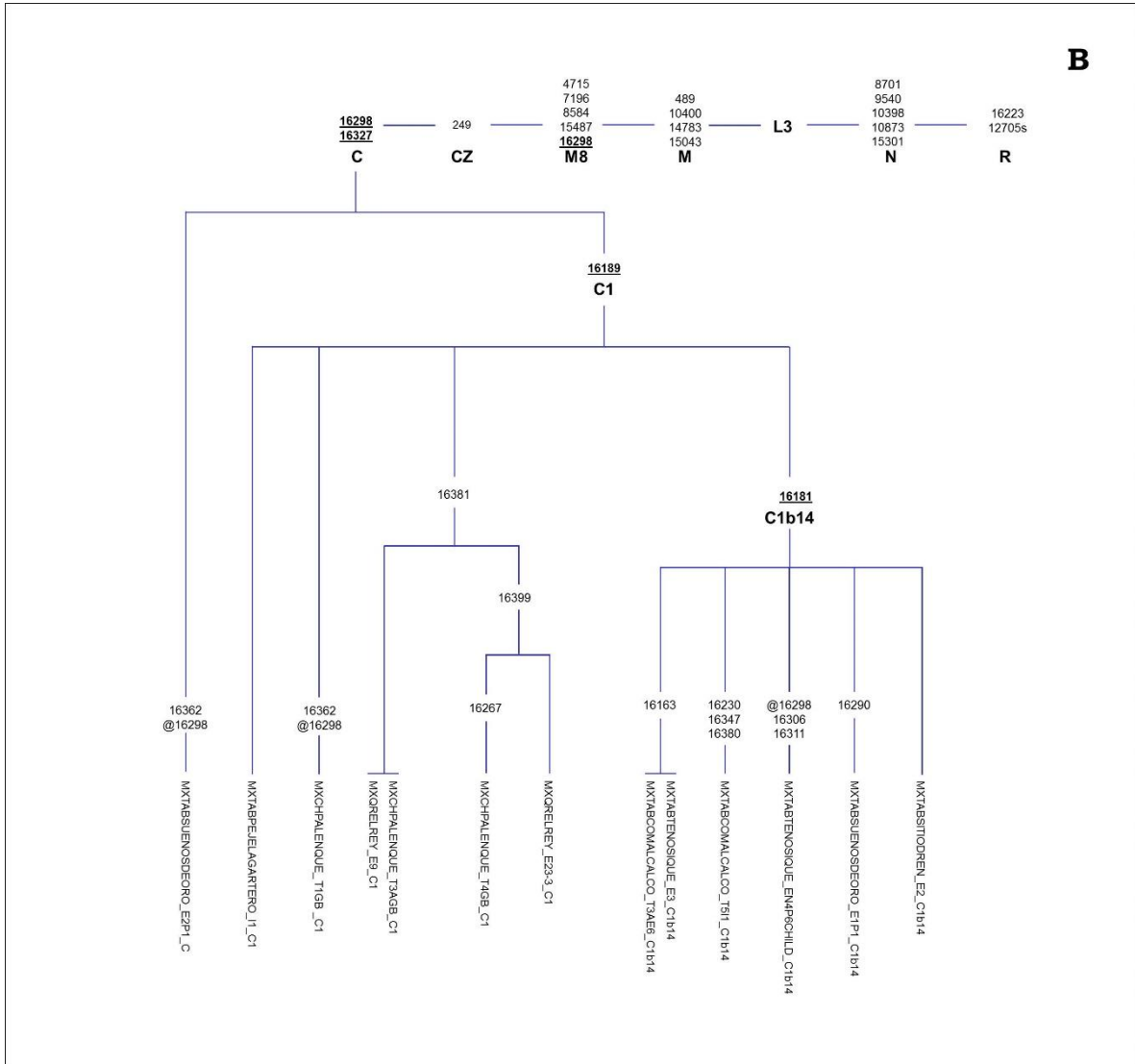


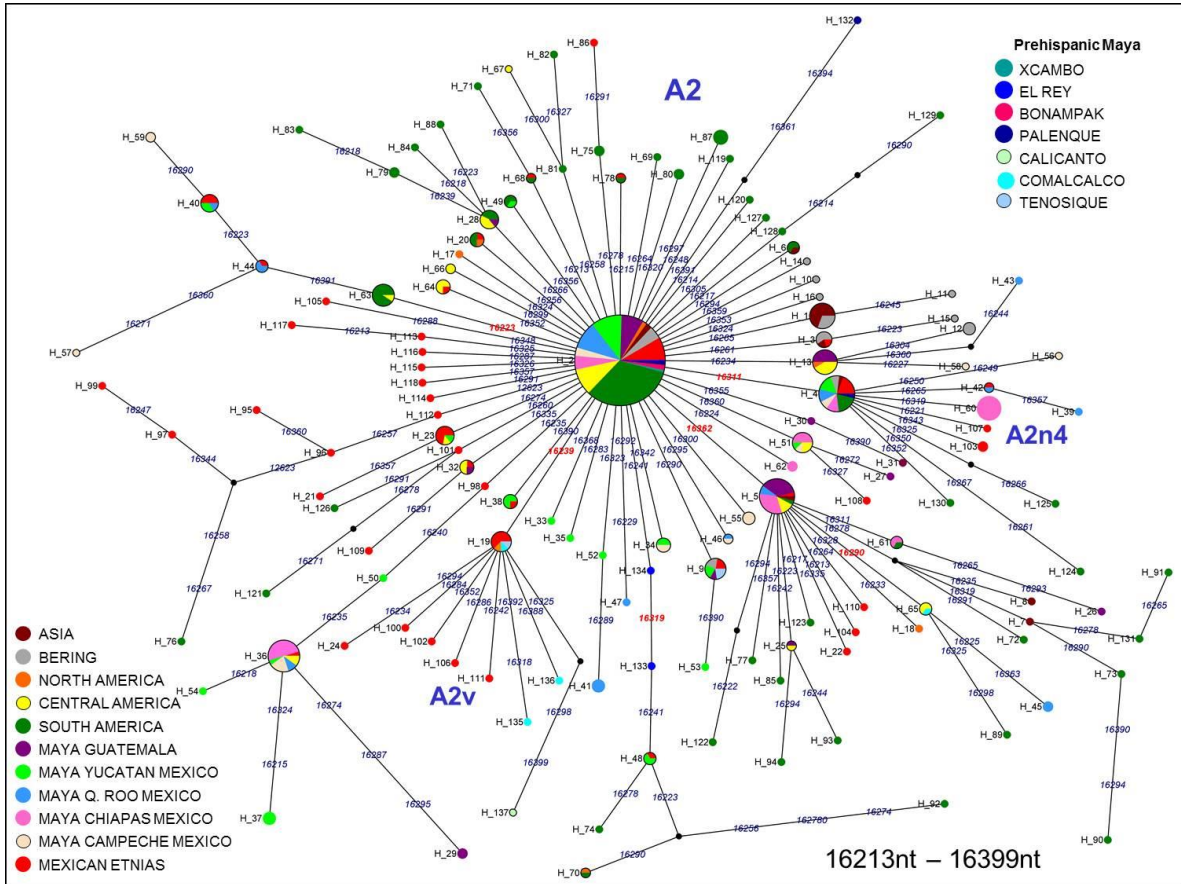
Figure 10



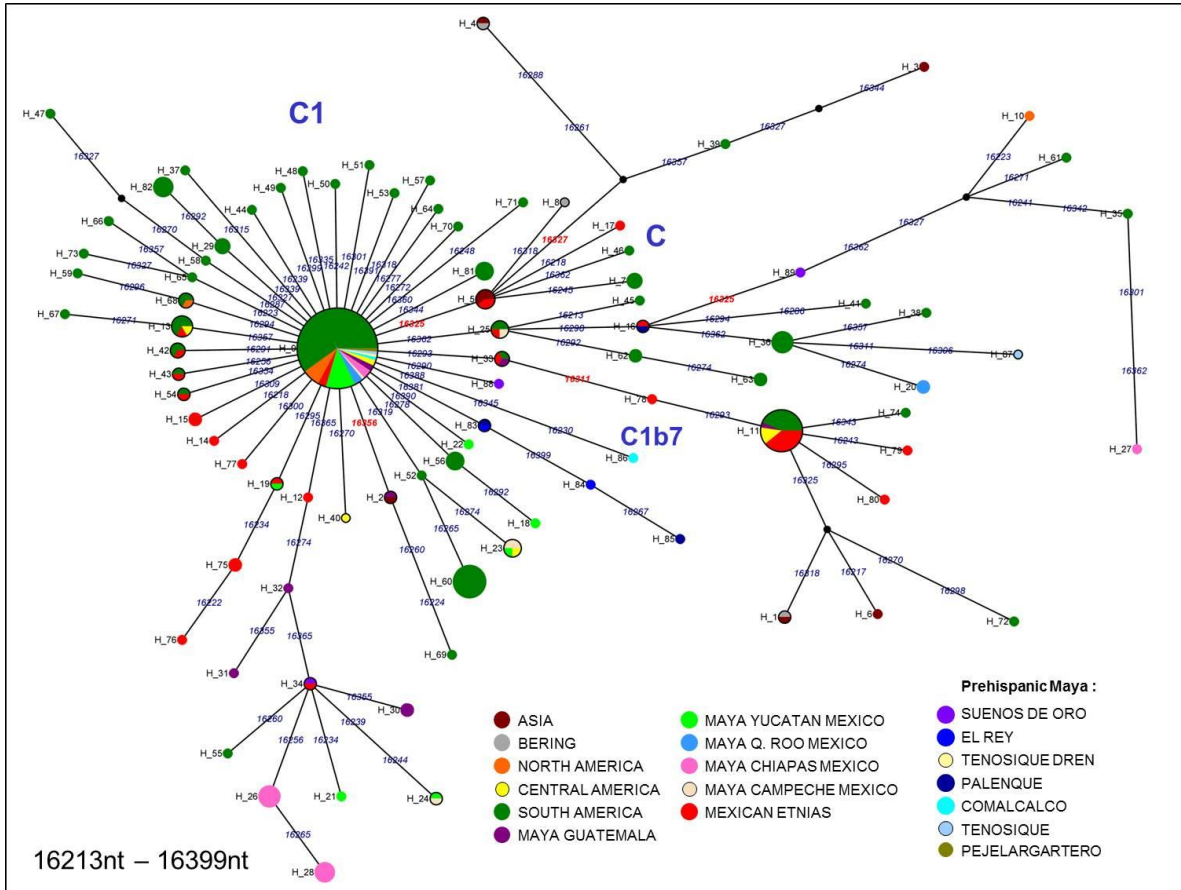
Supp_Figure 1



Supp_Figure 2B



Supp_Figure 3



Supp_Figure 4

Table S1. Details of mitochondrial genomes used in this study (Ethnographic, GenBank accession numbers, and references of the mitochondrial genome sequences).

Haplotype (Fig. 3,5,6)	Haplotype (Fig. S2, S4, S5)	Isolate Name	Subhaplo group	ID GenBank	Ethnicity	Region	Locality	Country	Reference
H35	H2	A_Kiche_Maya_A2	A2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H40	H5	B_Kiche_Maya_A2	A2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H40	H5	D_Kiche_Maya_A2	A2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H41	H2	E_Kiche_Maya_A2u	A2u	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H42	H2	G Kiche_Maya_A2u	A2u	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H43	H25	J Kiche_Maya_A2	A2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H44	H26	K Kiche_Maya_A2	A2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H45	H2	L Kiche_Maya_A2	A2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H30	H19	N Kiche_Maya_A2	A2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H46	H27	O Kiche_Maya_A2af	A2af	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
ND	ND	P Kiche_Maya_B2	B2	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
ND	ND	H Kiche_Maya_B2o*	B2o*	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
ND	ND	F Kiche_Maya_B2* B2c	B2c	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
ND	ND	C Kiche_Maya_B2* B2c	B2c	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995

H20	H9	M Kiche_Maya_C1	C1	not available	K'iche', Maya	Central America	Santa Cruz of Quiché	Guatemala	Boles et al., 1995
H3	H2	Maya_08	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	Maya_04	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	Maya_13	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	Maya_24	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	Maya_01	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	Maya_03	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	Maya_15	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	Maya_11	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Maya_19	A2	not available	Maya	Central America	Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Maya_22	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Maya_18	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H48	28	Maya_23	A2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H47	H13	Maya_05	A2p3a*	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H47	H13	Maya_06	A2p3a*	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H47	H13	Maya_09	A2p3a*	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H35	H2	Maya_10	A2w1	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015

H35	H2	Maya_02	A2w1	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H35	H2	Maya_07	A2w1	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H35	H2	Maya_14	A2w1	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	Maya_12	B2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	Maya_17	B2	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	Maya_20	B2t*	KM051476	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H21	H9	Maya_16	C1d	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H22	H9	Maya_21	C1d	not available	Maya	Central America	Alta and Baja Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Coban3_Maya_A2	A2	not available	Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Coban4_Maya_A2	A2	KM051465	Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Coban5_Maya_A2	A2	KM051466	Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H49	H29	Coban1_Maya_A2m	A2m*	not available	Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H47	H13	Coban6_Maya_A2p3a	A2p3a*	KM051467	Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H50	H13	Coban2_Maya_A2p3a	A2p3a*	not available	Maya	Central America	Cobán de Alta Verapaz	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Marco08_Maya_A2	A2	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Marco01_Maya_A2	A2	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	Marco09_Maya_A2	A2	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015

H53	H2	Marco07_Maya_A2* A2e	A2e	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H52	H2	Marco06_Maya_A2* A2e	A2e	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H49	H29	Marco02_Maya_A2 m	A2m*	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H51	H31	Marco05 Maya A2q*_A2	A2q*	KM051474	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H51	H30	Marco04 Maya_A2q*_A2	A2q*	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H54	H32	Marco10_Maya_A2 q	A2q*	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	Marco03 Maya_B2	B2	not available	Maya	Central America	San Marcos	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H52	H2	MEXMAY01S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H52	H2	MEXMAY02S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H52	H2	MEXMAY03S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H52	H2	MEXMAY04S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H55	H33	MEXMAY05S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H56	H2	MEXMAY06S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H57	H34	MEXMAY07S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H57	H34	MEXMAY08S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H35	H2	MEXMAY09S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H58	H35	MEXMAY10S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009

H3	H2	MEXMAY11S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY12S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY13S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY14S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY15S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY16S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY17S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY18S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY19S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY20S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MEXMAY21S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H59	H9	MEXMAY22S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H59	H9	MEXMAY23S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H60	H2	MEXMAY24S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H60	H2	MEXMAY25S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H61	H36	MEXMAY26S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H62	H37	MEXMAY27S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009

H62	H37	MEXMAY28S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H62	H37	MEXMAY29S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H63	H38	MEXMAY30S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H63	H38	MEXMAY31S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H63	H38	MEXMAY32S_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY33S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY34S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY35S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY36S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY37S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY38S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY39S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY40S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
ND	ND	MEXMAY41S_B2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H23	H38	MEXMAY42S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H22	H9	MEXMAY43S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H22	H9	MEXMAY44S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009

H22	H9	MEXMAY45S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H22	H9	MEXMAY46S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H22	H9	MEXMAY47S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H24	H19	MEXMAY48S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H10	H9	MEXMAY49S_C1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H33	H29	MEXMAY50S_D1	D1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H33	H29	MEXMAY51S_D1	D1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H32	H28	MEXMAY52S_D1	D1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	Sandoval et al., 2009
H78	H48	MXMAYA01YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA02YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H66	H4	MXMAYA03YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H66	H4	MXMAYA04YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA05YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA06YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA08YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA09YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA10YGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015

H66	H48	MXMAYA11YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H79	H49	MXMAYA12YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H80	H50	MXMAYA13YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H81	H51	MXMAYA14YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA15YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H82	H52	MXMAYA16YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA17YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H83	H53	MXMAYA18YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA19YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H84	H2	MXMAYA20YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H78	H48	MXMAYA21YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H85	H23	MXMAYA22YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H2	MXMAYA23YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H65	H40	MXMAYA24YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H86	H54	MXMAYA25YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H65	H40	MXMAYA26YGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA27YGM_B 2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015

ND	ND	MXMAYA28YGM_B 2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA29YGM_B 2	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA32YGM_B 4b1	B2	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H10	H9	MXMAYA33YGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H26	H21	MXMAYA34YGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H27	H22	MXMAYA35YGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H28	H23	MXMAYA36YGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H29	H24	MXMAYA37YGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H30	MXMAYA38YGM_D 1	D1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H36	H31	MXMAYA39YGM_D 1	D1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H37	H32	MXMAYA40YGM_D 1	D1	not available	Maya	North America	Yucatan	Mexico	González-Martín et al., 2015
H64	H39	MXMAYA01QRGM_ A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA02QRGM_ A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA03QRGM_ A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H65	H40	MXMAYA04QRGM_ A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H66	H4	MXMAYA05QRGM_ A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H66	H4	MXMAYA06QRGM_ A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015

H66	H4	MXMAYA07QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H67	H41	MXMAYA08QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H67	H41	MXMAYA09QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H67	H41	MXMAYA10QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H2	MXMAYA11QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H68	H42	MXMAYA12QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H52	H2	MXMAYA14QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H12	H2	MXMAYA15QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H52	H2	MXMAYA16QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H69	H43	MXMAYA17QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H70	H44	MXMAYA18QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H70	H44	MXMAYA19QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H2	MXMAYA20QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H2	MXMAYA21QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H71	H2	MXMAYA22QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA23QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA24QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015

H3	H2	MXMAYA25QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA26QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA27QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H72	H2	MXMAYA28QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H72	H2	MXMAYA29QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H72	H2	MXMAYA30QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H73	H45	MXMAYA31QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H73	H45	MXMAYA32QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H75	H36	MXMAYA33QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H74	H36	MXMAYA34QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H74	H2	MXMAYA35QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H46	MXMAYA36QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA37QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA38QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA39QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H76	H5	MXMAYA40QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA41QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015

H45	H2	MXMAYA42QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H2	MXMAYA43QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H2	MXMAYA44QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H33	H2	MXMAYA46QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA47QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H77	H47	MXMAYA48QRGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA49QRGM_B2	B2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA50QRGM_B2	B2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA51QRGM_B2	B2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA52QRGM_B2	B2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA58QRGM_B2	B2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA59QRGM_B2	B2	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H10	H9	MXMAYA61QRGM_C1	C1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H10	H9	MXMAYA62QRGM_C1	C1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H10	H9	MXMAYA63QRGM_C1	C1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H25	H20	MXMAYA64QRGM_C1	C1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H25	H20	MXMAYA65QRGM_C1	C1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015

H33	H29	MXMAYA72QRGM_D1	D1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H33	H29	MXMAYA73QRGM_D1	D1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA74QRGM_D1	D1	not available	Maya	North America	Quintana Roo	Mexico	González-Martín et al., 2015
H66	H4	MXMAYA01CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H52	H2	MXMAYA02CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H52	H2	MXMAYA03CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H52	H2	MXMAYA04CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H75	H46	MXMAYA05CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA06CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA07CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H87	H55	MXMAYA09CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H87	H55	MXMAYA09CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H87	H55	MXMAYA10CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H88	H36	MXMAYA11CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H88	H36	MXMAYA12CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H88	H36	MXMAYA13CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H35	H2	MXMAYA14CGM_A2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015

H89	H56	MXMAYA15CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H90	H57	MXMAYA16CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H91	H4	MXMAYA17CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H92	H36	MXMAYA18CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA19CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H52	H2	MXMAYA20CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H57	H34	MXMAYA21CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H57	H34	MXMAYA22CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H93	H58	MXMAYA23CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H81	H51	MXMAYA24CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H94	H59	MXMAYA25CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H59	MXMAYA26CGM_A 2	A2	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H10	H9	MXMAYA29CGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H30	H30	MXMAYA30CGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H29	H24	MXMAYA31CGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H28	H23	MXMAYA33CGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H28	H23	MXMAYA35CGM_C 1	C1	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015

H32	H28	MXMAYA36CGM_D 1	D1	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA37CGM_D 1	D1	not available	Maya	North America	Campeche	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA01TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA02TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA03TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA04TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA05TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA06TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA07TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA08TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA09TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA10TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA11TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H95	H2	MXMAYA12TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H81	H51	MXMAYA13TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H81	H51	MXMAYA14TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H40	H5	MXMAYA15TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015

H40	H5	MXMAYA16TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H96	H2	MXMAYA17TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA18TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA19TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA20TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA21TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA22TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA23TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA24TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA25TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA26TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H97	H60	MXMAYA27TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H98	H60	MXMAYA28TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H99	H13	MXMAYA29TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H61	H36	MXMAYA30TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H88	H36	MXMAYA31TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H100	H61	MXMAYA32TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015

H100	H61	MXMAYA33TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H101	H4	MXMAYA34TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H81	H51	MXMAYA35TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H81	H51	MXMAYA36TZOTZI LGM_A2	A2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA37TZOTZI LGM_B2	B2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA38TZOTZI LGM_B2	B2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA39TZOTZI LGM_B2	B2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA40TZOTZI LGM_B2	B2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA41TZOTZI LGM_B2	B2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA42TZOTZI LGM_B2	B2	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H10	H9	MXMAYA65TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H9	H9	MXMAYA66TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H31	H26	MXMAYA67TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H31	H26	MXMAYA68TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H31	H26	MXMAYA69TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H31	H26	MXMAYA70TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H31	H26	MXMAYA71TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015

H31	H26	MXMAYA72TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H32	H27	MXMAYA73TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H10	H9	MXMAYA74TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H33	H28	MXMAYA75TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H33	H28	MXMAYA76TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H33	H28	MXMAYA77TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H33	H28	MXMAYA78TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H33	H28	MXMAYA79TZOTZI LGM_C1	C1	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H38	H23	MXMAYA80TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H38	H23	MXMAYA81TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H38	H23	MXMAYA82TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H38	H23	MXMAYA83TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H38	H23	MXMAYA84TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H38	H23	MXMAYA85TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H26	H23	MXMAYA86TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H26	H23	MXMAYA87TZOTZI LGM_D4h3a	D4h3a	not available	Maya- Tzoltzil	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA01TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015

H3	H2	MXMAYA02TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA03TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H88	H36	MXMAYA04TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H88	H36	MXMAYA05TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H88	H36	MXMAYA06TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H102	H4	MXMAYA07TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H102	H4	MXMAYA08TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H103	H62	MXMAYA09TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H103	H62	MXMAYA10TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H104	H36	MXMAYA11TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H104	H36	MXMAYA12TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H104	H36	MXMAYA13TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H104	H36	MXMAYA14TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H104	H36	MXMAYA15TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA16TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA17TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H3	H2	MXMAYA18TOJOG M_A2	A2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015

ND	ND	MXMAYA20TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA21TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA22TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA23TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA24TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA25TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA26TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	MXMAYA27TOJOG M_B2	B2	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA63TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA64TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA65TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA66TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA67TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA68TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA69TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA70TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA71TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015

H34	H30	MXMAYA72TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA73TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
H34	H30	MXMAYA74TOJOG M_D1	D1	not available	Maya- Tojolobal	North America	Chiapas	Mexico	González-Martín et al., 2015
ND	ND	AM13_Yucatec_Ma ya_B* B1	B1	not available	Yucatec Maya	North America	Yucatan Peninsula (Penutian)	México	Torrioni et al., 1993
H10	H9	AM31_Yucatec_Ma ya_C	C	not available	Yucatec Maya	North America	Yucatan Peninsula (Penutian)	México	Torrioni et al., 1993
H32	H28	AM50_Yucatec_Ma ya_D	D	not available	Yucatec Maya	North America	Yucatan Peninsula (Penutian)	México	Torrioni et al., 1993
H3	H2	Dogrib39	A2	EU095538	Dogrib	North America	Canadian	Subarctic Canada	Tamm et al., 2007
H39	H23	5241Juar_OjinagaM ex_A	A	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H3	H2	P4Juar_OjinagaMex _A2	A2	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H32	H21	C1Juar_OjinagaMex _A2* A2d1	A2d1	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H36	H23	C68Juar_OjinagaMe x_A2* A2d1	A2d1	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H34	H23	C70Juar_OjinagaMe x_A2* A2d1	A2d1	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H38	H23	O8Juar_OjinagaMex _A2* A2e	A2e	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000

H30	H19	P9Juar_OjinagaMex_A2* A2v	A2v	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H37	H24	P13Juar_OjinagaMex_A2* A2v	A2v	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H35	H2	C12Juar_OjinagaMex_A2* A2w1	A2w1	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H33	H22	C56Juar_OjinagaMex_A2* A2w1	A2w1	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	D27Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	C4Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	C42Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	N64Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	P8Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	P19Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	C39Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000

ND	ND	C8Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	C33Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	N11Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	O23Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	D30Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	D20Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	6032Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	C67Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
ND	ND	C62Juar_OjinagaMex_B	B	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H19	H17	P11Juar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H15	H14	BB3Juar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000

H10	H9	P3Juar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H10	H9	5299Juar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H26	H9	C9Juar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H13	H12	O2AJuar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H16	H15	O4Juar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H14	H13	O3AJuar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H17	H16	C10Juar_OjinagaMex_C	C	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H12	H11	O12Juar_OjinagaMex_C1*_C1b	C1b	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H18	H11	P2Juar_OjinagaMex_C1*_C1b	C1b	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H27	H24	C75Juar_OjinagaMex_D	D	not available	Mexican	North Central	Juárez and Ojinaga, Chihuahua	Mexico	Green et al., 2000
H147	H64	Tarah006	A2/147	EU720222	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Kemp et al., 2010
H148	H2	Tarah096	A2/148	EU720231	Tarahumara	North America	Chihuahua	Mexico	Kemp et al., 2010

H16	H15	Tarah017	C1	EU720260	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H26	H23	Tarah072	D1	EU720273	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H88	H30	Tarah077	D1	EU720274	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H150	H96	Papago384	A2	EU720106	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H84	H2	Papago378	A2p*	EU720105	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Papago348	B2	EU720112	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Papago381	B2a*	EU720126	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Papago070	B2a*	EU720107	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Papago072	B2c	EU720109	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H24	H19	Papago362	C1	EU720137	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H91	H75	Papago383	C1	EU720140	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H99	H11	Papago351	C1b	EU720133	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H5	H5	Papago357	C4a	EU720135	Papago	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H152	H98	Huichol05	A2	EU719796	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H151	H97	Huichol06	A2u*	EU719797	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Huichol28	B2	EU719824	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Huichol13	B2c	EU719814	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010

ND	ND	Huichol53	B2c	EU719845	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H52	H25	Huichol54	C1	EU719846	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H12	H11	Huichol08	C1b	EU719841	Huichol	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H3	H2	Cora09	A2	EU719670	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H153	H2	Cora06	A2	EU719669	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H35	23	Cora40	A2d1	EU719677	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora19	B2	EU719698	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora33	B2	EU719705	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora22	B2	EU719699	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora28	B2c	EU719700	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora29	B2c	EU719701	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora30	B2c	EU719702	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora13	B2c	EU719696	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora31	B2o*	EU719703	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Cora42	B2o*	EU719708	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H10	H9	Cora76	C1	EU719735	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H40	H34	Cora72	C1	EU719734	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010

H89	H30	Cora23	D1	EU719737	Cora	North America	Nayarit	Mexico	Kemp et al., 2010
H126	H78	NahuaCu027	A2	EU720084	Nahualt	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
H160	H4	NahuaCu098	A2a3	EU720093	Nahualt	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
H157	H101	NahuaCu040	A2p*	EU720086	Nahualt	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
H158	H4	NahuaCu055	A2u*	EU720091	Nahualt	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	HoNahuaCu028	B2c	EU720096	Nahua	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
H1	H1	NahuaCu057	D2	EU720103	Nahua	North America	Puebla	Mexico	Kemp et al., 2010
H65	H40	NahuaAt51	A2	EU720045	Nahualt	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H162	H40	NahuaAt13	A2a	EU720034	Nahualt	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H159	H4	NahuaAt25	A2a3	EU720038	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H156	H9	NahuaAt37	A2q*	EU720041	Nahualt	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H155	H100	NahuaAt41	A2q*	EU720042	Nahualt	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H154	H99	NahuaAt35	A2u*	EU720040	Nahualt	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H161	H102	NahuaAt08	A2v*	EU720033	Nahualt	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	NahuaAt24	B2	EU720053	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	NahuaAt12	B2	EU720051	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	NahuaAt06	B2c	EU720049	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010

ND	ND	NahuaAt62	B2c	EU720064	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	NahuaAt50	B2c	EU720058	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	NahuaAt36	B2c2b	EU720055	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H90	H54	NahuaAt64	C1	EU720073	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H26	H23	NahuaAt68	D1	EU720074	Nahua	North America	Mexico City	Mexico	Kemp et al., 2010
H165	H44	Mixtec004	A2	EU719968	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H163	H103	Mixtec001	A2a3	EU719966	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H109	H2	Mixtec009	A2q*	EU719971	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H164	H104	Mixtec025	A2	EU720018	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixtec067	B2	EU720022	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixtec021	B2	EU720014	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixtec007	B2	EU720012	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixtec044	B2c	EU720018	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixtec054	B2c	EU720019	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H91	H67	Mixtec034	D1	EU720020	Mixtec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H166	H105	Mixe020	A2	EU719921	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H3	H2	Mixe010	A2a3	EU719918	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010

H84	H2	Mixe013	A2p*	EU719919	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixe011	B2	EU719938	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixe023	B2c	EU719943	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Mixe014	B2c	EU719940	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H88	H42	Mixe047	C1	EU719958	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H89	H66	Mixe003	D1	EU719960	Mixe	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H167	H2	Zapotec007	A2	EU720281	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H84	H2	Zapotec045	A2p*	EU720292	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H168	H106	Zapotec022	A2	EU720332	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Zapotec052	B2	EU720321	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Zapotec012	B2c	EU720309	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Zapotec031	B2c	EU720317	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Zapotec080	B2c	EU720325	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H102	H5	Zapotec050	C4a4	EU720338	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H100	H11	Zapotec021	C1	EU720331	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H94	H33	Zapotec011	C1	EU720329	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H95	H77	Zapotec014	C1	EU720330	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010

H12	H11	Zapotec001	C1b	EU720326	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H91	H23	Zapotec066	D1	EU720349	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H92	H68	Zapotec034	D1	EU720347	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
H26	H69	Zapotec062	D1	EU720348	Zapotec	North America	Oaxaca	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Pima109	B2a*	EU720171	Pima	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
ND	ND	Pima069	B2a*	EU720156	Pima	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H10	H9	Pima115	C1	EU720204	Pima	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H92	H11	Pima037A	C1	EU720217	Pima	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H34	H11	Pima103	C1b	EU720202	Pima	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H101	H11	Pima119	C1b	EU720205	Pima	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H93	H70	Pima124	D1	EU720221	Pima	North America	Sonora	Mexico	Kemp et al., 2010
H3	H2	MexCit_N_Zitlala A2	A2m	not available	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MexCit_N_Zitlala A2	A2a3	not available	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H169	H2	MexCit_N_Zitlala A2	A2	not available	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H170	H107	MexCit_N_Zitlala A2	A2	not available	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H171	H36	MexCit_N_Zitlala A2_A2m	A2	not available	Nahuatl Zitlala	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H172	H2	MexCit_N_Xochimilco A2	A2	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009

H173	H42	MexCit_N_Xochimilco A2	A2	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H63	H4	MexCit_N_Xochimilco A2	A2	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H174	H108	MexCit_N_Xochimilco A2	A2	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MexCit_N_Xochimilco A2	A2a	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H175	H110	MexCit_N_Xochimilco A2	A2a3	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H176	H110	MexCit_N_Xochimilco A2	A2a3	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H102	H2	MexCit_N_Xochimilco A2	A2a3	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H162	H40	MexCit_N_Xochimilco A2	A2af	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H177	H2	MexCit_N_Xochimilco A2	A2u	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H178	H111	MexCit_N_Xochimilco A2	A2v	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H35	H2	MexCit_N_Xochimilco A2_A2u	A2v	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009

H30	H19	MexCit_N_Xochimilco A2_A2v	A2v	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H30	H19	MexCit_N_Xochimilco A2_A2v	A2w1	not available	Nahuatl Xochimilco	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MexCit_N_Ixhuatlancillo A2	A2	not available	Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MexCit_N_Ixhuatlancillo A2	A2	not available	Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H31	H2	MexCit_N_Ixhuatlancillo A2 A2d2	A2d2	not available	Nahuatl Ixhuatlancillo	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H179	H112	MexCit_N_Necoxtla A2	A2	not available	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H45	H2	MexCit_N_Necoxtla A2	A2e	not available	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H180	H113	MexCit_N_Necoxtla A2_A2i	A2i	not available	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H181	H19	MexCit_N_Necoxtla A2_A2q	A2q	not available	Nahuatl Necoxtla	North America	Mexico City	Mexico	Sandoval et al., 2009
H182	H68	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H63	38	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H3	H2	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H40	H2	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H183	H5	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H184	H114	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H185	H115	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009

H186	H116	MexMich_Purépecha A2	A2	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H187	H3	MexMich_Purépecha A2	A2a3	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H188	H117	MexMich_Purépecha A2_A2i	A2i	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H189	H2	MexMich_Purépecha A2_A2p	A2p	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H190	H118	MexMich_Purépecha A2_A2p	A2p	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H84	H2	MexMich_Purépecha A2_A2p	A2p	not available	Purépecha	North America	Michoacán	Mexico	Sandoval et al., 2009
H27	H23	FJ168729.1_Mex_D4h3a3	D4h3a3	FJ168729	Mestizo	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H29	H24	FJ168-742.1_PopolMex_D4h3a	D4h3a	FJ168-742	Popoloché	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H30	H25	FJ168745.1_YYaquisMex_D4h3a	D4h3a	FJ168745	Yaqui	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H27	H26	FJ168753.1_SLPMex_D4h3a	D4h3a	FJ168753	Mestizo	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H31	H27	FJ168746.1_Tarahumex_D4h3a	D4h3a	FJ168746	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H31	H23	FJ168731.1_Tarahumex_D4h3a3	D4h3a3	FJ168731	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168732.1_Tarahumex_D4h3a3	D4h3a3	FJ168732	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168733.1_Tarahumex_D4h3a3	D4h3a3	FJ168733	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H32	H23	FJ168734.1_Tarahumex_D4h3a3	D4h3a3	FJ168734	Tarahumara	North America	Sonora	Mexico	Perego et al., 2009
H43	H25	LaTinta_14	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015

H3	H2	LaTinta_02	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_03	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_17	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_37	A2	KM051472	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_21	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_15	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_36	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_27	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	LaTinta_23	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_34	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_09	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015

H3	H2	LaTinta_35	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	LaTinta_26	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H108	H65	LaTinta_20	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H48	H28	LaTinta_05	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H48	H28	LaTinta_19	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H81	H51	LaTinta_30	A2af	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H34	H23	LaTinta_06	A2d1a	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H45	H2	LaTinta_04	A2e	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H88	H36	LaTinta_01	A2m*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H88	H36	LaTinta_07	A2m*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H50	H13	LaTinta_16	A2p3a*	KM051470	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015

H50	H13	LaTinta_38	A2p3a*	KM051473	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H50	H13	LaTinta_11	A2p3a*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H109	H2	LaTinta_28	A2q	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H35	H2	LaTinta_40	A2w1	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H107	H2	LaTinta_12	A2w1	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H106	H64	LaTinta_10	A2w1a1*	KM051469	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H106	H64	LaTinta_24	A2w1a1*	KM051471	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H105	H63	LaTinta03	A2	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H50	H29	LaTinta38	A2p3a	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H35	H2	LaTinta40	A2w1	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	LaTinta_39	B2o*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015

ND	ND	LaTinta_33	B2o*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	LaTinta_32	B2o*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	LaTinta_08	B2t*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	LaTinta_31	B2t*	KM051475	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	LaTinta_22	B2t*	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H36	H30	LaTinta_25	C1	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H39	H33	LaTinta_18	C1b	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H34	LaTinta_29	C1c4	not available	Ladino	Central America	Santa Catalina La Tinta	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	GT32_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	GT41_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	GT29_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	GT13_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	GT07_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015

H3	H2	GT11_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H40	H5	GT35_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	GT16_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H3	H2	GT10_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H110	H5	GT06_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H111	H66	GT18_Ladino_A2	A2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H81	H51	GT09_Ladino_A2af	A2af	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H47	H13	GT01_Ladino_A2p3a	A2p3a*	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H50	H13	GT02_Ladino_A2p3a	A2p3a*	KM051468	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H54	H32	GT28_Ladino_A2q_	A2q*	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H54	H32	GT25_Ladino_A2q	A2q*	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H35	H2	GT34_Ladino_A2w1	A2w1	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
H106	64	GT15_Ladino_A2w1a1	A2w1a1*	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	GT36_Ladino_B2	B2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	GT05_Ladino_B2	B2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	GT04_Ladino_B2	B2	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015
ND	ND	GT03_Ladino_B2c2b*	B2c2b*	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchtig et al., 2015

ND	ND	GT27_Ladino_B2t	B2t*	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
H38	H32	GT17_Ladino_C1	C1	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
H36	H30	GT20_Ladino_C1	C1	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
H37	H31	GT38_Ladino_C1	C1	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
H35	H29	GT12_Ladino_C1*_C1b4	C1b4	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
H22	H9	GT21_Ladino_C1*_C1b4	C1b4	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
H34	H11	GT08_Ladino_C1*_C1b	C1b	not available	Ladino	Central America	Guatemala Capital City	Guatemala	Söchting et al., 2015
ND	ND	EW1 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW2 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW3 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW4 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW5 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW6 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW7 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997

ND	ND	EW8 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW9 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW10 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW11 Panama_B1*	B1*	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW13 Panama_B1	B1	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW14 Panama_B1	B1	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW15 Panama_B1	B1	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	EW12 Panama_B1	B1	not available	Emberá and Wounan	Central America	Darién	Panama	Kolman and Bermingham, 1997
ND	ND	Ngoebe14	B2d	EU095546	Ngoebe	Central America	Comarca Ngobe-Buglé	Panama	Tamm et al., 2007
H44	H2	6620-3_Ciboney_A2p	A2p*	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H5	H5	2493Ciboney_C	C	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H42	H36	c46Ciboney_C	C	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H10	H9	7145_Ciboney_C	C	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003

H47	H40	7160_Ciboney_C	C	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H18	H11	2486_Ciboney_C1*_C1b	C1b	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H4	H4	7146_Ciboney_D	D	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H45	H38	c47Ciboney_D	D	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H45	H30	7160a Ciboney_D	D	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H84	H30	6620-1 Ciboney_D	D	not available	Ciboney	Caribbean	Ciboney	Cuba	Laluenza-Fox et al., 2003
H113	H67	7Tor22	A2	EF079873	Dominican	Caribbean	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
ND	ND	6Tor23	B2	EF079874	Dominican	Caribbean	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
H28	H23	13Tor24	C1c	EF079875	Dominican	Caribbean	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
H34	H30	17Tor25	D1b	EF079876	Dominican	Caribbean	Dominican Rep	Dominican Rep	Achilli et al., 2008
H114	H2	GUAH 1	A2	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H115	H2	GUAH 6	A2	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H116	H68	GUAH 4	A2	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
ND	ND	GUAH 17	B1	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
ND	ND	GUAH 16	B1	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H54	H46	GUAH 25	C	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H55	H36	GUAH 26	C	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005

H10	H9	GUAH 21	C	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H10	H9	GUAH 22	C	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H51	H44	GUAH 18	C	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H52	H25	GUAH 19	C	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
H53	H45	GUAH 23	C	not available	Guahibo	South America	Amazon	Venezuela	Vona et al., 2005
ND	ND	(4) Pi_26_27	B2a*	AF347001	Warao	South America	Orinoco Delta	Venezuela	Ingman et al., 2000
H71	H9	(27) Wa_RML	C1d	AF347013	Warao	South America	Orinoco Delta	Venezuela	Ingman et al., 2000
H71	H9	(28) Wa_SPACH	C1d	AF347012	Warao	South America	Orinoco Delta	Venezuela	Ingman et al., 2000
H26	H30	30G_GRC150_Warao_D1a	D1a	AF347014	Warao	South America	Orinoco Delta	Venezuela	Ingman et al., 2000
H140	H2	Wayuu24	A2j*	EU095552	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Venezuela-Colombia	Tamm et al., 2007
ND	ND	Wayuu7	B2d*	EU095550	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Venezuela-Colombia	Tamm et al., 2007
ND	ND	Wayuu17	B2d*	EU095551	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Venezuela-Colombia	Tamm et al., 2007
H10	H9	Wayuu4	C1b	EU095549	Wayuu	South America	Guajira Peninsula	Venezuela-Colombia	Tamm et al., 2007
H45	H2	Arsario20	A2e	EU095528	Arsario	South America	³SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
H73	H60	Arsario5	C1c	EU095527	Arsario	South America	³SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
H7	H7	Ijka72	C4c	EU095543	Ijka	South America	φφ SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
ND	ND	Coreguaje1-30	B2	EU095535	Coreguaje	South America	Orteguaza and Mecaya Rivers	Colombia	Tamm et al., 2007

H65	H9	Coreguaje1-54	C1d	EU095537	Coreguaje	South America	Orteguaza and Mecaya Rivers	Colombia	Tamm et al., 2007
H50	H39	Coreguaje1-31	D1	EU095536	Coreguaje	South America	Orteguaza and Mecaya Rivers	Colombia	Tamm et al., 2007
H138	H87	Kogui39	A2p*	EU095545	Kogui	South America	φφ SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
H73	H60	Kogui12	C1c	EU095544	Kogui	South America	φφ SNSM	Colombia	Tamm et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU1SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU2SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU3SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU4SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU5SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU6SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU7SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H102	H63	COLWAYUU8SMA1_A	A	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H3	H2	CA1_N	A2	not available	Rama	Central America	Chibchan	Nicaragua	Melton et al., 2013
H3	H2	CA1_CR	A2	not available	Guatuso (Maleku)	Central America	Chibchan	Costa Rica	Melton et al., 2013
H3	H2	CA1_CR	A2	not available	Abrojo (Guaymi)	Central America	Chibchan	Costa Rica	Melton et al., 2013
H45	H2	COLKOGI1SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007

H45	H2	COLKOGI2SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI3SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI4SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI5SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI6SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI7SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI8SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI9SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI10SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI11SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI12SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI13SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLKOGI14SMA3_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO1SMA3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO2SMA3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO3SMA3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO4SMA3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007

H45	H2	COLARSARIO5SM A3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO6SM A3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO7SM A3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO8SM A3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO9SM A3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO10SM A3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H45	H2	COLARSARIO11SM A3_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA1SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA2SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA3SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA4SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA5SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA6SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA7SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA8SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA9SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA10SMA7_ A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007

H84	H2	COLIJKA11SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA12SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA13SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA14SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA15SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA16SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA17SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA18SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA19SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA20SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA21SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA22SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA23SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA24SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA25SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA26SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLIJKA27SMA7_A	A	not available	ljka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007

H84	H2	COLIJKA28SMA7_A	A	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO12SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO13SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO14SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO15SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO16SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO17SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO18SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO19SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H84	H2	COLARSARIO20SMA7_A	A	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H138	H87	COLKOGI15SMA11_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H138	H87	COLKOGI16SMA11_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H138	H87	COLKOGI17SMA11_A	A	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H10	H9	COLWAYUU17SMC1_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H10	H9	COLWAYUU18SMC1_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H10	H9	COLWAYUU19SMC1_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H10	H9	COLWAYUU20SMC1_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007

H10	H9	COLWAYUU21SMC 1_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H10	H9	COLWAYUU22SMC 1_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H10	H9	COLWAYUU23SMC 1_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H11	COLWAYUU24SMC 2_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H11	COLWAYUU25SMC 2_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H11	COLWAYUU26SMC 2_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H11	COLWAYUU27SMC 2_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H11	COLWAYUU28SMC 2_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H11	COLWAYUU29SMC 2_C	C	not available	Wayuu	South America	Arawak	Colombia	Melton et al., 2007
H73	H60	COLARSARIO21SM C3_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H73	H60	COLARSARIO22SM C3_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H73	H60	COLARSARIO23SM C3_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H73	H60	COLARSARIO24SM C3_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H73	H60	COLARSARIO25SM C3_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H60	COLKOGI18SMC3_ C	C	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H60	COLKOGI19SMC3_ C	C	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H111	H60	COLKOGI20SMC3_ C	C	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007

H111	H60	COLKOGI21SMC3_C	C	not available	Kogi	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H112	H60	COLARSARIO26SMC4_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H112	H60	COLARSARIO27SMC4_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H112	H60	COLARSARIO28SMC4_C	C	not available	Arsario	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H73	H7	COLIJKA30SMC5_C	C	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
H73	H7	COLIJKA31SMC5_C	C	not available	Ijka	South America	Chibchan	Colombia	Melton et al., 2007
	H20	COLSN1GUANEH1_A	A	not available	Pre-Columbian Guane	South America	Archaeological site "La Purnia", Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H2	COLSN2GUANEH2_A	A	not available	Pre-Columbian Guane	South America	Archaeological site "La Purnia", Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H28	COLSN3GUANEH3_A	A	not available	Pre-Columbian Guane	South America	Archaeological site "La Purnia", Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H131	COLSN4GUANEH4_A	A	not available	Pre-Columbian Guane	South America	Archaeological site "La Purnia", Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H49	COLSN5GUANEH5_A	A	not available	Pre-Columbian Guane	South America	Archaeological site "La Purnia", Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H49	COLSN6GUANEH5_A	A	not available	Pre-Columbian Guane	South America	Archaeological site "La	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011

							Purnia”, Santander		
	H30	COLSN14GUANEH 9_D	D	not available	Pre- Columbia n Guane	South America	Archaeologica l site “La Purnia”, Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H30	COLSN15GUANEH 9_D	D	not available	Pre- Columbia n Guane	South America	Archaeologica l site “La Purnia”, Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H30	COLSN16GUANEH 9_D	D	not available	Pre- Columbia n Guane	South America	Archaeologica l site “La Purnia”, Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
	H30	COLSN17GUANEH 9_D	D	not available	Pre- Columbia n Guane	South America	Archaeologica l site “La Purnia”, Santander	Colombia	Casas-Vargas, et al., 2011
ND	ND	Waunana2-8	B2	EU095548	Waunan a	South America	Province of Darién	Panama and Colombia	Tamm et al., 2007
H3	H2	Cayapa522	A2	EU095530	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
H119	71	Cayapa511	A2	EU095529	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
ND	ND	Cayapa602	B2b	EU095532	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
H34	H42	Cayapa600	D4h3	EU095531	Cayapa	South America	Cayapas River	Ecuador	Tamm et al., 2007
H3	H2	Yuracare 66	A2	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
H48	H28	Yuracare 287	A2	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Yuracare 059	Bc*	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004

ND	ND	Yuracare 91 Bd	Bd*	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Yuracare 17	Ba*	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Yuracare 19	Bb	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Yuracare 294	Be*	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
H56	H47	Yuracare 7	Ca	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
H57	H48	Yuracare 11	Cb	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
H58	H49	Yuracare 12	Cc	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
H18	H11	Yuracare 20	Cd	not available	Yuracare	South America	Cochabamba	Bolivia	Bert et al., 2004
H10	H9	Movima 107	Ce	not available	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
H59	H50	Movima 073	Cf	not available	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
H60	H51	Movima 128	Ck	not available	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
H61	H36	Movima 135	Cl	not available	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
H62	H52	Movima 309	Cp	not available	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
H54	H30	Movima 100	Da	not available	Movima	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
H113	H69	Ignaciano 062	A2e	not available	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Ignaciano 295	Bg	not available	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
H63	H2	Ignaciano 94	Cg	not available	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004

H10	H9	Ignaciano 101	Ch	not available	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
H65	H9	ignaciano 306	Cn	not available	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
H66	H54	ignaciano 308	Co	not available	Ignaciano	South America	San Ignacio	Bolivia	Bert et al., 2004
H112	H28	Trinitario 362	A2	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Trinitario 288	Bf*	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Trinitario 301	Bh*	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
ND	ND	Trinitario 360	Bj*	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
H18	H11	Trinitario 284	Cm	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
H67	H55	Trinitario 340	Cq	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
H14	H13	Trinitario 343	Cr	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
H70	H58	Trinitario 345	Cs	not available	Trinitario	South America	Trinidad	Bolivia	Bert et al., 2004
H64	H53	Ignaciano 117	Cj	not available	Ignaciano	South America	Beni	Bolivia	Bert et al., 2004
H34	H43	FJ168750.1_Bolivia_D4h3a	D4h3a	FJ168750	Mestizo	South American	Bolivia	Bolivia	Perego et al., 2009
H45	H39	AY06_Ayoreo_C	C	not available	Ayoreo	South America	Tobité	Bolivia and Paraguay	Dornelles et al., 2004
H44	H38	AY05_Ayoreo_C	C	not available	Ayoreo	South America	Tobité	Bolivia and Paraguay	Dornelles et al., 2004
H46	H13	AY03_Ayoreo_C	C	not available	Ayoreo	South America	Tobité	Bolivia and Paraguay	Dornelles et al., 2004
H46	H13	AY01_Ayoreo_C	C	not available	Ayoreo	South America	Maria Auxiliadora	Bolivia and Paraguay	Dornelles et al., 2004

H46	H13	AY04_Ayoreo_C	C	not available	Ayoreo	South America	Maria Auxiliadora, Tobité	Bolivia and Paraguay	Dornelles et al., 2004
H14	H13	AY02 Ayoreo_C	C	not available	Ayoreo	South America	Maria Auxiliadora, Tobité	Bolivia and Paraguay	Dornelles et al., 2004
H3	H2	117Uruguay_A2	A2	not available	Uruguayan	South America	Tacuarembó	Uruguay	Bonilla et al., 2004
H3	H2	909Uruguay_A2* A2e	A2e	not available	Uruguayan	South America	Tacuarembó	Uruguay	Bonilla et al., 2004
H3	H2	Quechua	A2	not available	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
H191	H119	Quechua	A2	not available	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
H192	H120	Quechua	A2	not available	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
H193	H2	Quechua A2_A2p	A2	not available	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
H194	H20	PerQuechua A2_A2p	A2	not available	Quechua	South America	Peru	Peru	Sandoval et al., 2009
H66	H50	33(S- 932724_Tor668)	D4h3a	FJ168743.1	Arequipa	South American	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
H67	H23	34(S- 654828_Tor669)	D4h3a	FJ168744.1	Arequipa	South American	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
H73	H55	25(S- 936457_Tor661)	D4h3a4	FJ168736.1	Arequipa	South American	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
H73	H55	26(S- 936749_Tor662)	D4h3a4	FJ168737.1	Arequipa	South American	Arequipa	Peru	Perego et al., 2009
H68	H50	37(S- 985814_Tor672)	D4h3a	FJ168747.1	Suyu	South American	Loreto	Peru	Perego et al., 2009
H68	H51	38(S- 919469_Tor673)	D4h3a	FJ168748.1	Suyu	South American	Loreto	Peru	Perego et al., 2009
H68	H52	39(S- 971145_Tor674)	D4h3a	FJ168749.1	Piura	South American	Tumbes-Piura Region	Peru	Perego et al., 2009

H73	H55	24(S-923767_Tor660)	D4h3a4	FJ168735.1	Suyu	South American	Loreto	Peru	Perego et al., 2009
H71	H53	41(S-929641_Tor676)	D4h3a	FJ168751.1	Apurimac	South American	Departamento del Peru	Peru	Perego et al., 2009
H26	H23	42(S-975949_Tor677)	D4h3a	FJ168752.1	Ancash	South American	Ancash	Peru	Perego et al., 2009
H65	H49	27(S-674152_Tor663)	D4h3a5	FJ168738.1	La Libertad	South American	Amazon Region	Peru	Perego et al., 2009
H198	H6	PERUARE01AND01_A	A	not available	Quechua	South American	Arequipa	Peru	Fuselli et al., 2003
H198	H6	PERUARE02AND01_A	A	not available	Quechua	South American	Arequipa	Peru	Fuselli et al., 2003
H199	H124	PERUTAY01AND02_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H3	H2	PERUTAY02AND03_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H3	H2	PERUTAY03AND03_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H3	H2	PERUSMA01AND03_A	A	not available	Nmatsiguenga	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H200	H61	PERUTAY04AND04_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H173	H4	PERUTAY05AND05_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H3	H2	PERUTAY06AND06_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H201	H125	PERUTAY07AND07_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H202	H126	PERUTAY08AND08_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H203	H127	PERUTAY09AND09_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H193	H4	PERUTAY10AND10_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003

H204	H128	PERUTAY11AND11_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H205	H4	PERUTAY12AND12_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H206	H129	PERUTAY13AND13_A	A	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H207	H130	PERUSMA02AND14_A	A	not available	Nmatsiguenga	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H103	H80	PERUARE03AND43_C	C	not available	Quechua	South American	Arequipa	Peru	Fuselli et al., 2003
H104	H29	PERUARE04AND44_C	C	not available	Quechua	South American	Arequipa	Peru	Fuselli et al., 2003
H104	H29	PERUTAY14AND44_C	C	not available	Quechua	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H10	H9	PERUARE05AND45_C	C	not available	Quechua	South American	Arequipa	Peru	Fuselli et al., 2003
H10	H9	PERUTAY15AND45_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H10	H9	PERUTAY16AND45_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H10	H9	PERUTAY17AND46_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H10	H9	PERUTAY18AND47_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H10	H33	PERUTAY19AND48_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H106	H9	PERUTAY20AND49_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H106	H9	PERUTAY21AND49_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H106	H9	PERUSMA03AND49_C	C	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUARE06AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003

H34	H30	PERUTAY22AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY23AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY24AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY25AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY26AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY27AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY28AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY29AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY30AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUTAY31AND50_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUSMA04AND50_D	D	not available	Nmatsigu enga	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUSMA05AND50_D	D	not available	Nmatsigu enga	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUSMA06AND50_D	D	not available	Nmatsigu enga	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H71	PERUARE07AND51_D	D	not available	Quechua	South American	Arequipa	Peru	Fuselli et al., 2003
H95	H72	PERUTAY32AND52_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H95	H72	PERUTAY33AND52_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H49	H30	PERUTAY34AND53_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003

H96	H30	PERUTAY35AND54_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H97	H73	PERUTAY36AND55_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H98	H74	PERUTAY37AND56_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H33	H30	PERUTAY38AND57_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H99	H75	PERUTAY39AND58_D	D	not available	Quechua	South American	Tayacaja	Peru	Fuselli et al., 2003
H100	H76	PERUSMA07AND59_D	D	not available	Nmatsigu engu	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H34	H30	PERUSMA08AND60_D	D	not available	Nmatsigu engu	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H101	H77	PERUSMA09AND61_D	D	not available	Nmatsigu engu	South American	San Martin Pangoa	Peru	Fuselli et al., 2003
H195	H121	PERUYU00101_A	A	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H196	H122	PERUQPNO0101_A	A	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H197	H123	PERUQPNO0202_A	A	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H107	H82	PERUYU01912_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H107	H82	PERUYU02012_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H107	H82	PERUYU02112_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H107	H82	PERUYU02212_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H107	H82	PERUYU02312_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H18	H11	PERUYU02413_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007

H18	H11	PERUYU02513_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H18	H11	PERUYU02613_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H18	H11	PERUYU02713_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H52	H25	PERUYU02814_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H71	H9	PERUYU02915_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H71	H9	PERUYU03015_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H71	H9	PERUYU03116_C	C	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H106	H9	PERUTPE1208_C	C	not available	Quechua	South American	Tupe	Peru	Lewis et al., 2007
H106	H9	PERUTPE1308_C	C	not available	Quechua	South American	Tupe	Peru	Lewis et al., 2007
H106	H9	PERUTPE1408_C	C	not available	Quechua	South American	Tupe	Peru	Lewis et al., 2007
H106	H9	PERUTPE1508_C	C	not available	Quechua	South American	Tupe	Peru	Lewis et al., 2007
H10	H9	PERUTPE1609_C	C	not available	Quechua	South American	Tupe	Peru	Lewis et al., 2007
H103	H81	PERUQPNO2116_C	C	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H108	H9	PERUQPNO2217_C	C	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H50	H43	PERUQPNO2318_C	C	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H42	H36	PERUQPNO2419_C	C	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H109	H68	PERUQPNO2520_C	C	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007

H103	H81	PERUQPNO2621_C	C	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H103	H81	PERUQPNO2722_C	C	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H110	H9	PERUAPNO1108_C	C	not available	Aymara	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H10	H9	PERUAPNO1209_C	C	not available	Aymara	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H34	H30	PERUYU03217_D	D	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H34	H30	PERUYU03317_D	D	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H102	H78	PERUYU03418_D	D	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H34	H30	PERUYU03519_D	D	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H103	H30	PERUYU03620_D	D	not available	Quechua	South American	Yungay	Peru	Lewis et al., 2007
H32	H28	PERUQPNO2823_D	D	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H32	H28	PERUQPNO2923_D	D	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H32	H28	PERUQPNO3023_D	D	not available	Quechua	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H104	H79	PERUAPNO1310_D	D	not available	Aymara	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H105	H80	PERUAPNO1411_D	D	not available	Aymara	South American	Puno	Peru	Lewis et al., 2007
H10	H9	F5 Yamana C	C	not available	Aymara	South American	Puno	Peru	Dornelles et al., 2004
H48	H41	F18 Yamana C	C	not available	Aymara	South American	Puno	Peru	Dornelles et al., 2004
H49	H42	F34 Yamana C	C	not available	Aymara	South American	Puno	Peru	Dornelles et al., 2004

ND	ND	2	B	not available	Shamata ri	South America	Roraima, Amazon	Venezuela and Brazil	Williams et al., 2002
ND	ND	B1	B2	not available	Shamata ri	South America	Roraima, Amazon	Venezuela and Brazil	Williams et al., 2002
ND	ND	3	B2	not available	Shamata ri	South America	Roraima, Amazon	Venezuela and Brazil	Williams et al., 2002
H10	H9	C1Shamatari_C	C1	not available	Shamata ri	South America	Roraima, Amazon	Venezuela and Brazil	Williams et al., 2002
H52	H41	D1Shamatari_D	D1	not available	Shamata ri	South America	Roraima, Amazon	Venezuela and Brazil	Williams et al., 2002
H51	H40	2Shamatari_D	D2	not available	Shamata ri	South America	Roraima, Amazon	Venezuela and Brazil	Williams et al., 2002
H137	H86	Zoró 5	A2	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
ND	ND	Zoró 10	B	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
ND	ND	Zoró 6	B1	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
H10	H9	Zoró 8	C	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
H50	H43	Zoró 11	C	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
H34	H30	Zoró 7	D	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
H48	H30	Zoró 9	D	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996

H49	H30	Zoró 12	D	not available	Zoró	South America	Aripuans Indian Park Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
H3	H2	Xavante 4	A2	not available	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
ND	ND	Xavante 3	B	not available	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
ND	ND	Xavante 1	B	not available	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
ND	ND	Xavante 2	B	not available	Xavante	South America	Pimentel Barbosa Mato Grosso	Brazil	Ward et al., 1996
H120	H72	Cinta Larga 5	A2	not available	Cinta Larga	South America	Cinta Larga	Brazil	Dornelles et al., 2004
H121	H73	Cinta Larga 80	A2	not available	Cinta Larga	South America	Cinta Larga	Brazil	Dornelles et al., 2004
H122	H74	Txukahamae 48	A	not available	Txukahamae	South America	São Paulo	Brazil	Dornelles et al., 2004
H123	H74	Txukahamae 45	A	not available	Txukahamae	South America	São Paulo	Brazil	Dornelles et al., 2004
H68	H56	Parakana 29	C	not available	Parakana	South America	Parakana Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2004
H68	H56	Parakana 40	C	not available	Parakana	South America	Parakana Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2004
H68	H56	Parakana 41	C	not available	Parakana	South America	Parakana Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2004
H139	H88	Gaviao 14	A2e	not available	Gaviao	South America	Rondonia	Brazil	Ward et al., 1996
ND	ND	Gaviao 13	B	not available	Gaviao	South America	Rondonia	Brazil	Ward et al., 1996
H10	H7	Xikrin 97	A	not available	Xikrin	South America	Bacajá River Amazonia	Brazil	Dornelles et al., 2004

H68	H56	Mura 4	C	not available	Mura	South America	Mura Amazon River	Brazil	Dornelles et al., 2004
H165	H77	1 S03/R03	A	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H95	H2	3 S08/R03	A	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H128	H79	1 S07/RXX	A	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H3	H2	2 S01/R01	A2	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H59	H9	1 S04/RXX	A2	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H40	H56	1 S09/R06	A2	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H126	H78	1 S05/R05	A2	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H127	H79	3 S06/RXX	A2	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H124	H76	2 S02/RXX	A2	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	2 S26/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S25/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S28/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S24/R12	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	5 S22/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S17/R12	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S20/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996

ND	ND	1 S21/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	2 S19/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S23/R12	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S31/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S30/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S29/R13	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S27/R14	B	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
ND	ND	1 S18/R13	B1	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H74	H61	1 S40/R17	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H10	H9	3 S35/R15	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H78	H65	3 S37/RXX	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H77	H64	1 S36/RXX	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H79	H66	1 S38/R18	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H80	H67	1 S39/R17	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H75	H62	5 S32/R15	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H76	H63	1 S33/R15	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H60	H63	2 S34/R15	C	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996

H60	H40	1 S10/R08	D	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H61	H48	2 S11/RXX	D	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H62	H47	1 S15/R10	D	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H64	H47	1 S16/R11	D	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H64	H30	1 S12/R09	D	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H51	H47	1 S13/R09	D	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H63	H47	2 S14/RXX	D	not available	**** Tribus	South American	Amazon	Brazil	Santos et al., 1996
H4	H23	45(S-689588_Tor679)	D4h3a	FJ168754.1	Maranhã o	South American	Región Nordeste de <i>Brasil</i>	Brazil	Perego et al., 2009
ND	ND	BR22 S_Brazil_B	B	not available	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR30 S_Brazil_B	B	not available	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H10	H9	BR31 S_Brazil_C	C	not available	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H83	H69	BR40 S_Brazil_C*_C1a	C1a	not available	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H58	H45	BR49 S_Brazil_D	D	not available	φ S	South America	φ S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H45	H2	BR7_SE-N_Brazil_A2* A2e	A2e	not available	φ SE,N	South America	φ SE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H3	H2	BR1_Brazil_A2	A2	not available	φ SE,S,NE,N	South America	φ SE,S,NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR17_Brazil_B	B	not available	φ SE,S,NE,N	South America	φ SE,S,NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

H56	H30	BR48_Brazil_D	D	not available	φ SE,S,N	South America	φ SE,S,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR26 SE-NE_Brazil_B	B	not available	φ SE,NE	South America	φ SE,NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H65	H9	BR39 SE-N_Brazil_C	C	not available	φ SE,N	South America	φ SE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H85	H71	BR42 SE-N_Brazil_C	C	not available	φ SE,N	South America	φ SE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H109	H2	BR9_SE-S_A2	A2	not available	φ SE,S	South America	φ SE,S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H134	H83	BR10_SE-S_Brazil_A2	A2	not available	φ SE,S	South America	φ SE,S	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H72	H2	BR15_SE_Brazil_A	A	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H136	H85	BR16_SE_Brazil_A	A	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H123	H75	BR14_SE_Brazil_A	A	not available	φSE	South America	φSE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H130	H80	BR3_SE_Brazil_A2	A2	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H48	H28	BR12 SE_Brazil_A2	A2	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H134	H84	BR11_SE_Brazil_A2	A2	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H4	H2	BR8 SE_Brazil_A2* A2a	A2a	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H129	H80	BR2 SE_Brazil_A2* A2e	A2e	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR21 SE_Brazil B	B	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR19 SE_Brazil_B	B	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR20 SE_Brazil_B	B	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

ND	ND	BR29 SE_Brazil_B	B	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR25 SE_Brazil_B	B	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR23 SE_Brazil_B	B	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H42	G36	BR44 SE_Brazil_C	C	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H10	H9	BR32 SE_Brazil_C	C	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H84	H70	BR41 SE_Brazil_C	C	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H57	H30	BR50 SE_Brazil_D	D	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H55	H44	BR53 SE_Brazil D	D	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H49	H30	BR51 SE_Brazil_D	D	not available	φ SE	South America	φ SE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H133	H2	BR6 N_Brazil_A2* A2e	A2e	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR18 N_Brazil_B	B	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR28 N_Brazil_B	B	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR24 N_Brazil_B	B	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H10	H9	BR33 N_Brazil_C	C	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H10	H9	BR34 N_Brazil_C	C	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H10	H9	BR36 N_Brazil_C	C	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H82	H9	BR37 N_Brazil_C	C	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000

H82	H9	BR38 N_Brazil_C	C	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H81	H68	BR35 N_Brazil_C	C	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H4	H4	BR52 N_Brazil_D	D	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H60	H47	BR47 N_Brazil_D	D	not available	φ N	South America	φ N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H131	H81	BR4 NE-N_Brazil_A2	A2	not available	φ NE,N	South America	φ NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H75	H62	BR43 NE-N_Brazil_C	C	not available	φ NE,N	South America	φ NE,N	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H95	H2	BR13_NE_Brazil_A	A	not available	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H132	H82	BR5 NE_Brazil_A2	A2	not available	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
ND	ND	BR27 NE_Brazil_B	B	not available	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H34	H30	BR45 NE_Brazil_D	D	not available	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H59	H46	BR46 NE_Brazil_D	D	not available	φ NE	South America	φ NE	Brazil	Alves-Silva et al., 2000
H84	H2	PE1A_PehuencheChile_A2p	A2p*	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
ND	ND	PE6B PehuencheChile B	B	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
ND	ND	PE4B PehuencheChile B	B	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
ND	ND	PE1B PehuencheChile B	B	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
ND	ND	PE5B PehuencheChile B	B	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
ND	ND	PE2B PehuencheChile B	B	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000

ND	ND	PE3B PehuencheChile B	B	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
H10	H9	PE1C PehuencheChile_C	C	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
H75	H56	PE5D PehuencheChile D	D	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
H44	H30	PE3D PehuencheChile D	D	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
H74	H4	PE2D PehuencheChile D	D	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
H74	H4	PE1D PehuencheChile D	D	not available	Pehuenc he	South America	Bio Bio	Chile	Moraga et al., 2000
ND	ND	HU3B MapucheChile B	B	not available	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
H34	H30	HU8D MapucheChile D	D	not available	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
H76	H57	HU7D MapucheChile D	D	not available	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
H76	H57	HU4D MapucheChile D	D	not available	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
H26	H23	HU10D MapucheChile D	D	not available	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
H77	H28	HU9D MapucheChile D	D	not available	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
H78	H30	HU1D MapucheChile D	D	not available	Mapuche	South America	Valdivia	Chile	Moraga et al., 2000
H89	H74	YA3C Yaghan_Chile_C1*_ C1b	C1b	not available	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
H88	H42	YA1C Yaghan_Chile_C	C	not available	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
H80	H59	YA2D Yaghan_Chile_D	D	not available	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
H81	H60	YA1D Yaghan_Chile_D	D	not available	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000

H79	H58	YA3D Yaghan_Chile_D	D	not available	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
H34	H30	YA4D_YaghanChile _D	D	not available	Yaghan	South America	Antartica	Chile	Moraga et al., 2000
H72	H59	F67 Kaweskar	C	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H41	H35	F10 Kaweskar	D	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H34	H30	F11 Kaweskar	D	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H44	H30	F50 Kaweskar	D	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H43	H37	F57 Kaweskar	D	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H43	H36	F69 Kaweskar	D	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H40	H34	F74 Kaweskar	D	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H38	H33	F68 Kaweskar	D	not available	Kaweska r	Patagoni a	Golfo de Penas and Magallanes	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H69	H57	F89 Aonikenk	C	not available	Aonikenk	Patagoni a	Magallanes and Santa Cruz River	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H10	H9	F14 Aonikenk	C	not available	Aonikenk	Patagoni a	Magallanes and Santa Cruz River	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004

H46	H28	F27 Aonikenk	D	not available	Aonikenk	Patagonia	Magallanes and Santa Cruz River	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H47	H28	F1 Aonikenk	D	not available	Aonikenk	Patagonia	Magallanes and Santa Cruz River	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H41	H35	F41 Selknam	C	not available	Selknam	Patagonia	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H42	H36	F85 Selknam	C	not available	Selknam	Patagonia	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H43	H37	F83 Selknam	C	not available	Selknam	Patagonia	Isla Grande de Tierra del Fuego	Chile and Argentina	García-Bour et al., 2004
H144	H92	403ACLI_Chile_A	A	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H145	H93	613ACLI_Chile_A	A	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H141	H89	018ACLI_Chile_A	A	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H143	H91	603ACLI_Chile_A	A	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005

H142	H90	406ACLI_Chile_A	A	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H146	H94	031ACLI_Chile_A2	A2	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H3	H2	027ACLI_Chile_A2	A2	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H78	H48	104ACLI_Chile_A2	A2	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
ND	ND	614ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
ND	ND	408ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
ND	ND	015ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005

ND	ND	110ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
ND	ND	407ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
ND	ND	301ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
ND	ND	209ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
ND	ND	302ACLI_Chile B	B	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H87	H73	106ACLI_Chile_C	C	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H86	H72	017ACLI_Chile_C	C	not available	*** Archaeological Cemeteries	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005

H82	H61	605ACLI_Chile D	D	not available	*** Archaeological Cemeteri es	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H83	H62	405ACLI_Chile_D	D	not available	*** Archaeol ogical Cemeteri es	South America	Azapa, Camarones and Lluta	Chile	Moraga et al., 2005
H71	H54	FJ168715.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168713.1	Puna Atacame ña	South America	Atacama	Chile	Perego et al., 2009
H84	H63	FJ168713.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168715.1	O'Higgin s	South America	Santiago	Chile	Perego et al., 2009
H84	H63	FJ168714.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168716.1	Pehuenc he	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168716.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168717.1	Pehuenc he	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168717.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168718.1	Coquimb o	South America	San Juan	Chile	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168719.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168719.1	Talcahua no	South America	Talcahuano	Chile	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168720.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168720.1	Mapuche	South America	Santiago Metropolitan	Chile	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168721.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168721.1	Mapuche -Huilliche	South America	Los Lagos	Chile	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168722.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168722.1	Pehuenc he	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
H26	H23	FJ168723.1_Chile_ D4h3a1	D4h3a1	FJ168723.1	Pehuenc he	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
H85	H23	FJ168724.1_Chile_ D4h3a2	D4h3a2	FJ168724.1	Pehuenc he	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
H85	H23	FJ168725.1_Chile_ D4h3a2	D4h3a2	FJ168725.1	Pehuenc he	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009

H86	H64	FJ168726.1_Chile_D4h3a2	D4h3a2	FJ168726.1	Coquimbo	South America	San Juan	Chile	Perego et al., 2009
H86	H64	FJ168727.1_Chile_D4h3a2	D4h3a2	FJ168727.1	Pehuenche	South America	Bío-Bío	Chile	Perego et al., 2009
H87	H65	FJ168728.1_Chile_D4h3a3	D4h3a3	FJ168728.1	Aymaras	South America	Tarapacá	Chile	Perego et al., 2009
H73	H54	FJ168739.1_Peru_D4h3a5	D4h3a5	FJ168739.1	Maule	South American	Provincia Talca	Chile	Perego et al., 2009
H73	H54	FJ168740.1_Chile_D4h3a5	D4h3a5	FJ168740.1	Mapuche-Huilliche	South American	Los Lagos	Chile	Perego et al., 2009
H73	H54	FJ168741.1_Chile_D4h3a5	D4h3a5	FJ168741.1	Mapuche	South American	Santiago Metropolitan	Chile	Perego et al., 2009
H118	H70	Chickasaw5	A2	not available	Chickasaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Chickasaw 20	B	not available	Chickasaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Chickasaw 24	B	not available	Chickasaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Chickasaw 25	B	not available	Chickasaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Chickasaw 28	B	not available	Chickasaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
H118	H70	Creek 42	A2	not available	Creek	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Creek 59	B	not available	Creek	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003

H11	H9	Creek 44	C	not available	Creek	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
H24	H21	Creek 39	D	not available	Creek	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ARLEQUIN	ARLEQUIN	IAB_D6	A2i	EU431080	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	54IA_C3	A2	EU431081	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ND	ND	100IA_G1	B2	EU431084	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ND	ND	83IA_E2	B2	EU431083	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	113IA_F1	C1b4	EU431085	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	125IA_A3	C1c	EU431086	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	126IA_A7	C1c	EU431087	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	135IA_G4	D1	EU431088	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	143IA_F2	D1	EU431089	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
H30	H19	Na5A	A2v	AY195786	Native American	North America	California	USA	Mishmar et al., 2003
ND	ND	Na1B	B2	AY195749	Native American	North America	California	USA	Mishmar et al., 2003
H10	H9	Na4C	C1b1	AY195759	Native American	North America	California	USA	Mishmar et al., 2003
H25	H22	Na2D	D1	AY195748	Native American	North America	California	USA	Mishmar et al., 2003
ND	ND	Choctaw4	B	not available	Choctaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003

ND	ND	Choctaw 10	B	not available	Choctaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Choctaw 27	B	not available	Choctaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Choctaw 34	B	not available	Choctaw	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Seminoloe 48	B	not available	Seminoloe	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
ND	ND	Seminoloe 35	B	not available	Seminoloe	Eastern North America	Oklahoma	USA	Bolnick et al., 2003
H26	H23	46(S-619738_Tor680)	D4h3a	FJ168755.1	Native American	North America	California	USA	Perego et al., 2009
H26	H23	19(S-683481_Tor655)	D4h3a3	FJ168730.1	Native American	North America	California	USA	Perego et al., 2009
H29	H18	Apache514	A2a	EU095526	Apache	North America	Southwest USA	USA	Tamm et al., 2007
ND	ND	Native - Sinixt	B2	EF648602	Sinixt	North America	Washington	USA	Achilli et al., 2008
H149	H95	Zuni017	A2	EU720385	Zuni	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
ND	ND	Zuni013	B2	EU720359	Zuni	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
ND	ND	Zuni042	B2c	EU720369	Zuni	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
H93	H68	Zuni010	C1	EU720378	Zuni	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
ND	ND	Hualapai12	B2a*	EU719744	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
ND	ND	Hualapai01	B2a1*	EU719741	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010

H96	H78	Hualapai62	C1b	EU719789	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
H91	H75	Hualapai45	C1	EU719781	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
H18	H11	Hualapai46	C1b	EU719782	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
H10	H9	Hualapai04	C1	EU719768	Hualapai	North America	Arizona	USA	Kemp et al., 2010
H97	H79	Jemez028	C1b	EU719907	Jemez	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
H98	H80	Jemez018	C1b	EU719906	Jemez	North America	New Mexico	USA	Kemp et al., 2010
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-03	A	DQ282411	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-05	A	DQ282413	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-04	A	DQ282412	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-06	A	DQ282414	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-08	A	DQ282416	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-12	A	DQ282420	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-01	A	DQ282409	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-02	A	DQ282410	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-07	A	DQ282415	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-15	A	DQ282423	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-11	A	DQ282419	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008

ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-10	A	DQ282418	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-14	A	DQ282422	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-09	A	DQ282417	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H28	H17	62IA_H4	A	EU431082	Native American	North America	USA	USA	Achilli et al., 2008
H3	H2	A2-1-24	A2	DQ282401	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-10	A2	DQ282396	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-13	A2	DQ282399	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H3	H2	A2-1-09	A2	DQ282395	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H3	H2	A2-1-11	A2	DQ282397	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-5-01	A2	DQ282428	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-03	A2	DQ282389	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-08	A2	DQ282394	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H3	H2	A2-1-02	A2	DQ282388	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-4-01	A2d2	DQ282424	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-4-03	A2d2	DQ282426	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-4-02	A2d2	DQ282425	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H31	H20	A2-4-04	A2d2	DQ282427	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008

ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-3-13	A2d2	DQ282421	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-6-01	A2d1	DQ282429	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-6-02	A2d1	DQ282430	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-6-03	A2d1	DQ282431	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-6-04	A2d1	DQ282432	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-6-05	A2d1	DQ282433	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-05	A2g*	DQ282391	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-06	A2g*	DQ282392	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-01	A2j*	DQ282387	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-07	A2j*	DQ282393	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-12	A2j*	DQ282398	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-14	A2j*	DQ282400	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-1-04	A2j*	DQ282390	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-2-01	A2p*	DQ282402	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-2-02	A2p*	DQ282403	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-2-04	A2p*	DQ282405	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-2-06	A2p*	DQ282407	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008

ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-2-07	A2p*	DQ282408	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-2-03	A2p*	DQ282404	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	A2-2-05	A2p	DQ282406	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-2-01	B2a*	DQ282441	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-2-04	B2a1a*	DQ282444	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-2-06	B2a1a*	DQ282446	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-2-05	B2a1*	DQ282445	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-2-03	B2a1*	DQ282443	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-2-02	B2a1*	DQ282442	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-1-02	B2c	DQ282435	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-1-03	B2c	DQ282436	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-1-05	B2c1	DQ282438	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-1-06	B2c1	DQ282439	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-1-01	B2c1	DQ282434	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-1-07	B2c1	DQ282440	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ND	ND	B2-1-04	B2c1	DQ282437	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-1-03	C1b2a	DQ282449	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008

H10	H9	C1-1-02	C1b2a	DQ282448	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H10	H9	C1-1-04	C1b2a	DQ282450	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H10	H9	C1-1-05	C1b2a	DQ282451	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H10	H9	C1-1-06	C1b2a	DQ282452	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H10	H9	C1-1-08	C1b2a	DQ282454	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-1-09	C1b2a	DQ282455	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-1-10	C1b2a	DQ282456	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-1-11	C1b2a	DQ282457	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-1-12	C1b2a	DQ282458b	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-1-01	C1b2a	DQ282447	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-1-07	C1b2a	DQ282453	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-06	C1b3	DQ282464	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-4-02	C1b4	DQ282475	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-4-03	C1b4	DQ282476	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-03	C1b5	DQ282461	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-12	C1b5	DQ282469	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-01	C1c	DQ282459	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008

ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-02	C1c	DQ282460	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-05	C1c	DQ282463	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-07	C1c	DQ282465	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-11	C1c2	DQ282468	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-14	C1c2	DQ282471	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-08	C1c2	DQ282466	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-10	C1c2	DQ282467	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-04	C1c2	DQ282462	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-2-13	C1c2	DQ282470	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-3-02	C1d	DQ282473	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-3-03	C1d	DQ282474	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	C1-3-01	C1d	DQ282472	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-10	D1	DQ282486	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-06	D1	DQ282482	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-07	D1	DQ282483	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-11	D1	DQ282487	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-03	D1b	DQ282479	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008

ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-08	D1b	DQ282484	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-02	D1c	DQ282478	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-01	D1c	DQ282477	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-05	D1c	DQ282481	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-04	D1d	DQ282480	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
ARLEQUIN	ARLEQUIN	D1-1-09	D1d	DQ282485	Hispanic	North America	USA	USA	Just et al., 2008
H12	H2	02Chukchi_Esk_A2* A2a	A2a	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H13	H9	05Chukchi_Esk_A2* A2a	A2a	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H4	H2	01Chukchi_Esk_A2* A2a	A2a	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H14	H10	06Chukchi_Esk_A2* A2a	A2a	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H6	H3	04Chukchi_Esk_A2* A2a1	A2a1	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H7	H4	03Chukchi_Esk_A2* A2a3	A2a3	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H2	H1	08Chukchi_Esk_A2* A2b	A2b	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998

H2	H1	12Chukchi_Esk_A2* A2b	A2b	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H3	H2	07Chukchi_Esk_A2	A2	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H16	H11	11Chukchi_Esk_A2* A2b	A2b	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H1	H1	10Chukchi_Esk_A2* A2b1	A2b1	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H15	H1	09Chukchi_Esk_A2 p	A2p*	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H9	H4	19Chukchi_Esk_C	C	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H8	H8	17Chukchi_Esk_C	C	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H1	H1	18Chukchi_Esk_C	C	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H2	H2	13Chukchi_Esk_D	D	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H16	H14	16Chukchi_Esk_D	D2	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H1	H1	14Chukchi_Esk_D*_ D2	D2	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998

H1	H1	15Chukchi_Esk_D*_D2	D2	not available	Chukchi Eskimo	Siberia	* Chukotkan Autonomous Territory	Russia	Starikovskaya et al., 1998
H3	H2	Chukchi120	A2	EU095533	Chukchi	Siberia	Siberia	Russia	Tamm et al., 2007
H1	H1	Chukchi170	D2	EU095534	Chukchi	Siberia	Siberia	Russia	Tamm et al., 2007
H1	H1	Evenk2	D2	EU095541	Evenk	Siberia	western Siberia	Russia	Tamm et al., 2007
H2	13	Evenk34	D2	EU095542	Evenk	Siberia	western Siberia	Russia	Tamm et al., 2007
H3	H2	Eskimo29	A2	EU095540	Eskimo	Siberia	Siberia	Russia	Tamm et al., 2007
H1	H1	Eskimo2	D2	EU095539	Eskimo	Siberia	Siberia	Russia	Tamm et al., 2007
H6	H3	Selkup94 A2	A2	EU095594	Selkup	Siberia	Siberia	Russia	Tamm et al., 2007
H3	H2	AL13_Aleut_A2	A2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
25	12	AL12 Aleut_A2	A2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
13	H9	AL05 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H4	H2	AL04 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H4	H2	AL17 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H27	H16	AL19 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H18	H12	AL03 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003

H19	H13	AL06 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H17	H2	AL01 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H17	H2	AL02 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H22	H14	AL09 Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H23	H2	AL10_Aleut_A2* A2a	A2a	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H26	H15	AL15 Aleut_A2* A2a1	A2a1	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H6	H3	AL14 Aleut_A2* A2a1	A2a1	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H20	H4	AL07 Aleut_A2* A2a3	A2a3	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H7	H4	AL18 Aleut_A2* A2a3	A2a3	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H24	H12	AL11 Aleut_A2* A2e	A2e	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H21	H2	AL08 Aleut_A2* A2e	A2e	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003

H21	H18	AL23 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H1	H1	AL26 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H1	H1	AL20 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H1	H1	AL21 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H17	H15	AL22 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H18	H15	AL27 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H19	H16	AL24 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H20	H17	AL25 Aleut_D*_D2	D2	not available	Aleut	Bering	** Five different Islands	Aleutian archipelago	Rubicz et al., 2003
H17	H15	IX Aleuts	D2a	EU660536.1	Eskimo	Bering	Russia	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H17	H15	I Aleuts	D2b	EU660538.1	Aleuts	Bering	Commanders	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H22	H19	II Aleuts	D2b	EU660570.1	Aleuts	Bering	Commanders	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002

H17	H15	III Aleuts	D2b	EU660539.1	Aleuts	Bering	Commanders	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H17	H15	IV Aleuts	D2b	EU660542.1	Aleuts	Bering	Commanders	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H17	H15	V Aleuts	D2b	EU660545.1	Aleuts	Bering	Commanders	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H17	H15	VI Aleuts	D2b	EU660546.1	Aleuts	Bering	Commanders	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H17	H15	VII Aleuts	D2b	EU660547.1	Aleuts	Bering	Commanders	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H17	H15	XII Aleuts	D2c	EU660553.1	Eskimo	Bering	Russia	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H17	H15	XIII Aleuts	D2c	EU660556.1	Eskimo	Bering	Russia	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H23	20	XIV Aleuts	D2c	EU660557.1	Eskimo	Bering	Russia	Aleutian archipelago	Derbeneva et al., 2002
H5	H2	185_Asian_A	A	EU007868	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H3	H2	141_Asian_A2a2* A2	A2a2*	EU007847.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H4	H2	136_Asian_A2a	A2a	EU007843.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007

H4	H2	138_Asian_A2a	A2a	EU007844.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H4	H2	139_Asian_A2a	A2a	EU007845.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H6	H3	213_Asian_A2a1	A2a1	EU007884.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H7	H4	215_Asian_A2a3	A2a3	EU007886.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H1	130_Asian_A2b1	A2b1	EU007837.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H1	133_Asian_A2b1	A2b1	EU007840.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H1	214_Asian_A2b1	A2b1	EU007885.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H1	216_Asian_A2b1	A2b1	EU007887.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H1	217_Asian_A2b1	A2b1	EU007888.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H1	218_Asian_A2b1	A2b1	EU007889.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H1	61_Asian_A2b1	A2b1	EU007894.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007

H1	H1	129_Asian_A2b1	A2b1	EU007836.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H1	H1	135_Asian_A2b1	A2b1	EU007842.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	205_Asian_B	B	EU007881.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	195_Asian_B	B	EU007876.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	150_Asian_B	B	EU007853.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	151_Asian_B	B	EU007854.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	152_Asian_B	B	EU007855.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	142_Asian_B	B	EU007848.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	186_Asian_B	B	EU007869.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	157_Asian_B	B	EU007856.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	164_Asian_B* B1	B1	EU007860.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007

ND	ND	144_Aasian_B*_B1	B1	EU007850.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H2	160_Aasian_C1a	C1a	EU007858.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
ND	ND	128_Aasian_D2a2	D2a2	EU007835.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H2	H2	62_Aasian_D4b	D4b	EU007895.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H4	H4	210_Aasian_D4f	D4f	EU007883.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H5	H5	184_Aasian_D4i	D4i	EU007867.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H5	H5	159_Aasian_D4i	D4i	EU007857.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H6	H4	188_Aasian_D4j	D4j	EU007871.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H7	H6	198_Aasian_D4j	D4j	EU007877.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H8	H4	174_Aasian_D4m	D4m	EU007866.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H9	H7	171_Aasian_D4s	D4s	EU007863.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Rusia and China	Asia	Ingman et al., 2007

H3	H3	222_Asian_D5c	D5c	EU007893.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H5	H5	200_Asian_C4b	C4b	EU007879.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H1	H1	132_Asian_C4b	C4b	EU007839.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H4	H4	194_Asian_C5a	C5a	EU007875.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H3	H3	165_Asian_C4a	C4a	EU007861.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H3	H2	131_Asian_A2a* A2	A2a*	EU007838.1	φφφAsian	Northern Asia	Mongolia, Siberia, Russia and China	Asia	Ingman et al., 2007
H8	H5	WH6954 Han_China_A	A	AY255144	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H9	H6	WH6980 Han_China_A	A	AY255166	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
ND	ND	SD10313 Han_China_B	B	AY255136.2	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
ND	ND	GD7813 Han_China_B4b1*	B4b1*	AY255170.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
ND	ND	LN7552 Han_China_B4c*	B4c*	AY255149.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
ND	ND	LN7589 Han_China_B4d*	B4d*	AY255135.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
ND	ND	QD8141 Han_China_B4d*	B4d*	AY255140.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
ND	ND	WH6967 Han_China_B5a*	B5a*	AY255145.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003

ND	ND	WH6973 Han_China_B5b*	B5b*	AY255179.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H5	H5	XJ8435 Han_China_C4a	C4a	AY255174.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H6	H6	LN7710 Han_China_C	C	AY255176.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H12	H10	GD7829 Han_China_D	D	AY255151.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H4	H4	LN7550 Han_China_D4	D4	AY255134.2	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H10	H8	QD8166 Han_China_D4a	D4a	AY255160.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H11	H9	GD7830 Han_China_D4b2	D4b2	AY255165.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H14	H4	YN289 Han_China_D5	D5	AY255169.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H17	H12	GD7837n Han_China_D5a	D5a	AY255162.1	Han	East Asia	across China	China	Kong et al., 2003
H13	H11	FJ168712.1_China_ D4h3b	D4h3b	FJ168712	Han	East Asia	across China	China	Perego et al., 2009
H11	H8	Khoton 11	A	not available	Khoton	Mongolia n	Altai	Mongolia	Dornelles et al., 2005

* Chukotkan Autonomous Territory (Starikovskaya et al., 1998): 66 Chukchi and 79 Siberian Eskimos were collected in New Chaplino, Sireniki, Provideniya, and Anadyr.

** Five different islands (Rubicz et al., 2003): 179 Aleuts living in five, small Alaskan communities and one city. These included 17 from Atka, 17 from Umnak Island (Nikolski), and 37 from Unalaska (in the central and eastern Aleutians); 32 from St. George and 47 from St. Paul (in the Pribilofs); and 29 from Anchorage. Native American populations (Alaskan Inupik, Dogrib, Haida, Bella Coola, and Nuu-Chah-Nulth) and four Siberian populations (Itel'men, Koryaks, Chukchi, and Siberian Yupik).

*** Archaeological cemeteries (Moraga et al., 2005) Valleys in northern Chile and dated from 3,900–5000: Morro 1 (26 samples), AZ-14 (1 sample), AZ-71 (27 samples), AZ-75 (11 samples), AZ-6 (2samples), Cam-9 (13 samples), and Lluta-54 (17 samples).

**** Tribus (Santos et al., 1996): Arara, Awa-Guaja, Katuena, Kayapo, Poturujara, Tiryo, Wayampi, Yanomama.

φ SE,S,NE,N (Alves Silva et al., 2000): SE= southeastern (99 individuals mostly from the state of Minas Gerais), S = southern (50 states of Rio Grande do Sul, Santa Catarina, and Paraná), N = northern (48 states of Amazonas, Pará, Rondonia, and Acre), NE = northeastern (50 states of Pernambuco) regions.

φφ SNSM= Sierra Nevada de Santa Marta.

φφφ Populations of northern Asia (Ingman M. et al., 2007): 14 populations [Canadian Inuit (n ¼ 7), Chukchi (n ¼ 8), Chukotkan Inuit (n ¼ 6), Kazakh (n ¼ 6), Kchanti (n ¼ 4), Koryak (n ¼ 4), Mansi (n ¼ 4), Mongol (n ¼ 4), Nanaitci (n ¼ 3), Nivkchi (n ¼ 4), Shortci (n ¼ 3), Tuvinian (n ¼ 4), Yakut (n ¼ 4)].

Data in grey was excluded from the Network Analysis, but included in the Arlequin analysis.

ND. Haplotypes of haplogroup B were not determined.

Publicaciones en proceso de enviarse:

Artículo 1:

**Excellent preservation of odontoblasts and nervous fibrils in
Maya Hg-enriched molar remains**

Archaeometry

(June 15, 2016)

Mirna Ochoa Lugo¹, Javiera Cervini-Silva^{2,3,*}, María de Lourdes Muñoz¹,
Eduardo Palacios⁴, Gerardo Pérez Ramirez¹, Eduardo Ramos Cruz⁵,
Ascención Montoya⁴, and Arturo Romano-Pacheco^{6,7}.

¹ *Department of Genetics and Molecular Biology,*

*Centro de Investigación y de Estudios Avanzados, Instituto Politécnico Nacional
(CINVESTAV-IPN), Ciudad de México,*

² *Departamento de Procesos y Tecnología,*

Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa, Ciudad de México,

³ *Earth Sciences Division, Lawrence Berkeley National Laboratory,*

⁴ *Dirección de Investigación y Posgrado, Instituto Mexicano del Petróleo, and*

⁵ *Instituto Nacional de Antropología e Historia, Templo Mayor, Ciudad de México,*

⁶ *Department of Physical Anthropology, Instituto Nacional de Antropología e Historia
(INAH), Ciudad de México, and*

⁷*Universidad del Claustro de Sor Juana, Ciudad de México.*

*Corresponding author:

Javiera Cervini-Silva

Departamento de Procesos y Tecnología,

División de Ciencias Naturales e Ingeniería,

Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa,

Prol. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe,

Del Cuajimalpa de Morelos, Ciudad de México,

CP. 05348, México,

Tel: (52) (55) 26 36 38 00 Ext. 3827.

E-mail address: jcervini@correo.cua.uam.mx

Keywords: nervous fibrils; organic material preservation, mercury; ancient molar.

Abstract

Found inside *Temple XIII* of the archaeological site of Palenque, Mexico (17°30'33" N, 91°58'56" O) were the remains of a 30 yr old woman (1000 ± 30 B.P., -9.2 ‰, 1260 ± 30 B.P. [2 sigma calibration Cal A.D. 670 to 775 (Cal B.P. 1280 to 1175) and Cal A.D. 790 (Cal B.P. 1160 to 1150)]), and housed in the collection of the National Museum of Anthropology. As evidenced by high-resolution scanning electron microscopy, odontoblasts and nervous fibrils found in collected molar remains showed an excellent state of preservation, evidencing the plausible recovery of high-quality genetic material.

Artículo 2:

En preparación:

**The role of diagenesis on the preservation of ancient human bones by
mercury**

Archaeometry

(July 31, 2016)

Mirna Ochoa Lugo¹, Javiera Cervini-Silva^{2,3,*}, María de Lourdes Muñoz¹,
Eduardo Palacios⁴, Gerardo Pérez Ramirez¹, Eduardo Ramos Cruz⁵,
Ascención Montoya⁴, and Arturo Romano-Pacheco^{6,7}.

¹ *Department of Genetics and Molecular Biology,*

*Centro de Investigación y de Estudios Avanzados, Instituto Politécnico Nacional
(CINVESTAV-IPN), Ciudad de México,*

² *Departamento de Procesos y Tecnología,*

Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa, Ciudad de México,

³ *Earth Sciences Division, Lawrence Berkeley National Laboratory,*

⁴ *Dirección de Investigación y Posgrado, Instituto Mexicano del Petróleo, and*

⁵ *Instituto Nacional de Antropología e Historia, Templo Mayor, Ciudad de México,*

⁶ *Department of Physical Anthropology, Instituto Nacional de Antropología e Historia
(INAH), Ciudad de México, and*

⁷ *Universidad del Claustro de Sor Juana, Ciudad de México.*

*Corresponding author:

Javiera Cervini-Silva

Departamento de Procesos y Tecnología,

División de Ciencias Naturales e Ingeniería,

Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa,

Prol. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe,

Del Cuajimalpa de Morelos, Ciudad de México,

CP. 05348, México,

Tel: (52) (55) 26 36 38 00 Ext. 3827.

E-mail address: jcervini@correo.cua.uam.mx

12.2 ANEXO 2. Estancia (Noviembre de 2013)



June 18, 2016

To whom this may concern,

This is to certify that Ms. Mirna Isabel Ochoa Lugo (doctoral student of Genetics and Molecular Biology at CINV-IPN) received training while at the University of Kansas in the use of analytical tools for studying population genetics. She spent November 25 to December 20th, 2013, being trained in the application of statistical methodologies to DNA sequences and haplotypes. Ms. Ochoa successfully applied these methods to an excellent dissertation.

If there are any questions concerning her training and research experiences, while at the Laboratories of Biological Anthropology, University of Kansas, contact me at: Crawford@ku.edu or telephone me at 785-864-4170.

Sincerely,

Dr. Michael H. Crawford
Professor of Anthropological Genetics
Director of the Laboratories of Biological Anthropology

12.3 ANEXO 3. Congresos

1. Abril de 2016

Tue (3)-P-187

MITOCHONDRIAL GENETIC DIVERSITY OF THE PRE-HISPANIC MEXICAN MAYA POPULATIONS FROM PALENQUE AND EL REY

Mirna Isabel Ochoa Lugo¹, Gerardo Pérez Ramírez¹, Javiera Cervini-Silva², Miguel Moreno Galeana¹, Eduardo Ramos³, Arturo Romano-Pacheco^{4,5}, María de Lourdes Muñoz^{1,2}.

¹Department of Genetics and Molecular Biology, Center for Research and Advanced Studies of IPN, D.F., Mexico; ²Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa; ³Earth Sciences Division, Lawrence Berkeley National Laboratory; ⁴Department of Physical Anthropology, Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH), México; ⁵Universidad del Claustro de Sor Juana; ⁶Laboratory of Biological Anthropology, University of Kansas, Lawrence, KS, USA. E-mail: iochoa@cinvestav.mx

The Mayan population is known as one of the most advanced ancient civilizations of America due to the development of Architecture, Calendar, Astronomy, Mathematics, Writing, Arts, and agriculture. The Mayan civilization covered all of the Yucatan Peninsula, part of the Mexican states of Tabasco and Chiapas, Guatemala, Belize and the western of Honduras and El Salvador. Palenque, Chiapas was one of the most important Mayan civilizations in the Classic Period (200-900 CE), where they exerted political and economic control of the region. The Mayan of El Rey, Quintana Roo had its peak in the post-classical period (1300-1550 CE). Since it is unknown the origin of these populations, the aim of this study was to determine their genetic diversity and origin through Network analysis of mtDNA Hypervariable Region I partial sequences. This study showed frequencies for haplogroup A2 of 50% and for haplogroup C1 50%. However, for most of the contemporary Mexican Mayans the frequencies for haplogroup A are the highest. The Mayan populations from Tojolobal (58.1%) have been reported to display the highest frequencies for haplogroup B; and the ancient population of Tipu from Belize showed the higher frequency for haplogroup C (64%) followed by D (28%) and B (8%). The comparative analysis of the sequences of ancient Mayan from Palenque and El Rey of this study with the contemporary Mayan sequences and populations from Asia, Bering, North America, Central America and South America Network analysis indicated that the ancient Mayan haplogroup A2 sequences were more related with Asia, Bering, North America and Central America; while haplogroup C1 sequences were grouped with sequences from some contemporary Mayans and South American individuals. In conclusion, we suggest that the prehispanic Mayan population of this study origin is from Asia and it was dispersed to the region and to South America. This study will be improved by increasing the number of samples.

CERTIFICATE OF PRESENTATION

This is to certify that

Mirna Isabel Ochoa Lugo

Presented a poster entitled

Tue(3)-P-187

**“MITOCHONDRIAL GENETIC DIVERSITY OF
THE PRE-HISPANIC MEXICAN MAYA POPULATIONS
FROM PALENQUE AND EL REY”**

**in the 13th International Congress of Human Genetics,
April 3-7, 2016,
at Kyoto International Conference Center, Japan**



**Yoshimitsu Fukushima, M.D.,
Ph.D.
Co-Chair and Professor,
Shinshu University
Graduate School of Medicine**



**Yoichi Matsubara, M.D., Ph.D.
Co-Chair and Director,
National Research Institute for
Child Health and Development**



**Shoji Tsuji, M.D., Ph.D.
Co-Chair and Professor,
Neurology, The University
of Tokyo Graduate School
of Medicine**

Congress Presidents

Yoshimitsu Fukushima
Co-President of ICHG 2016
President of Japan Society of Human Genetics
Professor, Shinshu University

Yoichi Matsubara
Co-President of ICHG 2016
Director, National Research Institute for Child Health and Development
Professor Emeritus, Tohoku University

Shoji Tsuji
Co-President of ICHG 2016
Professor, The University of Tokyo

Congress Secretariat 13th Congress Organized by **Kyushu Institute of Design**, 2-7 Higashi-1-chome, Chiyoda-ku, Tokyo 100-8385, Japan TEL: +81-3-6278-3333 FAX: +81-3-6278-3333 E-mail: ichg2016@kyid.ac.jp

www.ichg2016.org





Certificate of Attendance

This is to certify that

Mirna Isabel Ochoa Lugo

has participated in the 13th International Congress of Human Genetics (ICHG2016)

April 3-7, 2016 Kyoto International Conference Center, Japan

Yoshimitsu Fukushima, M.D., Ph.D.
Co-Chair and Professor,
Shizuoka University
Graduate School of Medicine

Yoichi Matsubara, M.D., Ph.D.
Co-Chair and Director,
National Research Institute for
Child Health and Development

Shoji Tsuji, M.D., Ph.D.
Co-Chair and Professor,
Neurology, The University
of Tokyo Graduate School of Medicine

No. 10400



2. Marzo de 2015

5/1/2016

Maria de L. Muñoz AAPA Meeting Registration

Maria de L. Muñoz 2015

lmunoz@cinvestav.mx

Bookmark this page. If your confirmation email is intercepted by a spam filter, you can check this page for:

Receipt of your payment.

The status of your symposium proposal, including the outcome of the review, and day and time scheduled if your proposal is accepted.

The status of your abstract, including the outcome of the abstract review and the day and time of your presentation if your abstract is accepted.

Privacy warning: this page is not password protected and is therefore only semi-private. If you share the link to this page, e.g., by emailing it or posting it on Facebook, others will be able to access it. Most information here will become public when the program is published. However, abstract/symposium rejection and email address are not published, yet are available on this page.

This website does not store any credit card information.

Printable invoice

Non-member

Fee: \$40

Payment received: Yes

Abstract status: Under review

Maternal lineage of pre-Hispanic Mayans from the archeological sites "El Rey" and "Palenque"

MARÍA DE L. MUÑOZ¹, MIRNA I. ISABEL OCHOA-LUGO¹, GERARDO PÉREZ-RAMÍREZ¹, ARTURO ROMANO-PACHECO², EDUARDO RAMOS³ and ADRIAN MARTÍNEZ-MEZA⁴

¹Department of Genetics and Molecular Biology, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, ²Anthropology, University from Claustro of Sor Juana, ³Teotihuacan, National Institute of Anthropology and History, ⁴Direction of Physical Anthropology, National Institute of Anthropology and History

The Mayan civilization was located in most of the region named Mesoamerica, in the territories of Guatemala, Belize, Honduras, El Salvador and 5 states of Mexico (Campeche, Chiapas, Quintana Roo, Tabasco y Yucatán). This civilization started in the Pre-Classic period (c. 2000 BC to AD 250) and had the maximum splendor during the Classic period (c. AD 250 to 900). The Mayan civilizations of the archeological sites "El Rey" (200 to 1200 C.E) and Palenque (200 to 900 CE) are very important to study their maternally lineage and relationship with other Mayan populations to understand their origin, migration, Population structure and kinship. Consequently, the objective of this study was to determine the maternal lineage of those populations, and haplotype diversity by sequencing the Hypervariable region I (HVR1) of the mitochondrial DNA. Our results shows that the samples from "El Rey" displays haplogroup C and the samples from Palenque displays haplogroups C and D. These Mayan sequences were also compared with sequences from the NCBI database of contemporary Mayan populations, showing the same maternal lineage. In addition there were also other sequences from Mayans that displayed a different haplogroup or subhaplogroup suggesting that Mayan populations pertain to the same culture but had different genetic origins.

Site programming

Ed Hagen

[Bioanthropology lab](#)

file:///C:/Users/USUARIO/Desktop/ESCRITORIO%202015/2014/COMPROBANTES%202015/Maria%20de%20L.%20Mu%C3%B1oz%20AAPA%20Meet... 1

Joint AAPA/HBA Symposium
Friday, March 27, 2015
St. Louis, Missouri

Title: Multi-generational Perspectives on Human Biology and Anthropological Genetics: A Symposium in Honor of Michael H. Crawford.

Organizers: William R. Leonard (w-leonard1@northwestern.edu; Northwestern University) and Dennis H. O'Rourke (dennis.orourke@anthro.utah.edu; University of Utah)

Abstract: Over the past 40 years, genetic approaches have infused nearly every aspect of research in our discipline; from nonhuman primate biology and behavior, to human adaptability and disease ecology, forensic analysis, and human evolutionary genetics. Such research approaches utilize genetic data from both contemporary and past populations to elucidate the origin and nature of human biological diversity. The unquestioned leader in the growth and influence of anthropological genetics is Michael H. Crawford, of the University of Kansas. From his early graduate research in primate genetics, to the early and seminal co-edited volume on *Methods and Theories in Anthropological Genetics*, through a series of additional volumes on *Current Developments in Anthropological Genetics*, to contemporary textbooks in the field, Michael Crawford has defined the anthropological genetics landscape for three generations of colleagues, collaborators, and students. Through his numerous field projects among indigenous and migrant populations around the world, Mike Crawford has charted the development and growth of genetic and population analyses of human variation in a myriad of social and ecological settings. He has also remained current on emerging trends in both laboratory and statistical analyses, adopting these new methods to refine the testing of anthropological hypothesis in his own research, and in his training of students and post-doctoral fellows. The presentations in this symposium reflect both the tremendous influence that Mike Crawford has had in developing and shaping anthropological genetics, and the breadth of his contributions to human population biology and biological anthropology.

Posters:

1. *Y chromosome diversity in the Garifuna of Caribbean Central America*. Baldi N (Universidad de Costa Rica), Beaty K (University of Kansas), Paz EH (Universidad de Costa Rica), Crawford MH (University of Kansas).

2. *Migration and expansion: Maternal markers of the Garifuna*. Beaty KG (University of Kansas), Baldi NF (Universidad de Costa Rica), Herrera Paz EF (Universidad Católica de Honduras) Phillips-Krawczak C (Mayo Clinic), Carpenter MG (University of Kansas), Crawford MH (University of Kansas).

3. *Genetic variation in central obesity measures and serum uric acid in American Indians*. Chittoor G (University of North Carolina), Haack K (Texas Biomedical Research Institute), Laston S (Texas Biomedical Research Institute), Best LG (Missouri Breaks Industries), Lee ET (University of Oklahoma), Howard BV (Medstar Health Research Institute), MacCluer JW (Texas Biomedical Research Institute), Umans JG (Medstar Health Research Institute), Cole SA (Texas Biomedical Research Institute), Voruganti VS (University of North Carolina).

4. *The genetic contribution to obesity and its associated co-morbidities: Insights from both human and non-human primate cohorts*. Comuzzie AG (Texas Biomedical Research Institute).

5. *Placenta-specific protein 1 (PLAC1): An ancient and crucial element in placental development*. Devor E (University of Iowa).

6. *From Anthropological Genetics to Discovery of Genes for Complex Diseases in Human Populations: The Transdisciplinary Impact of Professor Michael H. Crawford*. Duggirala, R (Texas Biomedical Research Institute), Arya R (University of Texas Health Sciences Center), Puppala S (Texas Biomedical Research Institute), Williams JT (Texas Biomedical Research Institute), Farook V S (Texas Biomedical Research Institute), Curran JE (Texas Biomedical Research Institute), Jenkison CP (University of Texas Health Science Center), Almasry L (Texas Biomedical Research Institute), Mahaney MC (Texas Biomedical Research Institute), Comuzzie AG (Texas Biomedical Research Institute), Williams-Blangero S (Texas Biomedical Research Institute), Lehman DM (University of Texas Health Science Center), Blangero J. (Texas Biomedical Research Institute).

7. *Inconsistent inheritance of telomere length (TL): is offspring TL more strongly correlated with maternal or paternal TL?* Eisenberg D (University of Washington).

8. *Applications of Medicinal Plants in the Treatment of Psychological Disorders*. Halberstein R (University of Miami).

9. *Current Developments in Anthropological Genetics of the North American Arctic*. Hayes MG (Northwestern University), Tackney J (University of Utah), Raff J (University of Texas), Rzhetskaya M (Columbia University), O'Rourke D (University of Utah).

10. *Identifying genetic associations with central adiposity in Hispanic subgroups: the HCHS/SOL Study*. Justice AE (University of North Carolina), Young K (University of North Carolina), Gogarten SM (University of Washington), Graff M (University of North Carolina), North KE (University of North Carolina), Laurie C (University of Washington), Isassi C (Albert Einstein College of Medicine), Laurie C (University of Washington).
11. *Women who deliver twins are more likely to smoke and have high frequencies of specific SNPs*. Madrigal L (University of South Florida).
12. *Paternal genetic structure in contemporary Mennonite communities from the American Midwest*. Melton PE (University of Western Australia), Beatty KG (University of Kansas), Mosher MJ (Western Washington University), Crawford MH (University of Kansas).
13. *Examining epigenetic effects on evolution through a migration model*. Mosher M.J (Western Washington University).
14. *Maternal lineage of pre-Hispanic Mayans from the archeological sites "El Rey" and "Palenque"*. Muñoz MDL (Instituto Politécnico Nacional, Mexico), Ochoa-Lugo MII (Instituto Politécnico Nacional, Mexico), Perez-Ramirez G (Instituto Politécnico Nacional, Mexico), Romano-Pacheco A (Universidad del Claustro de Sor Juana, Mexico), Ramos E (Instituto Nacional de Antropología e Historia, Mexico), Martinez-Meza A (Instituto Nacional de Antropología e Historia, Mexico) .
15. *The Importance of Multi-Ethnic Genetic Studies: the Population Architecture using Genomics and Epidemiology (PAGE) Study*. North K (University of North Carolina).
16. *Spirited Away: Coevolution with HepB/HepC to explain the alcoholic flusher paradox*. Ortega, Rebecca (Western Washington University); Stevenson, Joan (Western Washington University).
17. *Health disparities in prostate cancer: Tumor epigenome profiling in African American vs European American men*. Rubicz R (Fred Hutchinson Cancer Research Center), Shui IM (Fred Hutchinson Cancer Research Center), Zhao S (Fred Hutchinson Cancer Research Center), Wright JL (Fred Hutchinson Cancer Research Center), Kolb S (Fred Hutchinson Cancer Research Center), Ostrander EA (National Human Genome Research Institute), Feng Z (University of Texas), Fan J-B (Illumina), Stanford JL (Fred Hutchinson Cancer Research Center).
18. *Evidence for selection in human populations for Black/Dark Brown hair color using Phenotype Informative Markers*. Schanfield MS (George Washington University), Gettings K (George Washington University), Podini D (George Washington University).

19. *Body size and proportions among four indigenous Siberian populations: Climatic and social influences.* Snodgrass JJ (University of Oregon), Leonard WR (Northwestern University), Tarskaia LA (University of Kansas), Klimova TM (Northeastern Federal University), Fedorova, VI (Northeastern Federal University), Baltakhinova ME (Northeastern Federal University), Krivoshapkin VG (Northeastern Federal University).

20. *Meta-analysis of exome chip variants identifies novel low-frequency loci contributing to body fat distribution.* Young K (University of North Carolina).

Discussant: Relethford J (SUNY-Oneonta)

3. Agosto-Septiembre de 2014

FEBS_EMBO-3401

MITOCHONDRIAL DNA LINEAGE, GENETIC DIVERSITY AND POPULATION STRUCTURE OF TWO PREHISPANIC MAYA POPULATIONS

Mirna I. Ochoa Lugo* ¹, Gerardo Pérez Ramírez¹, Miguel Moreno Galeana¹, María D. L. Muñoz¹

¹Department of Genetics and Molecular Biology, Center for Research and Advanced Studies of IPN, D.F., Mexico

Abstract: The Mayan civilization began to settle in the Yucatan area of what is now Mexico. The maximum splendor of this civilization was during the Classic period and had the maximal expansion at the beginning of Postclassical period. The population from the archeological site El Rey Quintana Roo became a relevant city between 1300 to 1550 C.E. and Palenque is an ancient Maya city located at the base of the northern of Chiapas. Palenque was rich natural resources allowed this site a long occupation from the 200 to 900 CE. Because the importance of this civilization we study, maternal lineage, genetic diversity and population structure through the analysis of the sequences comprising the Hypervariable Region I of the mtDNA. The maternal lineage of Mayan preHispanic populations showed the haplogroups C, D, and A with a frequency of 57.1%, 28.6% and 14.3% respectively. These results are different from those reported for populations of ancient Maya from Copan, Honduras that showed frequencies of 89% and 11% for haplogroups C and D respectively. Studies of genetic diversity index and neutrality test, suggested that the population from archeological site El Rey, Quintana Roo was a stable population due to the similarity of the values $\theta\pi$ and θ_s , and the Tajima D value of zero. In addition, we found significantly negative Fu's F_s values which can be interpreted as a signal of expansion. The preHispanic population from Palenque Chiapas showed no signal of expansion. The phylogenetic analysis by network base on sequences from the ancient populations and contemporary sequences from the NCBI database showed the relationship among these populations and the contemporary Maya populations. In conclusion, we are suggesting that the Maya population pertain to the same culture but have a different genetic origin. We will enrich this study increasing the number of samples and comparing the sequences with those of contemporary populations.

Disclosure of Interest: None Declared

Keywords: PRE-HISPANIC MAYA, Haplogroup, mitochondrial DNA



CERTIFICATE OF PRESENTATION

Paris, 01 September 2014

The FEBS EMBO 2014 Conference
Paris, France (30 August – 4 September 2014)

We certify that:

Mirna Isabel Ochoa Lugo (Mexico)

has presented the poster n° MON-241

Title:

**MITOCHONDRIAL DNA LINEAGE, GENETIC DIVERSITY AND POPULATION
STRUCTURE OF TWO PRE-HISPANIC MAYA POPULATIONS**

In the session: **CSIII-02_Development & evolution**

On Monday September 1

The Congress Office:

FEBS-EMBO 2014 Conference
MCI - 24, rue Chauchat - 75009 Paris - France
Tel.: +33 (0) 1 53 85 82 68 / Fax.: +33 (0) 1 53 85 82 83
info@febs-embo2014.org
www.febs-embo2014.org



Paris 2014 hosted by SFBBM
30 August – 4 September

Certificate of *Attendance*

This is to confirm that

Mirna Isabel Ochoa Lugo

participated in the FEBS EMBO 2014 conference,
held in Paris, 30 August – 4 September.

Israël Pecht
Secretary General of FEBS

Maria Leptin
Director of EMBO

Frédéric Dardel
President of SFBBM



4. Octubre de 2013

Estudio de poblaciones prehispánicas mayas y la identificación de marcadores genéticos asociados a la Diabetes Tipo 2

Mirna Isabel Ochoa Lugo*, María de Lourdes Muñoz*, Miguel Moreno Galeana*, Gerardo Pérez-Ramírez*, Adrián Martínez-Meza.

*Departamento de Genética y Biología Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN; **Dirección de Antropología Física del Instituto Nacional de Antropología e Historia.

Diabetes Tipo 2 es un grupo de enfermedades metabólicas caracterizadas por hiperglicemia, resultado de defectos de la secreción de insulina, acción de insulina o ambas. En México, Villalpando en 2010, reportó 7.31 millones de personas con esta enfermedad, la cual va en aumento, ENSANUT en 2012, reportó prevalencias de 5.6% a 12.3%. En poblaciones indígenas mexicanas se han reportado muy bajas prevalencias de Diabetes Tipo 2, donde indígenas Mazatecos de Oaxaca presentaron prevalencia de 2.1%; indígenas Otomíes de Querétaro de 4.4%, indígenas de Teotihuacán Estado de México de 5.8% e indígenas Mayas de Yucatán de 11.7%, siendo estas últimas muy similares a poblaciones mestizas mexicanas. El origen genético de la diabetes tipo 2 en México se desconoce. Por mucho tiempo se ha sugerido que su origen viene de las poblaciones indígenas prehispánicas; sin embargo, su origen también podría ser debido a la herencia genética de poblaciones de Europa, África, Asia y América, las cuales conforman el mestizaje de México (Tusié Luna y col., 2012). En la actualidad se han reportado SNPs nucleares y mitocondriales asociados a Diabetes Tipo 2, en las poblaciones mencionadas y en poblaciones mestizo mexicanas, se han reportado SNP's nucleares asociados a Diabetes Tipo 2, de los genes *SLC30A8*, *HHEX*, *CDKN2A/2B*, *IGF2BP2*, *CDC123/CAMK1D* y *KCNQ1* (Gamboa-Meléndez, 2012). Así también, se han reportado frecuencias de los SNPs mitocondriales *A3243G* y *T16189C*, de 0.48% y 24%, respectivamente (Saldaña Martínez, 2012). Los estudios actuales no han demostrado de manera contundente el origen genético de la susceptibilidad a la enfermedad. Debido a esto el objetivo del presente estudio es analizar SNPs asociados a Diabetes Tipo 2 en muestras de restos óseos antiguos de poblaciones prehispánicas Mayas de los sitios arqueológicos Palenque, Chiapas, y El Rey, Quintana Roo. Evidencias arqueológicas demuestran que Palenque presento su máximo esplendor en el periodo clásico (250-1000 d.C) y sobresalió por ejercer el control político y económico de la región, así como por su desarrollo cultural, sin embargo, El Rey, se estableció en el periodo postclásico (1250-1550 d.C) sus habitantes se habrían dedicado a la pesca y a la extracción de sal para su propia subsistencia o para pagar tributo a centros de poder. En paralelo estas investigaciones nos ayudarán a conocer la diversidad genética de estas poblaciones prehispánicas, su haplogrupo y haplotipo mitocondrial, y si los SNPs (polimorfismos de un solo nucleótido) asociados a la diabetes tipo 2 en poblaciones contemporáneas existen en las poblaciones prehispánicas. Hasta el momento se extrajo el DNA de 16 muestras óseas del sitio arqueológico de Palenque y 10 de El Rey, de las cuales se amplificó y secuenció la RHV1 y se identificaron los haplogrupos de 3 muestras de Palenque y 3 de El Rey. Las secuencias de las muestras MXCHPALENQUE_T1GB, MXCHPALENQUE_E4GB y MXCHPALENQUE_T5GB del sitio arqueológicos de Palenque Chiapas, corresponden a subhaplogrupos A2, C1 y C1, respectivamente. Así también, con este análisis se obtuvo que las secuencias de las muestras MXRELREY_E9, MXQRELREY_E23-3 y MXQRELREY_E23-1 del sitio arqueológico de El Rey Quintana Roo, corresponden al subhaplogrupo C1. Se seleccionaron 2 SNPs de DNA mitocondrial, para utilizarlos en el presente estudio. De estos SNPs algunos ya se han asociado a la enfermedad en poblaciones mestizas mexicanas y otros están en análisis.



El Instituto de Investigaciones Antropológicas de la UNAM,
la Asociación Mexicana de Antropología Biológica, A.C.,
y el Instituto de Nacional de Antropología e Historia

otorgan la presente constancia a:

**Mirna Isabel Ochoa Lugo, María de Lourdes Muñoz Moreno y Gerardo Pérez
Ramírez**

por haber presentado el trabajo:

**Estudio de poblaciones prehispánicas mayas y la identificación de marcadores
genéticos asociados a diabetes Tipo 2**



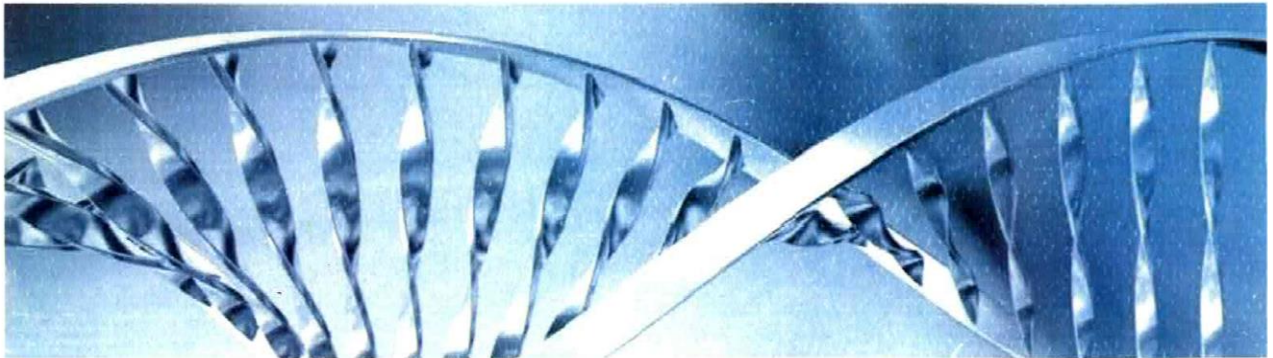
XVII Coloquio Internacional de Antropología Física Juan Comas

Dra. Cristina Oemichen Bazán
Directora del Instituto de Investigaciones
Antropológicas, UNAM

Dr. Allan Ortega Muñoz
Presidente de la Asociación Mexicana
de Antropología Biológica, A.C.

Mtro. José Antonio Pompa y Padilla
Director de la Dirección de Antropología Física,
INAH

12.4 ANEXO 4. Diplomado



UACM
Universidad Autónoma
de la Ciudad de México
Nada humano me es ajeno

POSGRADO
EN CIENCIAS
GENÓMICAS

La Universidad Autónoma de la Ciudad de México otorga la
presente

Constancia

a

OCHOA LUGO MIRNA ISABEL

por su asistencia al

5^o Diplomado
en **Investigación Genómica**

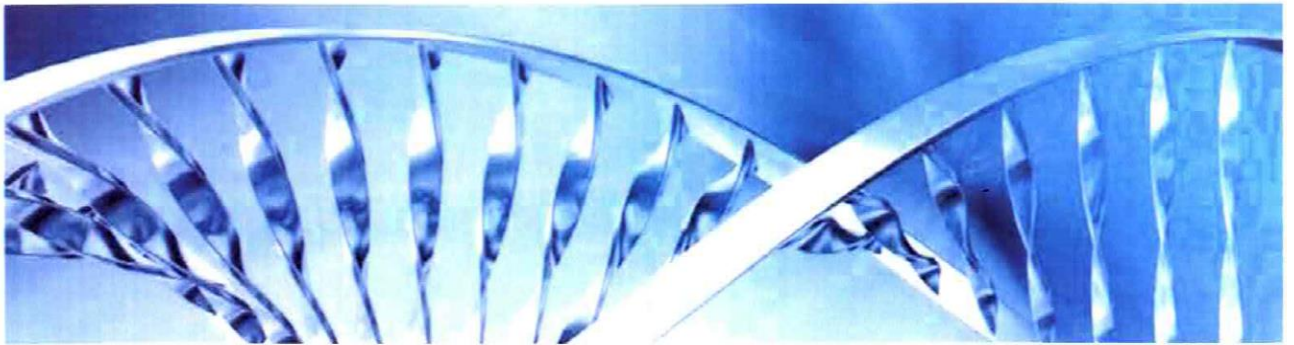
que se llevó a cabo del 21 de Septiembre del 2012 al 21 de Junio del 2013.

Universidad Autónoma de la Ciudad México
Nada humano me es ajeno

21 de junio de 2013

Dra. María Elizabeth Álvarez Sánchez
Responsable del Posgrado en Ciencias Genómicas
Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Dra. Mavily López Casamichana
Coordinadora del 5^o Diplomado en Investigación Genómica



UACM
Universidad Autónoma
de la Ciudad de México
Nada humano me es ajeno

**POSGRADO
EN CIENCIAS
GENÓMICAS**



La Universidad Autónoma de la Ciudad de México
otorga el presente diploma a

Ochoa Lugo Mirna Isabel

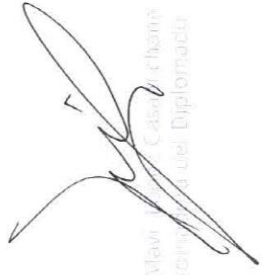
por haber obtenido la certificación del

**5° Diplomado
en Investigación Genómica**

Realizado en la Universidad Autónoma de la Ciudad de México,
plantel Del Valle,
del 21 de Septiembre del 2012 al 21 de Junio del 2013,
con una duración de 180 horas.


Diana Rodríguez Arriaga
Coordinadora de Certificación
y Registro


Mirna María del Rayó Ramírez Fierro
Coordinadora Académica


Dr. Iván Casanovi
Coordinador del Diplomado

Thermo Fisher Scientific, otorga la presente

CONSTANCIA A:

M. en C. Mirna Isabel Ochoa Lugo

Por su participación en el Curso Expresión Génica por PCR Tiempo Real: Sondas TaqMan y SYBRGreen en el equipo Step One Plus.

Realizado los días 07 al 09 de Octubre de 2015, con una duración de 24 horas en las instalaciones de Thermo Fisher Scientific en Torre Mayor, México, D.F.



Biol. Vivian Carolina Hernández Bayona
Thermo Fisher Scientific
Field Applications Specialist Manager



M. en C. Natalia Hernández Álvarez
Thermo Fisher Scientific
Field Applications Specialist



PerkinElmer
For the Better

Otorga el presente

Diploma

A:

Mirna Isabel Ochoa Lugo

Por su participación en:

Entrenamiento en el Manejo del Sistema de Purificación Chemagen Prepito

Que se impartió el día 21 de Mayo de 2014, en las instalaciones del CINVESTAV, en la Ciudad de México, Distrito Federal.

Con un total de 6 (seis) horas.



J. Taylor Appleberry
Field Application Specialist



Lic. Carlos García de la Cruz
Coordinador de Cursos

NANOSURF TRAINING CERTIFICATE

This is to certify that

Mirna Isabel Ochoa Lugo

from CINVESTAV, Zacatenco

has participated in the

User Training on Basic and Advanced Scanning Probe Microscopy Techniques

March 25, 2015

CINVESTAV Zacatenco - Mexico

The training covered theory and hands-on of scanning probe microscopy operation modes. In detail it covered:
Contact Mode, Lateral Force Microscopy, Dynamic Mode, Phase Contrast, Magnetic Force Microscopy,
Force Spectroscopy, Nanolithography, Kelvin Probe Force Microscopy, Piezoresponse Force Microscopy.



Dr. Rached Jaafar
Area Manager Sales and Applications
Nanosurf AG, Switzerland



Dr. Edward Nelson
Technical Sales Specialist
Nanosurf Inc, USA



Dr. Isaac Hernández
Researcher
CINVESTAV, Mexico



Humberto Torres
Sales Executive
Intercovamex, Mexico

Certificate of Attendance

This certificate is awarded to

Mirna Ochoa Lugo

for attending the following seminar on March 15, 2013

Genomics in the Clinic



Laura Uribe

Clinical and Translational Medicine
Marketing Manager, IMG, Affymetrix, Inc.

12.6 ANEXO 6. Ponencias Nacionales
2016.

El Instituto Nacional de Antropología e Historia,
El Laboratorio 1 de Genética y Biología Molecular del CINVESTAV-IPN y
la Dirección de Antropología Física

V Seminario de Antropología Molecular

"Retos, logros y alcances"



Otorgan la presente:

CONSTANCIA a:

Mirna Isabel Ochoa Lugo

Por la presentación de la ponencia:

*"Afilación genética a través del linaje materno de poblaciones
Mayas: prehispánicas y contemporáneas"*

31 de Mayo de 2016

Mtro. José Antonio Pompa y Páidilla
Director de Antropología Física
INAH

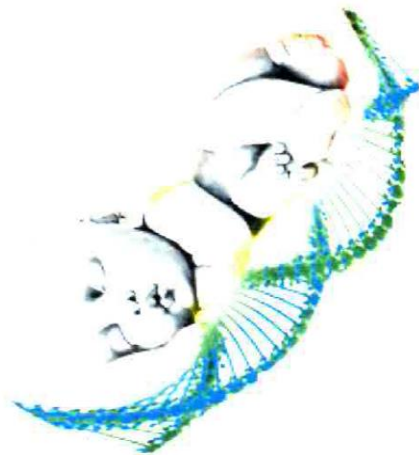
Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del
Seminario de Antropología Molecular

El Instituto Nacional de Antropología e Historia
A través de la Coordinación Nacional de Antropología, la Dirección de Antropología Física y
sus Seminarios Permanentes de la Dirección de Antropología Física



Otorga la presente:
CONSTANCIA A:

Mirna Isabel Ochoa Lugo



Por la presentación de la ponencia:

“IMPACTO DE LA GENÉTICA EN LA ANTROPOLOGÍA”

En el XXII Coloquio de los Seminarios Permanentes de la Dirección de Antropología Física
del INAH
2015

Diciembre 10 2015



Mtro. José Antonio Pompa y Padilla
Director de Antropología Física

Dra. Liliana Torres Sanders
Seminario de Antropología
de Violencia Infantil

Mtro. Xavier Lizarraga C.
Seminario Antropología del
Comportamiento

Dra. Martha R. Herrera B.
Seminario Antropología de la
Violencia

Mtro. Adrián Martínez Meza
Seminario de Antropología
Molecular

El Instituto Nacional de Antropología e Historia
A través de la Coordinación Nacional de Antropología, la Dirección de Antropología Física y
sus Seminarios Permanentes de la Dirección de Antropología Física

Otorga la presente:

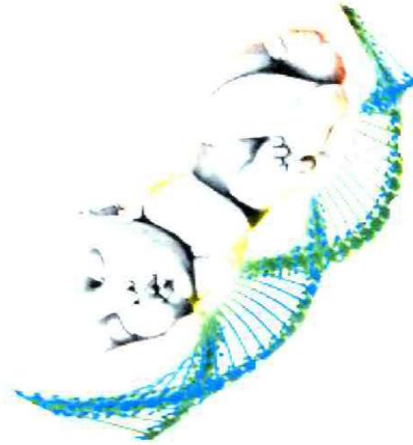
CONSTANCIA A:

Mirna Isabel Ochoa Lugo

Por la presentación de la ponencia:

“INTROSPECTIVAS DE LA ANTROPOLOGÍA MOLECULAR”

En el XXII Coloquio de los Seminarios Permanentes de la Dirección de Antropología
Física del INAH
2015



Diciembre 08 2015



Mtro. José Antonio Pompa y Padilla
Director de Antropología Física



Mtro. Xavier Lizarraga C.
Seminario Antropología del
Comportamiento



Dra. Lilitana Torres Sanders
Seminario de Antropología
de Violencia Infantil

Dra. Martha R. Herrera B.
Seminario Antropología de la
Violencia



Mtro. Adrián Martínez Meza
Seminario de Antropología
Molecular

La Dirección de Antropología Física del INAH
A través del:

*Seminario de Antropología Molecular;
Retos, logros y alcances*



Otorga la presente:

CONSTANCIA

A: *Mirna Isabel Ochoa Lugo*

Por la presentación de la ponencia:

“LAS POBLACIONES MAYAS Y SU POSIBLE ORIGEN”

México, D.F. a 28 de Julio de 2015




Mtro. Jose Antonio Pompa y Padilla
Director de la Dirección de Antropología Física

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario



La Dirección de Antropología Física del INAH
A través del:

*Seminario de Antropología Molecular;
Retos, logros y alcances*

Otorga la presente:

CONSTANCIA

A: *Mirna Isabel Ochoa Lugo*

Por la presentación de la ponencia:

***“Frecuencia de los haplogrupos de una población maya en Palenque
Chiapas (Templo XV)”***

México, D.F. a 28 de Abril de 2015

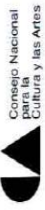


[Handwritten signature]

Mtro. Jose Antonio Pompa y Padilla
Director de la Dirección de Antropología Física

[Handwritten signature]

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario



La Dirección de Antropología Física del INAH
A través del:

*Seminario de Antropología Molecular;
Retos, logros y alcances*



Otorga la presente:

CONSTANCIA

A: Mirna Isabel Ochoa Lugo

Por la presentación de la ponencia:

“Linaje Materno de dos poblaciones prehispánicas Mayas”

México, D.F. a 31 de Marzo de 2015

Mtro. Jose Antonio Poropa y Padilla
Director de la Dirección de Antropología Física

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario



La Dirección de Antropología Física del INAH
A través del:

*Seminario de Antropología Molecular;
Retos, logros y alcances*

Otorga la presente:

CONSTANCIA

A: Mirna Isabel Ochoa Lugo

Por la presentación de la ponencia:

“Aspectos Tafonómicos en diferentes ambientes que intervienen en la degradación del DNA Antiguo”

México, D.F. a 24 de Febrero de 2015



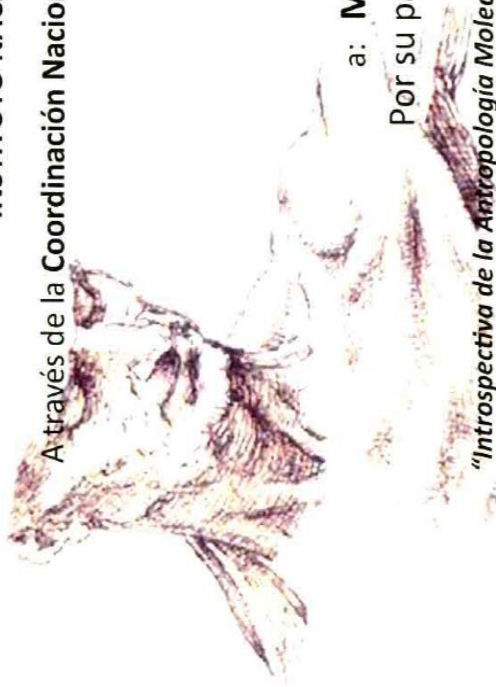
Mtro. Jose Antonio Pompa y Padilla
Director de la Dirección de Antropología Física

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario

Mtro. Adrian Martinez Meza
Coordinador del Seminario

INSTITUTO NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA E HISTORIA

A través de la Coordinación Nacional de Antropología y la Dirección de Antropología Física



Otorgan la presente

Constancia

a: **Mirna Isabel Ochoa Lugo**

Por su participación con la ponencia

“Introspectiva de la Antropología Molecular: reflexiones del Seminario de Antropología Molecular; retos, logros y alcances 2014”

Dentro del XXI Coloquio de los Seminarios permanentes de la Dirección de Antropología Física el cual se llevó a cabo del 11 al 14 de Noviembre de 2014 en el Museo Nacional de Antropología

Mtro.: **José Antonio Pompa y Padilla**

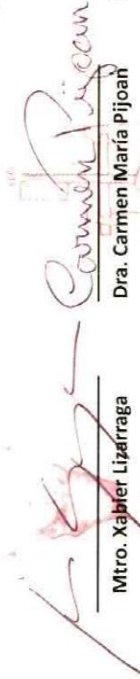
Director de Antropología Física



Mtro. **Xabier Lizarraga**

Cruchaga

Seminario de Antropología del
Comportamiento



Dra. **Carmen María Pijoan**

Aguade

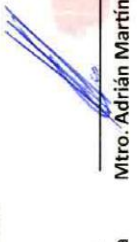
Seminario-Taller Alteraciones
Tafonomías en hueso



Dra. **Martha Rebeca Herrera**

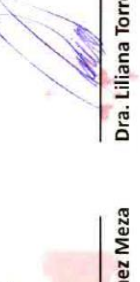
Bautista

Seminario Antropología de la
Violencia



Mtro. **Adrián Martínez Meza**

Seminario de Antropología
Molecular



Dra. **Liliana Torres Sanders**

Seminario de estudios de
Antropología Forense en
Poblaciones Infantiles Mexicanas





La Dirección de Antropología Física DAF-INAH
Laboratorio 1 del Depto. De Genética y Biología Molecular CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: **Mirna Isabel Ochoa Lugo**

por haber concluido satisfactoriamente 20 hrs del

III SEMINARIO DE ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

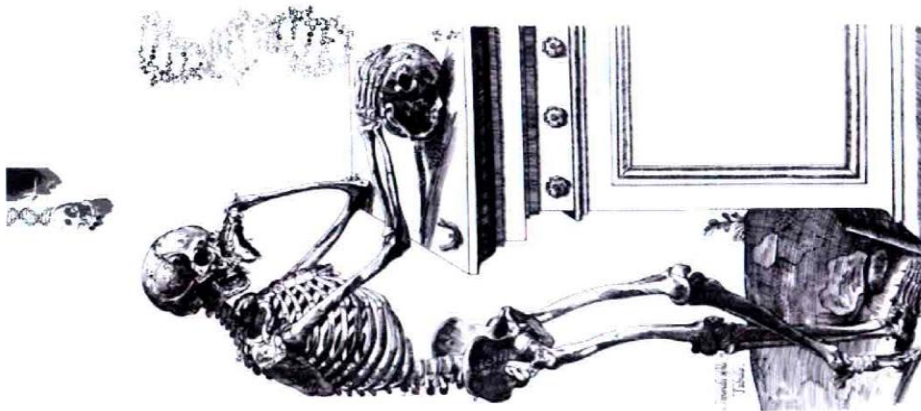
Retos, Logros y Alcances

del 25 de febrero al 25 de noviembre de 2014
México, D.F.

Mtro. Adrián Martínez Moya
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

Dr. Mirna de Landa Moya
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

A. F. María Celis de Bonal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH





La Dirección de Antropología Física DAF-INAH
Laboratorio 1 del Depto. De Genética y Biología Molecular CINVESTAV-IPN

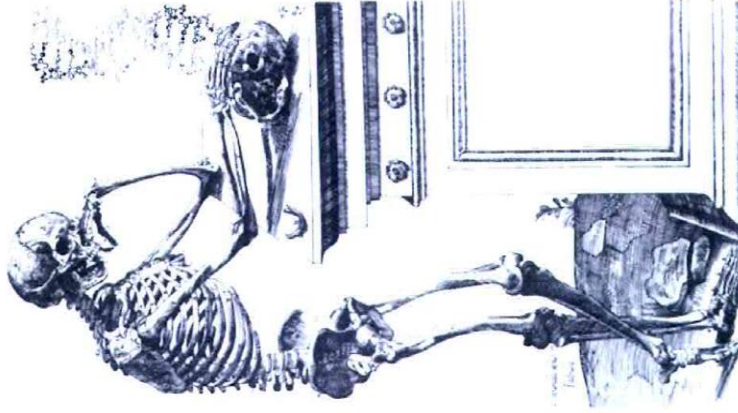
Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: *Mirna Isabel Oshea Lago*

por haber presentado la ponencia:

La genética de los restos óseos de personajes históricos

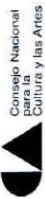


III SEMINARIO DE ANTROPOLOGÍA MOLECULAR Retos, Logros y Alcances México, D.F. a 24 de junio de 2014

Mtro. José A. Pompa y Padilla
Director de la DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH



La Dirección de Antropología Física DAF-INAH
Laboratorio 1 del Depto. De Genética y Biología Molecular CINVESTAV-IPN

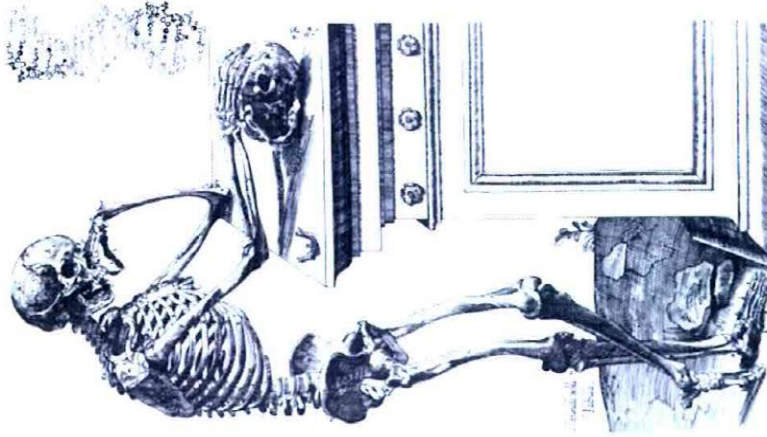
Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: *Mirna Isabel Ochoa Lugo*

por la presentación de la ponencia:

*"Relación genética entre las etnias Maya prehispanicas
y contemporaneas"*



III SEMINARIO DE ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México, D.F. a 25 de marzo de 2014

Mtro. José A. Pompa y Padilla
Director de la DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH



La Dirección de Antropología Física DAF-INAH
Laboratorio 1 del Depto. De Genética y Biología Molecular CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: *Mirna Isabel Ochoa Lugo*

por la presentación de la ponencia:

“Aplicación de la Ciencias genómicas y su impacto para la Antropología en México ”

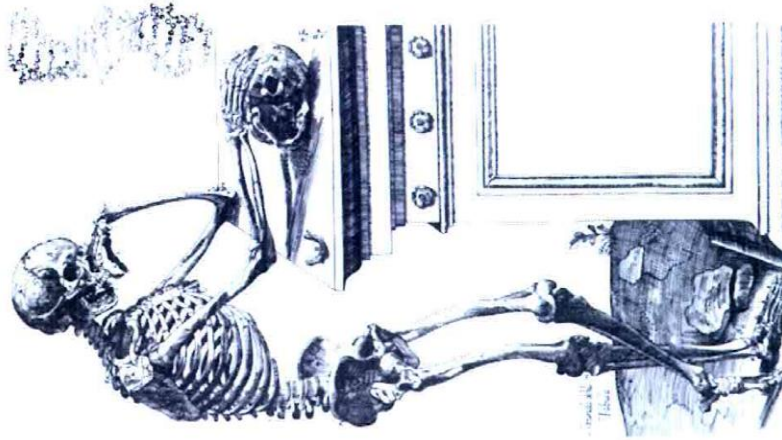
III SEMINARIO DE ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México, D.F. a 25 de febrero de 2014

Mtro. José A. Pompa y Padilla
Director de la DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN



Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

INSTITUTO NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA E HISTORIA
A TRAVÉS DE LA COORDINACIÓN NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA Y DE LA

DIRECCIÓN DE ANTROPOLOGÍA FÍSICA

OTORGA LA PRESENTE

CONSTANCIA

A: *Mirna Isabel Ochoa Lugo*

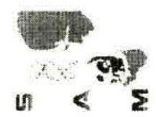
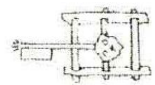
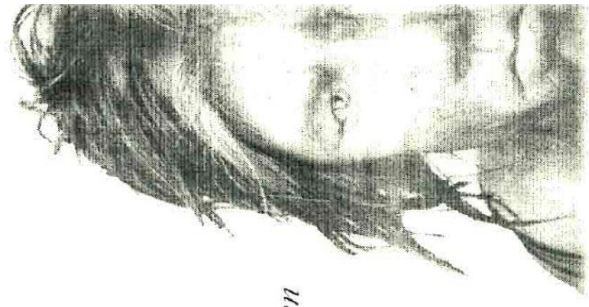
POR PRESENTAR LA PONENCIA TITULADA:

"Relación de SNPs nucleares y mitocondriales asociados a Diabetes tipo 2 en poblaciones prehispánicas mexicanas"

XX COLOQUIO INTERNACIONAL DE SEMINARIOS PERMANENTES DE LA DIRECCIÓN DE ANTROPOLOGÍA FÍSICA

México D.F. A 6 noviembre 2013

Mtro. José Antonio Pompa y Padilla
DIRECTOR DE ANTROPOLOGÍA FÍSICA



ORGANIZADORAS Y COORDINADORAS DE LOS SEMINARIOS

Mtra. Virginia Lizabariaga Truchiqui
SEMINARIO ANTROPOLOGÍA DEL COMPORTAMIENTO

Carmen Pijoan
Dra. Carmen Mabel Pijoan Aguado
SEMINARIO TALLER ALTERACIONES TAPONAMIENTOS EN HUESO

Harubeg
Dra. Martha Rebeca Herrera Bautista
SEMINARIO ANTROPOLOGÍA DE LA VEJEZ

Mtra. Adrian Martinez Meza
SEMINARIO ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

DAF-INAH
Laboratorio 1 del Depto. De Genética y Biología Molecular
CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: *Mirna Isabel Ochoa Lugo*

por la presentación de la ponencia:

*"Marcadores moleculares asociados a la Diabetes en poblaciones
prehispánicas".*



II SEMINARIO ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México, D.F. a 29 de octubre de 2013



Mtro. José A. Pampa y Padilla
Director de la DAF-INAH



Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN



Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH



Cinvestav

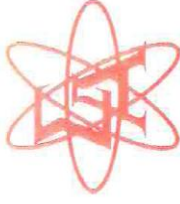
Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N.

Departamento de Química

y

Sigma Aldrich Química

otorgan la presente



Constancia

a

Mirna Isabel Ochoa Lugo

por su asistencia al

V Simposio Cinvestav / Sigma-Aldrich

de

AgroTech: Soluciones Químicas y Biológicas y para un mejor campo

15 y 16 de Mayo de 2013

México, D.F.

Dr. Eusebio Juaristi

Jefe del Departamento de Química

Cinvestav-IPN

Cinvestav-IPN

SIGMA-ALDRICH

Dirección de Antropología Física del INAH
DAF-INAH
Laboratorio 1 del Depto. De Genética y Biología Molecular
CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: *Mirna Isabel Ochoa Lugo*

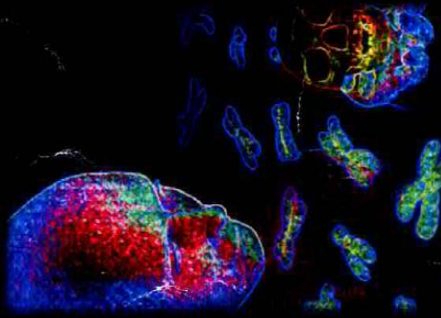
por la presentación de la ponencia:

"La genética de poblaciones y su relación con
las migraciones de poblaciones contemporáneas
y prehispánicas"

II SEMINARIO ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México D. F. a 30 de abril del 2013



Mtro. José A. Pompa y Padilla
Director de la DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH



Cinvestav

Dirección de Antropología Física del INAH

DAF-INAH

Laboratorio 1 del Depto. de Genética y Biología Molecular
CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: Ochoa Lugo Mirna Isabel.

por su asistencia al seminario:

ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México D. F. a 30 de octubre del 2012.

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

A.F. Janet Bastida Bernal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH

50 Aniversario



Cinvestav

El Departamento de Bioquímica, en el marco de su 50 aniversario
Organiza la siguiente

CONSTANCIA

A Mirna Isabel Ochoa Lugo

Por su asistencia al Simposio

Bioquímica de la Resistencia a la Insulina
y Diabetes 2012 (BIRD2012)

Octubre 5, 2012

Auditorio de Usos Múltiples de la Biblioteca del Cinvestav

Con duración de 8 hrs.

Dr. Agustín Guerrero Hernández
Jefe del Departamento

Dr. J. Alberto Olivares Reyes
Coordinador Académico





Instituto Nacional
de Antropología
e Historia



Cinvestav

Dirección de Antropología Física del INAH
DAF-INAH

Laboratorio 1 del Depto. de Genética y Biología Molecular
CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: Ochoa Lugo Mirna Isabel.

por su asistencia al seminario:

ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México D. F. a 25 de septiembre del 2012.

Miro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

A.F. Janet Bastida Bernal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH



Instituto Nacional
de Antropología
e Historia



Cinvestav

Dirección de Antropología Física del INAH
DAF-INAH

Laboratorio 1 del Depto. de Genética y Biología Molecular
CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: Ochoa Lugo Mirna Isabel

por su asistencia al seminario:

ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances
México D. F. a 28 de agosto del 2012.

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

A.F. Janet Bastida Bernal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH



Instituto Nacional
de Antropología
e Historia



Cinvestav

Dirección de Antropología Física del INAH

DAF-INAH

Laboratorio 1 del Depto. de Genética y Biología Molecular

CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: Ochoa Lugo Mirna Isabel

por su asistencia al seminario:

ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México D. F. a 31 de julio del 2012.

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

A.F. Janet Bastida Bernal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH



Instituto Nacional
de Antropología
e Historia



Cinvestav

Dirección de Antropología Física del INAH

DAF-INAH

Laboratorio 1 del Depto. de Genética y Biología Molecular

CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: **Mirna Isabel Ochoa Lugo.**

por su asistencia al seminario:

ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México D. F. a 24 de abril del 2012

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

A.F. Janet Bastida Bernal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH



Instituto Nacional
de Antropología
e Historia



Cinvestav

Dirección de Antropología Física del INAH

DAF-INAH

Laboratorio 1 del Depto. de Genética y Biología Molecular
CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: Mirna Isabel Ochoa Lugo.

por su asistencia al seminario:

ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México D. F. a 27 de marzo del 2012

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

A.F. Janet Bastida Bernal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH



Instituto Nacional
de Antropología
e Historia



Cinvestav

Dirección de Antropología Física del INAH
DAF-INAH

Laboratorio 1 del Depto. de Genética y Biología Molecular
CINVESTAV-IPN

Otorgan la presente

CONSTANCIA

a: **Mirna Isabel Ochoa Lugo.**

por su asistencia al seminario:

ANTROPOLOGÍA MOLECULAR

Retos, Logros y Alcances

México D. F. a 28 de febrero del 2012

Mtro. Adrián Martínez Meza
Coordinador del Seminario
DAF-INAH

Dra. María de Lourdes Muñoz
Coordinadora del Seminario
CINVESTAV-IPN

A.F. Janet Bastida Bernal
Coordinadora del Seminario
DAF-INAH

