

# CONSIDERACIONES ÉTICAS EN EL ESTUDIO GENÉTICO DE ESQUELETOS HUMANOS ANTIGUOS \*

## ETHICAL CONSIDERATIONS IN THE GENETIC STUDY OF ARCHAEOLOGICAL HUMAN REMAINS

María Teresa Navarro Romero<sup>a</sup>

<sup>a</sup> *Instituto Nacional de Medicina Genómica. mnavarro@inmegen.edu.mx*

### RESUMEN

Este artículo aborda las consideraciones éticas asociadas al estudio genético de restos óseos antiguos en investigaciones genéticas, antropológicas y arqueológicas. Los avances tecnológicos han permitido recuperar material genético degradado, gracias a lo cual se ha ampliado el conocimiento sobre la evolución humana, las migraciones y la historia de enfermedades. No obstante, estos progresos científicos también plantean dilemas éticos complejos, especialmente en el manejo de restos humanos. En este sentido, la investigación examina el impacto del uso de técnicas moleculares en todas sus etapas: muestreo, procesamiento, análisis e interpretación de resultados, con el propósito de reflexionar sobre las implicaciones éticas y sociales que conlleva su aplicación. El objetivo principal es proponer lineamientos que promuevan una práctica científica responsable en el campo de la paleogenómica. Estos lineamientos contemplan la obtención, custodia, manejo y análisis de ADN antiguo recuperado de restos óseos, el acceso responsable a los datos genéticos, la promoción de colaboraciones interdisciplinarias y la adecuada disposición de material óseo disponible. En conjunto, se plantea un marco ético orientado a impulsar investigaciones inclusivas, responsables y respetuosas del patrimonio biocultural.

**PALABRAS CLAVE:** ADN antiguo, paleogenómica, bioarqueología, ética, bioética.

- \* Investigación realizada en la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Programa de Becas Posdoctorales en la UNAM, como becaria del Instituto de Investigaciones Antropológicas, asesorado por el doctor Carlos Serrano Sánchez.

*Estudios de Antropología Biológica*, XXIII-2: x-x, México, 2025.

DOI: 10.22201/ia.14055066p.2025.92291

ISSN: 1405-5066, eISSN en trámite. Éste es un artículo Open Access bajo la licencia CC-BY-NC4.0

DEED (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

### ABSTRACT

The article explores the ethical considerations associated with the genetic study of ancient human skeletal remains in genetic, archeological, and anthropological research. Technological advancements have made it possible to recover degraded genetic material, expanding our understanding of human evolution, migrations, and the history of diseases. Nevertheless, these scientific developments also raise complex ethical dilemmas, particularly regarding the handling of human remains. In this context, the study examines the impact of molecular techniques at every stage, including sampling, processing, genetic analysis, and the interpretation of results with the primary aim of reflecting on the ethical and social implications of their application. The main objective is to propose guidelines that promote responsible scientific practices in paleogenomics. These guidelines encompass the collection, custody, handling, and analysis of ancient DNA recovered from skeletal remains, responsible access to genetic data, the promotion of interdisciplinary collaborations, and the proper management and disposition of available skeletal material. The article outlines an ethical framework aimed at fostering inclusive, and responsible research that respects biocultural heritage.

**KEYWORDS:** Ancient DNA, paleogenomics, bioarchaeology, ethics, bioethics..

### INTRODUCCIÓN

Este artículo analiza las principales consideraciones éticas que deben orientar el estudio genético de restos óseos humanos antiguos, con énfasis en la importancia de una práctica científica responsable, transparente y culturalmente sensible. Se abordan temas como la custodia de los restos humanos, la reflexión sobre su uso en investigación, el acceso a los datos, el procesamiento con técnicas moleculares, la formación de recursos humanos para proyectos interdisciplinarios y el papel tanto de las comunidades indígenas actuales como de sus ancestros. En un contexto global donde el diálogo entre ciencia y sociedad adquiere cada vez más relevancia, estas reflexiones resultan fundamentales para implementar los lineamientos éticos en paleogenómica.

En las últimas décadas, el estudio del ADN antiguo (ADNA) ha tenido un impacto decisivo en disciplinas como la arqueología, la antropología y la genética, pues ha conseguido transformar la comprensión de la historia evolutiva y biocultural de las poblaciones humanas. A través del análisis genético de restos óseos, se han podido reconstruir procesos históricos

como migraciones, interacciones poblacionales, patrones de parentesco, estructuras sociales y evolución de enfermedades infecciosas (Hofreiter *et al.* 2015). En este marco, el material genético de poblaciones prehispánicas constituye un patrimonio tangible e intangible de gran relevancia nacional.

El ADNA se refiere al material genético extraído de huesos, dientes, tejidos, pelo o sedimentos pertenecientes a organismos que vivieron en el pasado y se caracteriza por estar altamente fragmentado, dañado y en baja concentración debido a los procesos químicos *post mortem* (Chen y Nedoluzhko 2023; Orlando *et al.* 2015). Las primeras investigaciones relacionadas con el ADNA se iniciaron en 1984, cuando se logró aislar y secuenciar un fragmento corto de ADN a partir del músculo seco de un ejemplar *Equus quagga*, ancestro del caballo, procedente de Sudáfrica (Dalal *et al.* 2023; Higuchi *et al.* 1984). Un segundo avance importante se produjo en 1985, cuando se recuperó ADN de una momia egipcia con una antigüedad de 2 430 años (Pääbo 1985). Estos avances fueron posibles gracias al uso de técnicas moleculares, como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), que permite amplificar múltiples copias de fragmentos de ADN para su análisis (Key *et al.* 2017). En el año 2010 se secuenció por primera vez el genoma completo de un neandertal mediante tecnología de secuenciación de nueva generación (NGS, por sus siglas en inglés), lo que representó un avance significativo en el estudio de ADNA y marcó el surgimiento de la paleogenómica (Chen y Nedoluzhko 2023; Hofreiter *et al.* 2015).

La paleogenómica es considerada como una subdisciplina de la genómica que se dedica al estudio del ADNA, con el objetivo de reconstruir parcial o completamente los genomas de organismos extintos o de poblaciones humanas del pasado. Esto ha permitido analizar su evolución genética, relaciones filogenéticas, patrones demográficos, adaptaciones moleculares y procesos de coevolución con patógenos (Brunson y Reich 2019; Key *et al.* 2017; Liu *et al.* 2022).

No obstante, junto con estos avances, el estudio genético de esqueletos humanos antiguos ha suscitado debates éticos cada vez más relevantes. A diferencia de otros tipos de material arqueológico, los esqueletos humanos representan a individuos que formaron parte de sociedades con creencias, costumbres y vínculos sociales específicos. Su manipulación, en particular cuando implica procedimientos destructivos necesarios para la extracción de ADN, plantea interrogantes sobre el respeto y la dignidad de los restos. Además, la interpretación, publicación y difusión de resultados genéticos

puede tener implicaciones sensibles, como la construcción de narrativas históricas, la reafirmación o cuestionamiento de identidades étnicas y la relación entre la ciencia y las comunidades indígenas (Ávila-Arcos *et al.* 2023; Chen y Nedoluzhko 2023; Slatkin y Racimo 2016).

En este sentido, el objetivo del artículo es situar en el centro del debate las consideraciones éticas que deben acompañar a la investigación en paleogenómica, así como analizar y describir los lineamientos éticos que deben seguir los especialistas durante la obtención, manejo y análisis del ADN. Asimismo, se busca identificar las problemáticas que enfrentan en la interacción interdisciplinaria con áreas como arqueología y antropología, además de exponer los requisitos y procedimientos necesarios para la obtención de permisos y autorizaciones ante los comités y consejos reguladores correspondientes.

#### ADN ANTIGUO EN EL MUNDO

Los estudios de ADN han transformado la comprensión de la historia humana a nivel global. En Europa, la secuenciación del genoma completo de un neandertal evidenció eventos de hibridación con humanos modernos (Green *et al.* 2010), mientras que el descubrimiento del homínido de Denisova reveló su relación genética con este grupo y poblaciones del sudeste asiático y Oceanía (Meyer *et al.* 2012; Reich *et al.* 2011). El análisis de más de mil genomas antiguos ha demostrado que las poblaciones europeas actuales son el resultado de al menos tres grandes oleadas migratorias: los cazadores-recolectores mesolíticos, los agricultores neolíticos provenientes de Anatolia y los pastores de las estepas euroasiáticas vinculados a la cultura Yamnaya, responsables de la expansión de las lenguas indoeuropeas (Haak *et al.*, 2015; Lazaridis *et al.*, 2014).

En Asia, particularmente en China, se han secuenciado genomas de restos humanos con más de 7 000 años de antigüedad, los cuales revelan una continuidad genética parcial entre poblaciones neolíticas del norte y las actuales del este asiático (Yang *et al.* 2020). Por su parte, en el sur de Asia se identificó una mezcla de componentes ancestrales locales, iraníes y de las estepas (Narasimhan *et al.* 2019). En el sur de África, el análisis de un individuo de hace 2 000 años mostró una divergencia temprana entre las poblaciones humanas modernas (Schlebusch *et al.* 2017), así

como evidencia de flujo genético desde Eurasia en el individuo Mota de ~4500 años de antigüedad (Gallego Llorente *et al.* 2015).

En América, el análisis de ADN mitocondrial (ADNmt) proveniente de coprolitos (~14000 años) apoyó la hipótesis de la ruta costera del Pacífico (Gilbert *et al.* 2008), mientras que el genoma de un infante Clovis (~12600 años) mostró continuidad genética con pueblos indígenas actuales (Rasmussen *et al.* 2014); estudios en Brasil y Perú (~10000 años) revelaron migraciones internas y una estructura poblacional compleja (Nakatsuka *et al.* 2020; Posth *et al.* 2018).

En Oceanía, los primeros humanos modernos llegaron a Sahul (~50000 años). El análisis del genoma de un individuo aborigen australiano de 4000 años mostró una marcada continuidad genética que indicaría que los aborígenes actuales descienden directamente de esos primeros pobladores (Malaspina *et al.* 2016). Por otro lado, estudios en las islas Bismarck y Vanuatu revelaron que las primeras poblaciones austronesias que llegaron al Pacífico Sur (~3000 años) tenían ascendencia casi exclusivamente asiática, sin aporte papú (Lipson *et al.*, 2018; Skoglund *et al.* 2016), sin embargo, genomas posteriores evidencian un mestizaje progresivo entre austronesios y poblaciones papúes, proceso que configuró la diversidad genética en el Pacífico.

#### ADN ANTIGUO EN MESOAMÉRICA

El estudio de ADN en Mesoamérica revela una notable diversidad genética, continuidad poblacional y extensas interacciones regionales, información clave para comprender movilidad, organización social y contactos interregionales en las sociedades prehispánicas.

El análisis del ADNmt y nuclear muestra diversidad genética, continuidad poblacional e interacción regional, lo que desafía las narrativas tradicionales sobre el aislamiento o el reemplazo demográfico (Ávila-Arcos *et al.* 2023; González-Oliver *et al.* 2001; Llamas *et al.* 2016; Navarro-Romero *et al.* 2021; Ochoa-Lugo *et al.* 2016). Los haplogrupos maternos A2, B2 y C1 se han identificado con mayor frecuencia en sitios mesoamericanos, mientras que el D1 aparece con menor frecuencia. Esta diversidad genética se ha observado desde el periodo Arcaico hasta el Colonial (Aguirre-Samudio *et al.* 2017; Álvarez-Sandoval *et al.* 2015; Morales-Arce *et al.* 2017, 2019; Murray *et al.* 2025).

## CONTRIBUCIONES EN LA PALEOGENÓMICA

La paleogenómica es un campo interdisciplinario que integra la paleontología, arqueología, antropología, genética y biología molecular para estudiar el ADN, (Serrano *et al.* 2021; Slatkin y Racimo 2016). Debido al avance de esta disciplina, ha sido posible identificar procesos de migración y reemplazos poblacionales, como la sustitución de cazadores-recolectores por agricultores en el Neolítico europeo (Haak *et al.* 2015), así como los múltiples orígenes de los primeros habitantes de América (Dalén *et al.* 2023; Rasmussen *et al.* 2014).

En evolución humana, ha permitido reconstruir linajes de homínidos (Farhud 2023; Meyer *et al.* 2012), y en poblaciones prehispánicas de América del Norte, Centro y Sur se ha identificado la dispersión desde Beringia y diversas adaptaciones locales (Moreno-Mayar *et al.* 2018; Navarro-Romero *et al.* 2024; Nieves-Colón *et al.* 2021; Posth *et al.* 2018).

En paleopatología, desde la década de 1990, la aplicación de métodos paleogenéticos al estudio del ADN microbiano, junto con el uso de técnicas avanzadas de secuenciación masiva (Higuchi *et al.* 1984; Pääbo 1985), ha permitido analizar la evolución de las interacciones entre los patógenos y sus huéspedes humanos (Childebayeva y Zavala 2023; Danielewski *et al.* 2023). El uso de NGS ha facilitado la reconstrucción de genomas antiguos de *Mycobacterium tuberculosis* para revelar aspectos de su evolución, dispersión geográfica y virulencia (Bos *et al.* 2014; Kay *et al.* 2015; Bi *et al.* 2022; Bos *et al.* 2014; Donoghue 2017). Del mismo modo, el estudio de *M. leprae* ha permitido rastrear su diversidad genética y rutas de dispersión desde Asia hacia Europa y África durante la Edad Media (Schuenemann *et al.* 2013, 2018; Dwivedi *et al.* 2024). El análisis de *Yersinia pestis*, agente causal de la peste negra, ha demostrado la existencia de múltiples linajes y focos de dispersión en Eurasia (Bos *et al.* 2011; Spyrou *et al.* 2016, 2019). En el caso de *Treponema pallidum*, causante de la sífilis y otras treponemosis, la recuperación de genomas completos europeos de los siglos xv y xvi, junto con los linajes precolombinos, respalda un posible origen americano de la infección (Majander *et al.* 2020, Furtwängler *et al.* 2020; Malyarchuk *et al.* 2022; Barquera *et al.* 2025; Schuenemann *et al.* 2018).

La paleogenómica también ha enriquecido el conocimiento sobre especies animales domesticadas, como caballos (Librado *et al.* 2021), perros (Frantz *et al.* 2016) y el mamut lanudo (Palkopoulou *et al.* 2015); esto ha

ampliado la comprensión de las interacciones entre humanos y fauna a lo largo del tiempo.

### ÉTICA EN EL USO DE ESQUELETOS ANTIGUOS

El análisis de ADN a partir de cuerpos esqueléticos humanos implica la intervención de material que posee un significado histórico, cultural y religioso (Sirak y Sedig 2019). Estos esqueletos corresponden a individuos que vivieron y murieron en contextos socioculturales específicos, por lo que su estudio puede incidir en la memoria colectiva y en los derechos de sus posibles descendientes (Kowal *et al.* 2023). La información genética obtenida relacionada con el origen, el parentesco o la presencia de enfermedades pueden tener implicaciones sociales y políticas en el presente, especialmente si se divulga sin el conocimiento adecuado (Alpaslan-Roodenberg *et al.* 2021).

No obstante, es esencial fortalecer la investigación científica que respalde las teorías e hipótesis arqueológicas y antropológicas mediante evidencia molecular sólida. En la actualidad, los análisis de ADN enfrentan importantes limitaciones debido a la escasa cantidad de material óseo disponible, lo que exige una planeación rigurosa. Sin embargo, desde algunos enfoques antropológicos aún persiste la idea de que debe realizarse un único procedimiento de extracción para evitar un daño excesivo al resto óseo, sin considerar la necesidad de contar con réplicas experimentales. Esta falta de replicabilidad compromete la confiabilidad de los resultados y dificulta la construcción de interpretaciones bioculturales sólidas sobre las poblaciones del pasado.

Estas consideraciones evidencian la necesidad de establecer marcos éticos sólidos y protocolos de investigación que integren el conocimiento básico de los análisis moleculares, la cantidad de material óseo requerida para obtener resultados válidos por las distintas tecnologías, la planificación del uso de muestras destinadas a la estandarización de nuevos protocolos y la gestión del tiempo de llegada de insumos y reactivos. Es fundamental promover la capacitación de estudiantes de diversas áreas del conocimiento tanto sociales como biológicas, de modo que integren de manera asertiva sus conocimientos en proyectos multidisciplinarios. Finalmente, se requiere una reflexión crítica sobre las implicaciones científicas, culturales y sociales del trabajo paleogenético.

## PROBLEMAS ÉTICOS

El análisis de ADNA constituye una herramienta poderosa para la humanidad; sin embargo, esta práctica científica no es neutral ni está exenta de implicaciones éticas ( Fuente Castro y Figueiro 2025). La extracción de material genético a partir de esqueletos humanos arqueológicos con el uso de técnicas destructivas, como el corte del fragmentos óseos o dentales para su pulverización, implica decisiones que afectan no sólo en el ámbito académico, sino también en los planos simbólicos y culturales. Como se ha explicado, detrás de cada muestra existe una historia de vida, una muerte contextualizada y, en muchos casos, una comunidad descendiente que mantiene vínculos identitarios o religiosos con sus ancestros (Claw *et al.* 2018; Garrison *et al.* 2019; Squires *et al.* 2022).

Los datos obtenidos sobre origen biogeográfico, linajes, migraciones o enfermedades pueden influir en narrativas identitarias, procesos de reivindicación territorial o incluso ser objeto de apropiación ideológica. La publicación de resultados sin el debido contexto, sin participación activa de distintas áreas del conocimiento o sin un enfoque ético y colaborativo puede generar malentendidos, estigmatización o conflictos (Alpaslan-Roodenberg *et al.* 2021; Kowal *et al.* 2023).

En los ámbitos arqueológico y antropológico, uno de los principales dilemas éticos radica en la entrega limitada de material óseo para los estudios de ADNA. Frecuentemente, las instituciones responsables de su resguardo autorizan cantidades mínimas de muestra, pero a la vez exigen resultados concluyentes, sin considerar las necesidades técnicas y experimentales de los análisis moleculares. Esta falta de cooperación y comprensión sobre los requerimientos del trabajo paleogenético obstaculiza la obtención de datos reproducibles y la validación científica. A ello se suma la escasa disposición para destinar tiempo y recursos a la formación de estudiantes o especialistas provenientes de las disciplinas arqueológicas y antropológicas en los fundamentos de biología molecular, lo que limita la conformación de equipos verdaderamente interdisciplinarios. En conjunto, estos factores evidencian la necesidad de replantear las relaciones entre arqueología, antropología y genética y promover una colaboración más equitativa, informada y sustentada (Yáñez *et al.* 2023).

Otro desafío ético y operativo radica en la falta de una planificación integral que abarque desde la excavación hasta el análisis molecular. A

menudo, los protocolos de excavación y curación no contemplan normativas claras para el manejo de los restos óseos, lo que puede comprometer los resultados al favorecer la contaminación con ADN moderno. Además, no siempre se consideran los tiempos de liberación del presupuesto destinado a la adquisición de insumos y reactivos utilizados en biología molecular ni el periodo que tardan en llegar, lo cual genera retrasos y suele ser poco comprendido por disciplinas ajenas a estos procesos (Figueiro *et al.*, 2024). La inexistencia de lineamientos coordinados entre los ámbitos arqueológico, antropológico y genético evidencia la necesidad de desarrollar marcos éticos y logísticos que aseguren prácticas coherentes con las buenas prácticas de laboratorio.

Otro aspecto crítico es el acceso, control y uso de los datos genéticos. Las bases de datos científicas requieren que los genomas obtenidos sean depositados en bases de datos de acceso público. Si bien esta práctica promueve la transparencia y reproducibilidad, también abre la posibilidad de que los datos sean utilizados con fines no previstos.

Por último, el apropiamiento científico o académico representa una preocupación creciente en el campo de la paleogenómica. En numerosos casos, las muestras han sido extraídas y exportadas sin participación significativa de investigadores locales, con lo que se replican dinámicas históricas de extracción y exclusión. Este modelo no sólo vulnera principios de equidad, sino que también limita la generación de conocimiento contextualizado y culturalmente pertinente.

En conjunto, estos desafíos evidencian la necesidad de que el análisis de ADN se realice dentro de marcos éticos sólidos.

#### LINEAMIENTOS ÉTICOS APLICABLES

La investigación en ADN implica el manejo de restos humanos, lo que plantea desafíos éticos específicos relacionados con la conservación del patrimonio, la dignidad de los individuos y la integridad de los datos científicos. En este contexto, resulta fundamental establecer lineamientos éticos claros que orienten la obtención de muestras, su resguardo, análisis e interpretación, para garantizar prácticas responsables y respetuosas en todas las etapas de la investigación.

### *Respeto a los restos humanos*

El uso de restos humanos debe regirse por el principio fundamental de respeto a la dignidad, independientemente del tiempo transcurrido desde la muerte. Los restos de individuos antiguos deben tratarse con el mismo cuidado que los de personas recientemente fallecidas. Esta perspectiva reconoce que los restos humanos representan a personas que vivieron y que su manipulación en el laboratorio implica un acto consciente. Fomentar esta concientización mediante la inclusión de principios éticos en los programas de capacitación del personal resulta esencial para asegurar una práctica científica responsable y respetuosa.

Reducir los restos humanos a simples objetos de estudio implica desconocer su valor simbólico, cultural e histórico (Santos y Douglas 2020; TallBear 2013; Tamburrini *et al.* 2023). En el laboratorio se propone cuidar el lenguaje empleado para referirse a ellos, tanto oral como escrito, y adoptar una ética crítica que promueve enfoques capaces de reconocer a estos individuos como parte de una narrativa histórica viva y significativa para sus descendientes.

### *Comunidad indígena vinculada a los restos humanos*

La Declaración de las Naciones Unidas sobre los Derechos de los Pueblos Indígenas (2007) establece que las comunidades indígenas deben ser consultadas de manera libre, previa e informada respecto a cualquier investigación que afecte su patrimonio cultural o ancestral. En el contexto de los estudios de ADN, este principio implica la necesidad de obtener autorización comunitaria antes de analizar restos humanos con vínculos culturales o territoriales actuales (Claw *et al.* 2018). Se propone que la consulta y autorización sean gestionadas por el arqueólogo responsable del proyecto, quien tiene la obligación de explicar a la comunidad los objetivos, alcances y posibles implicaciones de la investigación. En caso de que se acuerde el retorno de los esqueletos óseos a la comunidad indígena, dicho compromiso debe cumplirse. Posteriormente, esta información debe integrarse al expediente del proyecto para su evaluación por los comités institucionales ante los cuales se someta la propuesta que incluya el análisis molecular.

### *Equidad en la investigación*

El acceso desigual a recursos tecnológicos y académicos ha dado lugar a situaciones de recolección no ética de datos genéticos, en las que algunos países se benefician de muestras obtenidas de otros con un rico patrimonio arqueológico sin ofrecer retribución ni reconocimiento adecuados (Reardon y TallBear 2012; Argüelles *et al.* 2022; Figueiro *et al.* 2024). Ante este escenario, resulta fundamental establecer colaboraciones horizontales que fomenten la capacitación local, participación en autorías y el retorno de beneficios científicos y educativos (Fleskes *et al.* 2022). Esto puede lograrse mediante la formalización de convenios de colaboración y el cumplimiento de los lineamientos establecidos por la institución responsable de los vestigios arqueológicos.

### *ADN antiguo desde una mirada integral*

La interpretación de los datos genéticos debe incorporar la información histórica, arqueológica, antropológica y cultural de las comunidades involucradas. Esto no sólo enriquece la interpretación de los resultados, sino que también valida diferentes formas de conocimiento y contribuye al desarrollo de una ciencia multidisciplinaria. Debido a esto, los proyectos de investigación deben contar con la aprobación de los comités institucionales, donde se evalúe tanto la composición multidisciplinaria del equipo como el enfoque interdisciplinario del estudio, con el fin de garantizar una interpretación adecuada de los resultados obtenidos. Asimismo, resulta fundamental integrar asignaturas que incluyan temas de ADN, conceptos básicos de biología molecular y bioinformática, enfocados en el análisis y estudio del ADN, en los planes de estudio de las universidades que forman arqueólogos o antropólogos; de no ser posible, se recomienda desarrollar capacitaciones teórico-prácticas para fortalecer la formación académica.

### *Muestreo responsable*

El análisis de ADN requiere pulverizar fragmentos óseos o dentales, por lo que se recomienda aplicar enfoques que reduzcan el daño físico a los restos. Dado que la conservación del patrimonio debe ser una prioridad, los estudios deben justificar científicamente la cantidad de muestra reque-

rida (Harney *et al.* 2021). Se sugiere realizar fotogrametría para generar modelos tridimensionales que permitan conservar un registro digital del fragmento óseo que será destruido. Asimismo, los arqueólogos o antropólogos deben prever a los laboratorios de material óseo suficiente para permitir la estandarización de los métodos, así como la realización de replicas técnicas y biológicas que validen los resultados obtenidos. De esta manera, se evita que la limitación en la cantidad de muestra comprometa la veracidad o reproducibilidad de los análisis. Asimismo, resulta fundamental desde la formación universitaria garantizar la transmisión de los cuidados mínimos necesarios para prevenir contaminación durante las etapas previas al envío de muestras al laboratorio donde serán procesadas.

### *Justificación científica*

Toda intervención destructiva debe fundamentarse en objetivos científicos sólidos, pertinentes y previamente evaluados por comités institucionales y especialistas interdisciplinarios. Esta exigencia contribuye a minimizar el uso innecesario de restos humanos en estudios redundantes o de escasa relevancia científica (Mays *et al.* 2013; Pääbo *et al.* 2004), así como a garantizar que los laboratorios reciban la cantidad de muestra necesaria para obtener resultados satisfactorios y reproducibles. Se recomienda elaborar protocolos de investigación que integren la normativa ética y de bioseguridad necesaria para trabajar con material óseo antiguo.

### *Acceso a la información*

La apertura de datos, siempre que se respeten los derechos culturales, favorece la verificación y reproducibilidad científica. Sin embargo, el acceso debe estar regulado por mecanismos que protejan la información sensible de los grupos involucrados, como los principios CARE (Collective Benefit, Authority to Control, Responsibility, Ethics) (Claw *et al.* 2018; Carroll *et al.* 2020; Hudson *et al.* 2020). En los convenios específicos de los proyectos relacionados con individuos antiguos debe establecerse claramente cómo se manejarán los datos genéticos obtenidos durante la investigación. En caso de que el alcance del proyecto se amplíe más allá de lo inicialmente propuesto, será necesario convocar a las distintas disciplinas involucradas

para deliberar y tomar, por consenso, la decisión que implique el menor riesgo o afectación posible para las comunidades indígenas actuales.

### *Divulgación responsable*

Los hallazgos genéticos no deben interpretarse de forma aislada, sino contextualizarse con la información arqueológica, histórica y lingüística disponible. Este enfoque interdisciplinario permite evitar interpretaciones simplistas sobre identidad, migración o pertenencia cultural (Pickrell y Reich 2014). Se promueve el respeto e integración de todas las áreas especializadas para producir interpretaciones más completas y éticamente fundamentadas.

Esta visión también es esencial en la difusión de los resultados, las cuales deben evitar narrativas que refuercen visiones racistas o deterministas del pasado. Una comunicación científica responsable implica reconocer el impacto que estos hallazgos puedan tener en la percepción pública de determinados grupos humanos (Fuentes 2019; TallBear 2013). Por ello, la divulgación de los resultados debe realizarse de acuerdo con la información consensuada entre las áreas involucradas y con el crédito correspondiente (Menéndez *et al.* 2025). En el caso de proyectos interdisciplinarios, esta responsabilidad incluye mencionar explícitamente la colaboración institucional y la participación de cada disciplina, de modo de reforzar la transparencia y la integridad del trabajo científico.

## MARCO JURÍDICO Y ÉTICO

### *LFMZAAH*

El análisis genético de restos humanos antiguos en México está estrechamente vinculado al marco jurídico que regula el patrimonio arqueológico, especialmente la *Ley Federal sobre Monumentos y Zonas Arqueológicas, Artísticas e Históricas* (LFMZAAH). Esta ley establece que todos los vestigios prehispánicos, incluidos los restos humanos, son propiedad de la Nación y asigna al Estado la responsabilidad de garantizar su conservación y un manejo ético y no lucrativo.

Sin embargo, su aplicación revela tensiones prácticas. La paleogenómica, al requerir la extracción destructiva de muestras óseas, entra en

conflicto con los principios de conservación arqueológica y con criterios variables entre disciplinas e instituciones. Estas dinámicas pueden limitar la disponibilidad de muestras, dificultar la replicación científica o generar fricciones derivadas de procesos administrativos percibidos como lentos o poco claros.

Más allá del cumplimiento formal de permisos y dictámenes, la LFMZAAH plantea preguntas fundamentales sobre quién tiene autoridad para decidir sobre los restos humanos antiguos y con qué objetivos. Por ello, cualquier proyecto de análisis genético debe considerar esta ley como un eje rector.

#### *Normatividad para el manejo de restos óseos*

Los *Lineamientos generales para el manejo, destino y depósito de monumentos arqueológicos muebles* son esenciales en investigaciones paleogenómicas con análisis destructivo, pues establecen un marco que prioriza la preservación del patrimonio y exige criterios científicos transparentes. Al requerir conservación y trazabilidad en el manejo de los restos, promueven un diálogo interdisciplinario equilibrado y fortalecen la corresponsabilidad entre arqueología, bioantropología y genética. No obstante, también evidencian tensiones entre la obtención de datos genómicos y la conservación material de los restos, ya que la paleogenómica implica la destrucción parcial de muestras. Aunque los lineamientos buscan minimizar el impacto mediante muestreos reducidos y documentación rigurosa, su implementación ha generado dinámicas restrictivas, como retiros injustificados de muestras que afectan la colaboración y perjudican el trabajo de laboratorios especializados, lo cual limita la continuidad y calidad de las investigaciones.

#### CONCLUSIONES

El estudio genético de esqueletos humanos antiguos constituye una herramienta poderosa para comprender el pasado biológico, social y cultural de las poblaciones. Sin embargo, este tipo de investigación conlleva importantes responsabilidades éticas que deben ser abordadas con rigor y sensibilidad. La obtención, procesamiento, análisis e interpretación de los resultados deben realizarse dentro de un marco que respete la dignidad

de los individuos estudiados, considere los derechos e intereses de las comunidades indígenas contemporáneas vinculadas y minimice el daño al patrimonio arqueológico. Es fundamental garantizar la transparencia en los procesos de toma de decisiones, revisión por comités institucionales y comunicación responsable de los hallazgos. El análisis de restos óseos con técnicas moleculares debe ser aprobado por una institución que regule la investigación del patrimonio. En México, esta función corresponde al Consejo de Arqueología del Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH). Sólo mediante un enfoque ético e interdisciplinario es posible avanzar hacia una ciencia reflexiva y socialmente comprometida.

## REFERENCIAS

AGUIRRE-SAMUDIO, A. J., B. Z. GONZÁLEZ-SOBRINO, B. A. ÁLVAREZ-SANDOVAL, R. MONTIEL, C. SERRANO-SÁNCHEZ Y A. MEZA-PEÑALOZA

2017 Genetic History of Classic Period Teotihuacan Burials in Central Mexico. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 19 (1). <<https://doi.org/10.17139/raab.2017.0019.01.02>>.

ALPASLAN-ROODENBERG, S., D. ANTHONY, H. BABIKER, E. BÁNFFY, T. BOOTH, P. CAPONE, A. DESHPANDE-MUKHERJEE, S. EISENMANN, L. FEHREN-SCHMITZ, M. FRACHETTI, R. FUJITA, C. J. FRIEMAN, Q. FU, V. GIBBON, W. HAAK, M. HAJDINJAK, K. P. HOFMANN, B. HOLGUIN, T. INOMATA, H. KANZAWA-KIRIYAMA, W. KEEGAN, J. KELSO, J. KRAUSE, G. KUMARESAN, C. KUSIMBA, S. KUSIMBA, C. LALUEZA-FOX, B. LLAMAS, S. MAC EACHERN, S. MALLICK, H. MATSUMURA, A. Y. MORALES-ARCE, G. M. MATUZEVICIUTE, V. MUSHRIF-TRIPATHY, N. NAKATSUKA, R. NORES, C. OGOLA, M. OKUMURA, N. PATTERSON, R. PINHASI, S. P. R. PRASAD, M. E. PRENDERGAST, J. L. PUNZO, D. REICH, R. SAWAFUJI, E. SAWCHUK, S. SCHIFFELS, J. SEDIG, S. SHNAIDER, K. SIRAK, P. SKOGLUND, V. SLON, M. SNOW, M. SORESSI, M. SPRIGGS, P. W. STOCKHAMMER, A. SZÉCSÉNYI-NAGY, K. THANGARAJ, V. TIESLER, R. TOBLER, C.-C. WANG, C. WARINNER, S. YASAWARDENE Y M. ZAHIR

2021 Ethics of DNA research on human remains: Five globally applicable guidelines. *Nature*, 599(7883): 41-46. <<https://doi.org/10.1038/s41586-021-04008-x>>.

ÁLVAREZ-SANDOVAL, B. A., L. R. MANZANILLA, M. GONZÁLEZ-RUIZ, A. MALGOSA Y R. MONTIEL

- 2015 Genetic Evidence Supports the Multiethnic Character of Teopancasco, a Neighborhood Center of Teotihuacan, Mexico (AD 200-600). *PLoS One*, 10(7): e0132371. <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0132371>>.

ARGÜELLES, J. M., A. FUENTES Y B. YÁÑEZ

- 2022 Analyzing asymmetries and praxis in adna research: A bioanthropological critique. *American Anthropologist*, 124(1): 130-140. <<https://doi.org/10.1111/aman.13692>>.

ÁVILA-ARCOS, M. C., M. RAGHAVANY C. SCHLEBUSCH

- 2023 Going local with ancient DNA: A review of human histories from regional perspectives. *Science*, 382(6666): 53-58. <<https://doi.org/10.1126/science.adh8140>>.

BARQUERA, R., T. L. SITTER, C. L. KIRKPATRICK, D. A. RAMIREZ, A. KOCHER, M. A. SPYROU, L. R. COUOH, J. A. TALAVERA-GONZÁLEZ, M. CASTRO, T. VON HUNNIUS, E. K. GUEVARA, W. D. HAMILTON, P. ROBERTS, E. SCOTT, M. FABRA, G. V. DA PEÑA, A. PACHECO, M. RODRIGUEZ, E. ASPILLAGA, A. TILIAKOU, E. A. NELSON, K. L. GIFFIN, R. A. BIANCO, A. B. ROHRLACH, M. Á. GARCÍA MARTÍNEZ, F. A. BALLESTEROS SOLÍS, A. SAJANTILA, S. R. SAUNDERS, R. NORES, A. HERBIG, J. KRAUSE Y K. I. BOS

- 2025 Ancient genomes reveal a deep history of *Treponema pallidum* in the Americas. *Nature*, 640(8057): 186-193. <<https://doi.org/10.1038/s41586-024-08515-5>>.

BI, K., D. CAO, C. DING, S. LU, H. LU, G. ZHANG, W. ZHANG, L. LI, K. XU, L. LI Y Y. ZHANG

- 2022 The past, present and future of tuberculosis treatment. *Zhejiang Da Xue Xue Bao. Yi Xue Ban = Journal of Zhejiang University. Medical Sciences*, 51(6): 657-668. <<https://doi.org/10.3724/zdxbyxb-2022-0454>>.

BOS, K. I., K. M. HARKINS, A. HERBIG, M. COSCOLLA, N. WEBER, I. COMAS, S. A. FORREST, J. M. BRYANT, S. R. HARRIS, V. J. SCHUENEMANN, T. J. CAMPBELL, K. MAJANDER, A. K., WILBUR, R. A. GUICHON, D. L. WOLFE STEADMAN, D. C. COOK,

- S. NIEMANN, M. A. BEHR, M. ZUMARRAGA, R. BASTIDA, D. HUSON, K. NIESELT, D. YOUNG, J. PARKHILL, J. E. BUIKSTRA, S. GAGNEUX, A. C. STONE Y J. KRAUSE  
2014 Pre-Columbian mycobacterial genomes reveal seals as a source of New World human tuberculosis. *Nature*, 514(7523): 494-497. <<https://doi.org/10.1038/nature13591>>.
- BOS, K. I., V. J. SCHUENEMANN, G. B. GOLDING, H. A. BURBANO, N. WAGLECHNER, B. K. COOMBS, J. B. MCPHEE, S. N. DEWITTE, M. MEYER, S. SCHMEDES, J. WOOD, D. J. D. EARN, D. A. HERRING, P. BAUER, H. N. POINAR Y J. KRAUSE  
2011 A draft genome of *Yersinia pestis* from victims of the Black Death. *Nature*, 478(7370): 506-510. <<https://doi.org/10.1038/nature10549>>.
- BRUNSON, K. Y D. REICH  
2019 The Promise of Paleogenomics Beyond Our Own Species. *Trends in Genetics*, 35(5): 319-329. <<https://doi.org/10.1016/j.tig.2019.02.006>>.
- CARROLL, S. R., I. GARBA, O. L. FIGUEROA-RODRÍGUEZ, J. HOLBROOK, R. LOVETT, S. MATERECHERA, M. PARSONS, K. RASEROKA, D. RODRIGUEZ-LONEBEAR, R. ROWE, R. SARA, J. D. WALKER, J. ANDERSON Y M. HUDSON  
2020 The CARE Principles for Indigenous Data Governance. *Data Science Journal*, 19(1). <<https://doi.org/10.5334/dsj-2020-043>>.
- CHEN, N. Y A. NEDOLUZHKO  
2023 Ancient DNA: The past for the future. *BMC Genomics*, 24(1): 309. <<https://doi.org/10.1186/s12864-023-09396-0>>.
- CHILDEBAYEVA, A. Y E. I. ZAVALA  
2023 Review: Computational analysis of human skeletal remains in ancient DNA and forensic genetics. *iScience*, 26(11): 108066. <<https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.108066>>.
- CLAW, K. G., M. Z. ANDERSON, R. L. BEGAY, K. S. TSOSIE, K. FOX Y N. A. GARRISON  
2018 A framework for enhancing ethical genomic research with Indigenous communities. *Nature Communications*, 9(1): 2957. <<https://doi.org/10.1038/s41467-018-05188-3>>.
- DALAL, V., N. PASUPULETI, G. CHAUBEY, N. RAI Y V. SHINDE  
2023 Advancements and Challenges in Ancient DNA Research: Bridging the Global North–South Divide. *Genes*, 14(2): 2. <<https://doi.org/10.3390/genes14020479>>.

- DALÉN, L., P. D. HEINTZMAN, J. D. KAPP Y B. SHAPIRO  
2023 Deep-time paleogenomics and the limits of DNA survival. *Science (New York)*, 382(6666): 48-53. <<https://doi.org/10.1126/science.adh7943>>.
- DANIELEWSKI, M., J. ŻURASZEK, A. ZIELIŃSKA, K.-H. HERZIG, R. SŁOMSKI, J. WALKOWIAK Y K. WIELGUS  
2023 Methodological Changes in the Field of Paleogenetics. *Genes*, 14(1): 1. <<https://doi.org/10.3390/genes14010234>>.
- DONOGHUE, H. D.  
2017 Insights gained from ancient biomolecules into past and present tuberculosis. A personal perspective. *International Journal of Infectious Diseases*, 56: 176-180. <<https://doi.org/10.1016/j.ijid.2016.11.413>>.
- DWIVEDI, P., M. SHARMA, A. ANSARI Y P. SINGH  
2024 Genetic diversity of *Mycobacterium leprae*: Need to move towards genome-wide approaches. *The Indian Journal of Medical Research*, 159(2): 121-129. <[https://doi.org/10.4103/ijmr.ijmr\\_2383\\_22](https://doi.org/10.4103/ijmr.ijmr_2383_22)>.
- FARHUD, D.  
2023 The 2022 Nobel Prize in Medicine for Paleogenomics Discovery the Genomes of Extinct Hominins and Human Evolution. *Iranian Journal of Public Health*, 52(1): i-iii. <<https://doi.org/10.18502/ijph.v52i1.11690>>.
- FIGUEIRO, G., L. P. MENÉNDEZ, B. YÁÑEZ, G. FIGUEIRO, L. P. MENÉNDEZ Y B. YÁÑEZ  
2024 Recalibrar las expectativas. Entrevista a María Nieves Colón (University of Minnesota, EEUU). *Revista Uruguaya de Antropología y Etnografía*, 9(2). <<https://doi.org/10.29112/ruae.v9i2.2431>>.
- FLESKES, R. E., A. C. BADER, K. S. TSOSIE, J. K. WAGNER, K. G. CLAW Y N. A. GARRISON  
2022 Ethical Guidance in Human Paleogenomics: New and Ongoing Perspectives. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 23: 627-652. <<https://doi.org/10.1146/annurev-genom-120621-090239>>.
- FRANTZ, L. A. F., V. E. MULLIN, M. PIONNIER-CAPITAN, O. LEBRASSEUR, M. OLLIVIER, A. PERRI, A. LINDERHOLM, V. MATTIANGELI, M. D. TEASDALE, E. A. DIMOPOULOS, A. TRESSET, M. DUFFRAISSE, F. MCCORMICK, L. BARTOSIEWICZ, E. GÁL, É. A. NYERGES, M. V. SABLIN, S. BRÉHARD, S., MASHKOUR, A. BĂLĂȘESCU,

B. GILLET, S. HUGHES, O. CHASSAING, C. HITTE, J.-D. VIGNE, K. DOBNEY, C. HÄNNI, D. G. BRADLEY Y G. LARSON

2016 Genomic and archaeological evidence suggest a dual origin of domestic dogs. *Science (New York)*, 352(6290): 1228-1231. <<https://doi.org/10.1126/science.aaf3161>>.

FUENTE CASTRO, C. DE LA Y G. FIGUEIRO

2025 Human ancient DNA analysis in Latin America: Current state and challenges. *Archaeometry*, 67(S2): S4-S26. <<https://doi.org/10.1111/arcm.12979>>.

FUENTES, A.

2019 *Why We Believe: Evolution and the Human Way of Being*. Yale University Press, New Haven. <<https://doi.org/10.2307/j.ctvnwbx97>>.

FURTWÄGLER, A., J. NEUKAMM, L. BÖHME, E. REITER, M. VOLLSTEDT, N. ARORA, P. SINGH, S. T. COLE, S. KNAUF, S. CALVIGNAC-SPENCER, B. KRAUSE-KYORA, J. KRAUSE, V. J. SCHUENEMANN Y A. HERBIG

2020 Comparison of target enrichment strategies for ancient pathogen DNA. *BioTechniques*, 69(6): 455-459. <<https://doi.org/10.2144/btn-2020-0100>>.

GALLEGO LORENTE, M., E. R. JONES, A. ERIKSSON, V. SISKA, K. W. ARTHUR, J. W., ARTHUR, M. C. CURTIS, J. T. STOCK, M. COLTORTI, P. PIERUCCINI, S. STRETTON, F. BROCK, T. HIGHAM, Y. PARK, M. HOFREITER, D. G. BRADLEY, J. BHAK, R. PINHASI Y A. MANICA

2015 Ancient Ethiopian genome reveals extensive Eurasian admixture throughout the African continent. *Science (New York)*, 350(6262): 820-822. <<https://doi.org/10.1126/science.aad2879>>.

GARRISON, N. A., M. HUDSON, L. L. BALLANTYNE, I. GARBA, A. MARTINEZ, M. TAUALIH, L. ARBOUR, N. R. CARON Y S. C. RAINIE

2019 Genomic Research Through an Indigenous Lens: Understanding the Expectations. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 20: 495-517. <<https://doi.org/10.1146/annurev-genom-083118-015434>>.

GILBERT, M. T. P., D. L. JENKINS, A. GÖTHERSTROM, N. NAVERAN, J. J. SANCHEZ, M. HOFREITER, P. F. THOMSEN, J. BINLADEN, T. F. G. HIGHAM, R. M. YOHE, R. PARR, R., L. S. CUMMINGS Y E. WILLERSLEV

2008 DNA from pre-Clovis human coprolites in Oregon, North America. *Science (New York)*, 320(5877): 786-789. <<https://doi.org/10.1126/science.1154116>>.

GONZÁLEZ-OLIVER, A., L. MÁRQUEZ-MORFÍN, J. C. JIMÉNEZ Y A. TORRE-BLANCO

2001 Founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in ancient Maya from Xcaret, Quintana Roo. *American Journal of Physical Anthropology*, 116(3): 230-235. <<https://doi.org/10.1002/ajpa.1118>>.

GREEN, R. E., J. KRAUSE, A. W. BRIGGS, T. MARICIC, U. STENZEL, M. KIRCHER, N. PATTERSON, H. LI, W. ZHAI, M. H.-Y. FRITZ, N. F. HANSEN, E. Y. DURAND, A.-S. MALASPINAS, J. D. JENSEN, T. MARQUES-BONET, C. ALKAN, K. PRÜFER, M. MEYER, H. A. BURBANO, J. M. GOOD, R. SCHULTZ, A. AXIMU-PETRI, A. BUTTHOF, B. HÖBER, B. HÖFFNER, M. SIEGEMUND, A. WEIHMANN, C. NUSBAUM, E. S. LANDER, C. RUSS, N. NOVOD, J. AFFOURTIT, M. EGHOLM, C. VERNA, P. RUDAN, D. BRAJKOVIC, Ž. KUCAN, I. GUŠIĆ, V. B. DORONICHEV, L. V. GOLOVANOVA, C. LALUEZA-FOX, M. DE LA RASILLA, J. FORTEA, A. ROSAS, R. W. SCHMITZ, P. L. F. JOHNSON, E. E. EICHLER, D. FALUSH, E. BIRNEY, J. C. MULLIKIN, M. SLATKIN, R. NIELSEN, J. KELSO, M. LACHMANN, D. REICH Y S. PÄÄBO

2010 A draft sequence of the Neandertal genome. *Science (New York)*, 328(5979): 710-722. <<https://doi.org/10.1126/science.1188021>>.

HAAK, W., I. LAZARIDIS, N. PATTERSON, N. ROHLAND, S. MALLICK, B. LLAMAS, G. BRANDT, S. NORDENFELT, E. HARNEY, K. STEWARDSON, Q. FU, A. MITTNIK, E. BÁNFFY, C. ECONOMOU, M. FRANCKEN, S. FRIEDERICH, R. G. PENA, F. HALLGREN, V. KHARTANOVICH, A. KHOKHLOV, M. KUNST, P. KUZNETSOV, H. MELLER, O. MOCHALOV, V. MOISEYEV, N. NICKLISCH, S. L. PICHLER, R. RISCH, M. A. ROJO GUERRA, C. ROTH, A. SZÉCSÉNYI-NAGY, J. WAHL, M. MEYER, J. KRAUSE, D. BROWN, D. ANTHONY, A. COOPER, K. W. ALT Y D. REICH

2015 Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, 522(7555): 207-211. <<https://doi.org/10.1038/nature14317>>.

HARNEY, É., O. CHERONET, D. M. FERNANDES, K. SIRAK, M. MAH, R. BERNARDOS, N. ADAMSKI, N. BROOMANDKHOSHBAHT, K. CALLAN, A. M. LAWSON, J. OPPENHEIMER, K. STEWARDSON, F. ZALZALA, A. ANDERS, F. CANDILIO, M. CONSTANTINESCU, A. COPPA, I. CIOBANU, J. DANI, Z. GALLINA, F. GENCHI, E. G.

NAGY, T. HAJDU, M. HELLEBRANDT, A. HORVÁTH, Á. KIRÁLY, K. KISS, B. KOLOZSI, P. KOVÁCS, K. KÖHLER, M. LUCCI, I. PAP, S. POPOVICI, P. RACZKY, A. SIMALCSIK, T. SZENICZEY, S. VASILYEV, C. VIRAG, N. ROHLAND, D. REICH Y R. PINHASI  
2021 A minimally destructive protocol for DNA extraction from ancient teeth. *Genome Research*, 31(3): 472-483. <<https://doi.org/10.1101/gr.267534.120>>.

HIGUCHI, R., B. BOWMAN, M. FREIBERGER, O. A. RYDER Y A. C. WILSON  
1984 DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature*, 312(5991): 282-284. <<https://doi.org/10.1038/312282a0>>.

HOFREITER, M., J. L. A. PAIJMANS, H. GOODCHILD, C. F. SPELLER, A. BARLOW, G. G. FORTES, J. A. THOMAS, A. LUDWIG Y M. J. COLLINS  
2015 The future of ancient DNA: Technical advances and conceptual shifts. *BioEssays*, 37(3): 284-293. <<https://doi.org/10.1002/bies.201400160>>.

HUDSON, M., N. A. GARRISON, R. STERLING, N. R. CARON, K. FOX, J. YRACHETA, J. ANDERSON, P. WILCOX, L. ARBOUR, A. BROWN, M. TAUALII, T. KUKUTAI, R. HARING, B. TE AIKA, G. S. BAYNAM, P. K. DEARDEN, D. CHAGNÉ, R. S. MALHI, I. GARBA, N. TIFFIN, D. BOLNICK, M. STOTT, A. K. ROLLESTON, L. L. BALLANTYNE, R. LOVETT, D. DAVID-CHAVEZ, A. MARTINEZ, A. SPORLE, M. WALTER, J. READING Y S. R. CARROLL  
2020 Rights, interests and expectations: Indigenous perspectives on unrestricted access to genomic data. *Nature Reviews. Genetics*, 21(6): 377-384. <<https://doi.org/10.1038/s41576-020-0228-x>>.

KAY, G. L., M. J. SERGEANT, Z. ZHOU, J. Z.-M. CHAN, A. MILLARD, J. QUICK, I. SZIKOSSY, I. PAP, M. SPIGELMAN, N. J. LOMAN, M. ACHTMAN, H. D. DONOGHUE Y M. J. PALLEN  
2015 Eighteenth-century genomes show that mixed infections were common at time of peak tuberculosis in Europe. *Nature Communications*, 6(1): 6717. <<https://doi.org/10.1038/ncomms7717>>.

KEY, F. M., C. POSTH, J. KRAUSE, A. HERBIG Y K. I. BOS  
2017 Mining Metagenomic Data Sets for Ancient DNA: Recommended Protocols for Authentication. *Trends in Genetics*, 33(8): 508-520. <<https://doi.org/10.1016/j.tig.2017.05.005>>.

KOWAL, E., L. S. WEYRICH, J. M. ARGÜELLES, A. C. BADER, C. COLWELL, A. D. CORTEZ, J. L. DAVIS, G. FIGUEIRO, K. FOX, R. S. MALHI, E. MATISOO-SMITH, A.

NAYAK, E. A. NELSON, G. NICHOLAS, M. A. NIEVES-COLÓN, L. RUSSELL, S. ULM, F. VERGARA-SILVA, F. A. VILLANEVA, J. K. WAGNER, J. M. YRACHETA Y K. S. TSOSIE  
2023 Community partnerships are fundamental to ethical ancient DNA research. *Human Genetics and Genomics Advances*, 4(2): 100161. <<https://doi.org/10.1016/j.xhgg.2022.100161>>

LAZARIDIS, I., N. PATTERSON, A. MITTNIK, G. RENAUD, S. MALICK, K. KIRSANOW, P. H. SUDMANT, J. G. SCHRAIBER, S. CASTELLANO, M. LIPSON, B. BERGER, C. ECONOMOU, R. BOLLONGINO, Q. FU, K. I. BOS, S. NORDENFELT, H. LI, C. DE FILIPPO, K. PRÜFER, S. SAWYER, C. POSTH, W. HAAK, F. HALLGREN, E. FORNANDER, N. ROHLAND, D. DELSATE, M. FRANCKEN, J.-M. GUINET, J. WAHL, G. AYODO, H. A. BABIKER, G. BAILLIET, E. BALANOVSKA, O. BALANOVSKY, R. BARRANTES, G. BEDOYA, H. BEN-AMI, J. BENE, F. BERRADA, C. M. BRAVI, F. BRISIGHELLI, G. B. J. BUSBY, F. CALI, M. CHURNOSOV, D. E. C. COLE, D. CORACH, L. DAMBA, G. VAN DRIEM, S. DRYOMOV, J.-M. DUGOUJON, S. A. FEDOROVA, I. GALLEGO ROMERO, M. GUBINA, M. HAMMER, B. M. HENN, T. HERVIG, U. HODOGLUGIL, A. R. JHA, S. KARACHANAK-YANKOVA, R. KHUSAINOVA, E. KHUSNUTDINOVA, R. KITTLES, T. KIVISILD, W. KLITZ, V. KUČINSKAS, A. KUSHNIAREVICH, L. LAREDJ, S. LITVINOV, T. LOUKIDIS, R. W. MAHLEY, B. MELEGH, E. METSPALU, J. MOLINA, J. MOUNTAIN, K. NÄKKÄLÄJÄRVI, D. NESHEVA, T. NYAMBO, L. OSIPOVA, J. PARIK, F. PLATONOV, O. POSUKH, V. ROMANO, F. ROTHHAMMER, I. RUDAN, R. RUIZBAKIEV, H. SAHAKYAN, A. SAJANTILA, A. SALAS, E. B. STARIKOVSKAYA, A. TAREKEGN, D. TONCHEVA, S. TURDIKULOVA, I. UKTVERYTE, O. UTEVSKA, R. VASQUEZ, MERCEDES VILLENA, M. VOEVODA, C. A. WINKLER, L. YEPISKOPOSYAN, P. ZALLOUA, T. ZEMUNIK, A. COOPER, C. CAPELLI, M. G. THOMAS, A. RUIZ-LINARES, S. A. TISHKOFF, L. SINGH, K. THANGARAJ, R. VILLEMS, D. COMAS, R. SUKERNIK, M. METSPALU, M. MEYER, E. E. EICHLER, J. BURGER, M. SLATKIN, S. PÄÄBO, J. KELSO, D. REICH Y J. KRAUSE  
2014 Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*, 513(7518): 409-413. <<https://doi.org/10.1038/nature13673>>

LEY FEDERAL SOBRE MONUMENTOS Y ZONAS ARQUEOLÓGICAS, ARTÍSTICOS E HISTÓRICOS

1972 *Diario Oficial de la Federación*, 6 de mayo. <<https://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/ref/lfmzaah.htm>>

LIBRADO, P., N. KHAN, A. FAGES, M. A. KUSLIY, T. SUCHAN, L. TONASSO-CALVIÈRE, S. SCHIAVINATO, D. ALIOGLU, A. FROMENTIER, A. PERDEREAU, J.-M. AURY, C. GAUNITZ, L. CHAUVEY, A. SEGUIN-ORLANDO, C. DER SARKISSIAN, J. SOUTHON, B. SHAPIRO, A. A. TISHKIN, A. A. KOVALEV, S. ALQURAIISHI, A. H. ALFARHAN, K. A.

S. AL-RASHEID, T. SEREGÉLY, L. KLASSEN, R. IVERSEN, O. BIGNON-LAU, P. BODU, M. OLIVE, J.-C. CASTEL, M. BOUDADI-MALIGNE, N. ALVAREZ, M. GERMONPRÉ, M. MOSKAL-DEL HOYO, J. WILCZYŃSKI, S. POSPUŁA, A. LASOTA-KUŚ, K. TUNIA, M. NOWAK, E. RANNAMÄE, U. SAARMA, G. BOESKOROV, L. LÖUGAS, R. KYSELÝ, L. PEŠKE, A. BĂLĂȘESCU, V. DUMITRAȘCU, R. DOBRESCU, D. GERBER, V. KISS, A. SZÉCSÉNYI-NAGY, B. G. MENDE, Z. GALLINA, K. SOMOGYI, G. KULCSÁR, E. GÁL, R. BENDREY, M. E. ALLENTOFT, G. SIRBU, V. DERGACHEV, H. SHEPHARD, N. TOMADINI, S. GROUARD, A. KASPAROV, A. E. BASILYAN, M. A. ANISIMOV, P. A. NIKOLSKIY, E. Y. PAVLOVA, V. PITULKO, G. BREM, B. WALLNER, C. SCHWALL, M. KELLER, K. KITAGAWA, A. N. BESSUDNOV, A. BESSUDNOV, W. TAYLOR, J. MAGAIL, J.-O. GANTULGA, J. BAYARSAIKHAN, D. ERDENEBAATAR, K. TABALDIEV, E. MIJIDDORJ, B. BOLDOV, T. TSAGAAN, M. PRUVOST, S. OLSEN, C. A. MAKAREWICZ, S. VALENZUELA LAMAS, S. ALBIZURI CANADELL, A. NIETO ESPINET, M. P. IBORRA, J. LIRA GARRIDO, E. RODRÍGUEZ GONZÁLEZ, S. CELESTINO, C. OLÀRIA, J. L. ARSUAGA, N. KOTOVA, A. PRYOR, P. CRABTREE, R. ZHUMATAYEV, A. TOLEUBAEV, N. L. MORGUNOVA, T. KUZNETSOVA, D. LORDKIPANIZE, M. MARZULLO, O. PRATO, G. BAGNASCO GIANNI, U. TECCHIATI, B. CLAVEL, S. LEPETZ, H. DAVOUDI, M. MASHKOUR, N. Y. BEREZINA, P. W. STOCKHAMMER, J. KRAUSE, W. HAAK, A. MORALES-MUÑIZ, N. BENECKE, M. HOFREITER, A. LUDWIG, A. S. GRAPHODATSKY, J. PETERS, K. Y. KIRYUSHIN, T.-O. IDERKHANGAI, N. A. BOKOVENKO, S. K. VASILIEV, N. N. SEREGIN, K. V. CHUGUNOV, N. A. PLASTEVA, G. F. BARYSHNIKOV, E. PETROVA, M. SABLIN, E. ANANYEVSKAYA, A. LOGVIN, I. SHEVNINA, V. LOGVIN, S. KALIEVA, V. LOMAN, I. KUKUSHKIN, I. MERZ, V. MERZ, S. SAKENOV, V. VARFOLOMEYEV, E. USMANOVA, V. ZAIBERT, B. ARBUCKLE, A. B. BELINSKIY, A. KALMYKOV, S. REINHOLD, S. HANSEN, A. I. YUDIN, A. A. VYBORNOV, A. EPIMAKHOV, N. S. BEREZINA, N. ROSLYAKOVA, P. A. KOSINTSEV, P. F. KUZNETSOV, D. ANTHONY, G. J. KROONEN, K. KRISTIANSEN, P. WINCKER, A. OUTRAM Y L. ORLANDO

2021 The origins and spread of domestic horses from the Western Eurasian steppes. *Nature*, 598(7882): 634-640. <<https://doi.org/10.1038/s41586-021-04018-9>>.

LIPSON, M., P. SKOGLUND, M. SPRIGGS, F. VALENTIN, S. BEDFORD, R. SHING, H. BUCKLEY, I. PHILLIP, G. K. WARD, S. MALLICK, N. ROHLAND, N. BROOMANDKHOSHBACHT, O. CHERONET, M. FERRY, T. K. HARPER, M. MICHEL, J. OPPENHEIMER, K. SIRAK, K. STEWARDSON, K. AUCLAND, A. V.S. HILL, K. MAITLAND, S. J. OPPENHEIMER, T. PARKS, K. ROBSON, T. N. WILLIAMS, D. J. KENNETT, A. J. MENTZER, R. PINHASI Y D. REICH

2018 Population Turnover in Remote Oceania Shortly after Initial Settlement. *Current Biology: CB*, 28(7): 1157-1165.e7. <<https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.02.051>>.

LIU, Y., E. A. BENNETT Y Q. FU

- 2022 Evolving ancient DNA techniques and the future of human history. *Cell*, 185(15):2632-2635. <<https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.06.009>>.

LLAMAS, B., L. FEHREN-SCHMITZ, G. VALVERDE, J. SOUBRIER, S. MALLICK, N. ROHLAND, S. NORDENFELT, C. VALDIOSERA, S. M. RICHARDS, A. ROHRLACH, M. I. BARRETO ROMERO, I. FLORES ESPINOZA, E. TOMASTO CAGIGAO, L. WATSON JIMÉNEZ, K. MAKOWSKI, I. S. LEBOREIRO REYNA, J. MANSILLA LORY, J. A. BALLIVIÁN TORREZ, M. A. RIVERA, R. L. BURGER, M. C. CERUTI, J. REINHARD, R. S. WELLS, G. POLITIS, C. M. SANTORO, V. G. STANDEN, C. SMITH, D. REICH, S. Y. W. HO, A. COOPER Y W. HAAK

- 2016 Ancient mitochondrial DNA provides high-resolution time scale of the peopling of the Americas. *Science Advances*, 2(4): e1501385. <<https://doi.org/10.1126/sciadv.1501385>>.

MAJANDER, K., S. PFRENGLE, A. KOCHER, J. NEUKAMM, L. DU PLESSIS, M. PLADÍAZ, N. ARORA, G. AKGÜL, K. SALO, R. SCHATZ, S. INSKIP, M. OINONEN, H. VALK, M. MALVE, A. KRIISKA, P. ONKAMO, F. GONZÁLEZ-CANDELAS, D. KÜHNERT, J. KRAUSE Y V. J. SCHUENEMANN

- 2020 Ancient Bacterial Genomes Reveal a High Diversity of *Treponema pallidum* Strains in Early Modern Europe. *Current Biology*, 30(19): 3788-3803.e10. <<https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.07.058>>.

MALASPINAS, A.-S., M. C. WESTAWAY, C. MULLER, V. C. SOUSA, O. LAO, I. ALVES, A. BERGSTRÖM, G. ATHANASIADIS, J. Y. CHENG, J. E. CRAWFORD, T. H. HEUPINK, E. MACHOLDT, S. PEISCHL, S. RASMUSSEN, S. SCHIFFELS, S. SUBRAMANIAN, J. L. WRIGHT, A. ALBRECHTSEN, C. BARBIERI, I. DUPANLOUP, A. ERIKSSON, A. MARGARYAN, I. MOLTKE, I. PUGACH, T. S. KORNELIUSSEN, I. P. LEVKIVSKYI, J. V. MORENO-MAYAR, S. NI, F. RACIMO, M. SIKORA, Y. XUE, F. A. AGHAKHANIAN, N. BRUCATO, S. BRUNAK, P. F. CAMPOS, W. CLARK, S. ELLINGVÅG, G. FOURMILE, P. GERBAULT, D. INJIE, G. KOKI, M. LEAVESLEY, B. LOGAN, A. LYNCH, E. A. MATISOOSMITH, P. J. MCALLISTER, A. J. MENTZER, M. METSPALU, A. B. MIGLIANO, L. MURGHAN, M. E. PHIPPS, W. POMAT, D. REYNOLDS, F.-X. RICAUT, P. SIBA, M. G. THOMAS, T. WALES, C. MA'RUN WALL, S. J. OPPENHEIMER, C. TYLER-SMITH, R. DURBIN, J. DORTCH, A. MANICA, M. H. SCHIERUP, R. A. FOLEY, M. MIRAZÓN LAHR, C. BOWERN, J. D. WALL, T. MAILUND, M. STONEKING, R. NIELSEN, M. S. SANDHU, L. EXCOFFIER, D. M. LAMBERT Y E. WILLERSLEV

- 2016 A genomic history of Aboriginal Australia. *Nature*, 538(7624): 207-214. <<https://doi.org/10.1038/nature18299>>.

MALYARCHUK, A. B., T. V. ANDREEVA, I. L. KUZNETSOVA, S. S. KUNIZHEVA, M. S. PROTASOVA, L. I. URALSKY, T. V. TYAZHELOVA, F. E. GUSEV, A. D. MANAKHOV Y E. I. ROGAEV

2022 Genomics of Ancient Pathogens: First Advances and Prospects. *Biochemistry. Biokhimiia*, 87(3): 242-258. <<https://doi.org/10.1134/S0006297922030051>>.

MAYS, S., J. EDLERS, L. HUMPHREY, W. WHITE Y P. MARSHALL

2013 Science and the Dead A guideline for the destructive sampling of archaeological human remains for scientific analysis. APABE, sl.

MENÉNDEZ, L. P., G. FIGUEIRO, C. DE LA FUENTE CASTRO Y B. YÁÑEZ

2025 Fostering Inclusive Practices of Citation and Teamwork in Biological Anthropology: A Comment on Källén *et al.* 2024. *Current Anthropology*, 66(3): 440-441. <<https://doi.org/10.1086/735687>>.

MEYER, M., M. KIRCHER, M.-T. GANSAUGE, H. LI, F. RACIMO, S. MALICK, J. G. SCHRAIBER, F. JAY, K. PRÜFER, C. DE FILIPPO, P. H. SUDMANT, C. ALKAN, Q. FU, R. DO, N. ROHLAND, A. TANDON, M. SIEBAUER, R. E. GREEN, K. BRYC, A. W. BRIGGS, U. STENZEL, J. DABNEY, J. SHENDURE, J. KITZMAN, M. F. HAMMER, M. V. SHUNKOV, A. P. DEREVIANKO, N. PATTERSON, A. M. ANDRÉS, E. E. EICHLER, M. SLATKIN, D. REICH, J. KELSO Y S. PÄÄBO

2012 A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science (New York)*, 338(6104): 222–226. <<https://doi.org/10.1126/science.1224344>>.

MORALES-ARCE, A. Y., C. A. HOFMAN, A. T. DUGGAN, A. K. BENFER, M. A. KATZENBERG, G. MCCAFFERTY Y C. WARINNER

2017 Successful reconstruction of whole mitochondrial genomes from ancient Central America and Mexico. *Scientific Reports*, 7(1): 18100. <<https://doi.org/10.1038/s41598-017-18356-0>>.

MORALES-ARCE, A. Y., G. MCCAFFERTY, J. HAND, M. SCHMILL, K. MCGRATH Y C. SPELLER

2019 Ancient mitochondrial DNA and population dynamics in postclassic Central Mexico: Tlatelolco (ad 1325–1520) and Cholula (ad 900–1350). *Archaeological and Anthropological Sciences*, 11(7): 3459-3475. <<https://doi.org/10.1007/s12520-018-00771-7>>.

MORENO-MAYAR, J. V., L. VINNER, P. DE BARROS DAMGAARD, C. DE LA FUENTE, J. CHAN, J. P. SPENCE, M. E. ALLENTOFT, T. VIMALA, F. RACIMO, T. PINOTTI, S. RASMUSSEN, A. MARGARYAN, M. IRAETA ORBEGOZO, D. MYLOPOTAMITAKI, M. WOOLLER, C. BATAILLE, L. BECERRA-VALDIVIA, D. CHIVALL, D. COMESKEY, T. DEVIÈSE, D. K. GRAYSON, L. GEORGE, H. HARRY, V. ALEXANDERSEN, C. PRIMEAU, J. ERLANDSON, C. RODRIGUES-CARVALHO, S. REIS, M. Q. R. BASTOS, J. CYBULSKI, C. VULLO, F. MORELLO, M. VILAR, S. WELLS, K. GREGERSEN, K. L. HANSEN, N. LYNNERUP, M. MIRAZÓN LAHR, K. KJÆR, A. STRAUSS, M. ALFONSO-DURRUTY, A. SALAS, H. SCHROEDER, T. HIGHAM, R. S. MALHI, J. T. RASIC, L. SOUZA, F. R. SANTOS, A.-S. MALASPINAS, M. SIKORA, R. NIELSEN, Y. S. SONG, D. J. MELTZER Y E. WILLERSLEV

2018 Early human dispersals within the Americas. *Science (New York)*, 362(6419): eaav2621. <<https://doi.org/10.1126/science.aav2621>>.

MURRAY, M., S. NAKAMURA, M. FUENTES, R. CANIZALES, O. TALAVERA, S. VARELA, Z. MADRID, C. CARBAJAL, M. OGAWA, M. YONEDA, L. M. CASSIDY T. GAKUHARI Y S. NAKAGOME

2025 Ancient genomes reveal demographic trajectories during the Classic Maya period. *Current Biology*, 35(11): 2709-2719.e5. <<https://doi.org/10.1016/j.cub.2025.05.002>>.

NAKATSUKA, N., I. LAZARIDIS, C. BARBIERI, P. SKOGLUND, N. ROHLAND, S. MALLICK, C. POSTH, K. HARKINS-KINKAID, M. FERRY, É. HARNEY, M. MICHEL, K. STEWARDSON, J. NOVAK-FORST, J. M. CAPRILES, M. A. DURRUTY, K. A. ÁLVAREZ, D. BERESFORD-JONES, R. BURGER, L. CADWALLADER, R. FUJITA, J. ISLA, G. LAU, C. LÉMUZ AGUIRRE, S. LEBLANC, S. CALLA MALDONADO, F. MEDDENS, P. G. MESSINEO, B. J. CULLETON, T. K. HARPER, J. QUILTER, G. POLITIS, K. RADEMAKER, M. REINDEL, M. RIVERA, L. SALAZAR, J. R. SANDOVAL, C. M. SANTORO, N. SCHEIFLER, V. STANDEN, M. I. BARRETO, I. FLORES ESPINOZA, E. TOMASTO-CAGIGAO, G. VALVERDE, D. J. KENNETT, A. COOPER, J. KRAUSE, W. HAAK, B. LLAMAS, D. REICH Y L. FEHREN-SCHMITZ

2020 A Paleogenomic Reconstruction of the Deep Population History of the Andes. *Cell*, 181(5): 1131-1145.e21. <<https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.04.015>>.

NARASIMHAN, V. M., N. PATTERSON, P. MOORJANI, N. ROHLAND, R. BERNARDOS, S. MALLICK, I. LAZARIDIS, N. NAKATSUKA, I. OLALDE, M. LIPSON, A. M. KIM, L. M. OLIVIERI, A. COPPA, M. VIDALE, J. MALLORY, V. MOISEYEV, E. KITOV, J. MONGE, N. ADAMSKI, N. ALEX, N. BROOMANDKHOSHBAKHT, F. CANDILIO, K. CALLAN, O. CHERONET, B. J. CULLETON, M. FERRY, D. FERNANDES, S. FREILICH, B. GAMARRA,

D. GAUDIO, M. HAJDINJAK, É. HARNEY, T. K. HARPER, D. KEATING, A. M. LAWSON, M. MAH, K. MANDL, M. MICHEL, M. NOVAK, J. OPPENHEIMER, N. RAI, K. SIRAK, V. SLON, K. STEWARDSON, F. ZALZALA, Z. ZHANG, G. AKHATOV, A. N. BAGASHEV, A. BAGNERA, B. BAITANAYEV, J. BENDEZU-SARMIENTO, A. A. BISSEMBAEV, G. L. BONORA, T. T. CHARGYNOV, T. CHIKISHEVA, P. K. DASHKOVSKIY, A. DEREVIANKO, M. DOBEŠ, K. DOUKA, N. DUBOVA, M. N. DUISENGALI, D. ENSHIN, A. EPIMAKHOV, A. V. FRIBUS, D. FULLER, A. GORYACHEV, A. GROMOV, S. P. GRUSHIN, B. HANKS, M. JUDD, E. KAZIZOV, A. KHOKHLOV, A. P. KRYGIN, E. KUPRIYANOVA, P. KUZNETSOV, D. LUISELLI, F. MAKSUDOV, A. M. MAMEDOV, T. B. MAMIROV, C. MEIKLEJOHN, D. C. MERRETT, R. MICHELI, O. MOCHALOV, S. MUSTAFOKULOV, A. NAYAK, D. PETTENER, R. POTTS, D. RAZHEV, M. RYKUN, S. SARNO, T. M. SAVENKOVA, K. SIKHYMBAEVA, S. M. SLEPCHENKO, O. A. SOLTOBAEV, N. STEPANOVA, S. SVYATKO, K. TABALDIEV, M. TESCHLER-NICOLA, A. A. TISHKIN, V. V. TKACHEV, S. VASILYEV, P. VELEMÍNSKÝ, D. VOYAKIN, A. YERMOLAYEVA, M. ZAHIR, V. S. ZUBKOV, A. ZUBOVA, V. S. SHINDE, C. LALUEZA-FOX, M. MEYER, D. ANTHONY, N. BOIVIN, K. THANGARAJ, D. J. KENNETT, M. FRACHETTI, R. PINHASI Y D. REICH

2019 The formation of human populations in South and Central Asia. *Science (New York)*, 365(6457): eaat7487. <<https://doi.org/10.1126/science.aat7487>>.

NAVARRO-ROMERO, M. T., M. DE L. MUÑOZ, B. KRAUSE-KYORA, J. CERVINI-SILVA, E. ALCALÁ-CASTAÑEDA Y R. E. DAVID

2024 Bioanthropological analysis of human remains from the archaic and classic period discovered in Puyil cave, Mexico. *American Journal of Biological Anthropology*, 184(2): e24903. <<https://doi.org/10.1002/ajpa.24903>>.

NAVARRO-ROMERO, M. T., M. DE L. MUÑOZ Y E. ALCALÁ-CASTAÑEDA

2021 Mitochondrial DNA Haplotypes in Pre-Hispanic Human Remains from Puyil Cave, Tabasco, Mexico. En: M. de L. Muñoz-Moreno y M. H. Crawford (eds.), *Human Migration: Biocultural Perspectives*, Oxford University Press, Oxford: 68-80. <<https://doi.org/10.1093/oso/9780190945961.003.0007>>.

NIEVES-COLÓN, M. A., K. E. BLEVINS, M. Á. CONTRERAS-SIECK Y M. B. LÓPEZ

2021 Paleogenómica y bioarqueología en México. Cuicuilco. *Revista de Ciencias Antropológicas*, 28(81): 187-223.

OCHOA-LUGO, M. I., M. DE L. MUÑOZ, G. PÉREZ-RAMÍREZ, K. G. BEATY, M. LÓPEZ-ARMENTA, J. CERVINI-SILVA, M. MORENO-GALEANA, A. M. MEZA, E. RAMOS, M. H. CRAWFORD Y A. ROMANO-PACHECO

2016 Genetic Affiliation of Pre-Hispanic and Contemporary Mayas Through Maternal Linage. *Human Biology*, 88(2): 136-167. <<https://doi.org/10.13110/humanbiology.88.2.0136>>.

ORLANDO, L., M. T. P. GILBERT Y E. WILLERSLEV

2015 Reconstructing ancient genomes and epigenomes. *Nature Reviews Genetics*, 16(7): 395-408. <<https://doi.org/10.1038/nrg3935>>.

PÄÄBO, S.

1985 Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA. *Nature*, 314 (6012): 644-645. <<https://doi.org/10.1038/314644a0>>.

PÄÄBO, S., H. POINAR, D. SERRE, V. JAENICKE-DESPRES, J. HEBLER, N. ROHLAND, M. KUCH, J. KRAUSE, L. VIGILANT Y M. HOFREITER

2004 Genetic analyses from ancient DNA. *Annual Review of Genetics*, 38, 645-679. <<https://doi.org/10.1146/annurev.genet.37.110801.143214>>.

PALKOPOULOU, E., S. MALICK, P. SKOGLUND, J. ENK, N. ROHLAND, H. LI, A. OMRAK, S. VARTANYAN, H. POINAR, A. GÖTHERSTRÖM, D. REICH Y L. DALÉN

2015 Complete genomes reveal signatures of demographic and genetic declines in the woolly mammoth. *Current Biology: CB*, 25(10), 1395-1400. <<https://doi.org/10.1016/j.cub.2015.04.007>>.

PICKRELL, J. K. Y D. REICH

2014 Toward a new history and geography of human genes informed by ancient DNA. *Trends in Genetics: TIG*, 30(9): 377-389. <<https://doi.org/10.1016/j.tig.2014.07.007>>.

POSTH, C., N. NAKATSUKA, I. LAZARIDIS, P. SKOGLUND, S. MALICK, T. C. LAMNIDIS, N. ROHLAND, K. NÄGELE, N. ADAMSKI, E. BERTOLINI, N. BROOMANDKHOSHBACHT, A. COOPER, B. J. CULLETON, T. FERRAZ, M. FERRY, A. FURTWÄNGLER, W. HAAK, K. HARKINS, T. K. HARPER, T. HÜNEMEIER, A. M. LAWSON, B. LLAMAS, M. MICHEL, E. NELSON, J. OPPENHEIMER, N. PATTERSON, S. SCHIFFELS, J. SEDIG, K. STEWARDSON, S. TALAMO, C.-C. WANG, J.-J. HUBLIN, M. HUBBE, K. HARVATI, A. NUEVO DELAUNAY, J. BEIER, M. FRANCKEN, P. KAULICKE, H. REYES-CENTENO, K. RADEMAKER, W. R. TRASK, M. ROBINSON, S. M. GUTIERREZ, K. M. PRUFER, D. C. SALAZAR-GARCÍA, E. N. CHIM, L. M. PLUMM GOMES, M. L. ALVES, A. LIRYO,

M. INGLEZ, R. E. OLIVEIRA, D. V. BERNARDO, A. BARIONI, V. WESOLOWSKI, N. A. SCHEIFLER, M. A. RIVERA, C. R. PLENS, P. G. MESSINEO, L. FIGUTI, D. CORACH, C. SCABUZZO, S. EGGERS, P. DEBLASIS, M. REINDEL, C. MÉNDEZ, G. POLITIS, E. TOMASTO-CAGIGAO, D. J. KENNETT, A. STRAUSS, L. FEHREN-SCHMITZ, J. KRAUSE Y D. REICH

2018 Reconstructing the Deep Population History of Central and South America. *Cell*, 175(5): 1185-1197.e22. <<https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.10.027>>.

RASMUSSEN, M., S. L. ANZICK, M. R. WATERS, P. SKOGLUND, M. DEGIORGIO, T. W. STAFFORD, S. RASMUSSEN, I. MOLTKE, A. ALBRECHTSEN, S. M. DOYLE, G. D. POZNIK, V. GUDMUNDSDOTTIR, R. YADAV, A.-S. MALASPINAS, S. S. WHITE V, M. E. ALLENTOFT, O. E. CORNEJO, K. TAMBETS, A. ERIKSSON, P. D. HEINTZMAN, M. KARMIN, T. S. KORNELIUSSEN, D. J. MELTZER, T. L. PIERRE, J. STENDERUP, L. SAAG, V. M. WARMUTH, M. C. LOPES, R. S. MALHI, S. BRUNAK, T. SICHERITZ-PONTEN, I. BARNES, M. COLLINS, L. ORLANDO, F. BALLOUX, A. MANICA, R. GUPTA, M. METSPALU, C. D. BUSTAMANTE, M. JAKOBSSON, R. NIELSEN Y E. WILLERSLEV

2014 The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana. *Nature*, 506(7487): 225-229. <<https://doi.org/10.1038/nature13025>>.

REARDON, J. Y K. TALLBEAR

2012 “Your DNA Is Our History”: Genomics, Anthropology, and the Construction of Whiteness as Property. *Current Anthropology*, 53(S5): S233-S245. <<https://doi.org/10.1086/662629>>.

REICH, D., N. PATTERSON, M. KIRCHER, F. DELFIN, M. R. NANDINENI, I. PUGACH, A. M.-S. KO, Y.-C. KO, T. A. JINAM, M. E. PHIPPS, N. SAITOU, A. WOLLSTEIN, M. KAYSER, S. PÄÄBO Y M. STONEKING

2011 Denisova Admixture and the First Modern Human Dispersals into Southeast Asia and Oceania. *The American Journal of Human Genetics*, 89(4): 516-528. <<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2011.09.005>>.

SANTOS, R. V. Y B. DOUGLAS

2020 “Polynesians” in the Brazilian hinterland? Sociohistorical perspectives on skulls, genomics, identity, and nationhood. *History of the Human Sciences*, 33(2): 22-47. <<https://doi.org/10.1177/0952695119891044>>.

SCHLEBUSCH, C. M., H. MALMSTRÖM, T. GÜNTHER, P. SJÖDIN, A. COUTINHO, H. EDLUND, A. R. MUNTERS, M. VICENTE, M. STEYN, H. SOODYALL, M. LOMBARD Y M. JAKOBSSON

2017 Southern African ancient genomes estimate modern human divergence to 350,000 to 260,000 years ago. *Science (New York)*, 358(6363): 652-655. <<https://doi.org/10.1126/science.aao6266>>.

SCHUENEMANN, V. J., C. AVANZI, B. KRAUSE-KYORA, A. SEITZ, A. HERBIG, S. INSKIP, M. BONAZZI, E. REITER, C. URBAN, D. DANGVARD PEDERSEN, G. M. TAYLOR, P. SINGH, G. R. STEWART, P. VELEMÍNSKÝ, J. LIKOVSKY, A. MARCSIK, E. MOLNÁR, G. PÁLFI, V. MARIOTTI, A. RIGA, M. G. BELCASTRO, J. L. BOLDSSEN, A. NEBEL, S. MAYS, H. D. DONOGHUE, S. ZAKRZEWSKI, A. BENJAK, K. NIESELT, S. T. COLE Y J. KRAUSE

2018 Ancient genomes reveal a high diversity of *Mycobacterium leprae* in medieval Europe. *PLoS Pathogens*, 14(5), e1006997. <<https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006997>>.

SCHUENEMANN, V. J., A. K. LANKAPALLI, R. BARQUERA, E. A. NELSON, D. I. HERNÁNDEZ, V. ACUÑA ALONZO, K. I. BOS, L. MÁRQUEZ MORFÍN, A. HERBIG Y J. KRAUSE

2018 Historic *Treponema pallidum* genomes from Colonial Mexico retrieved from archaeological remains. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 12(6): e0006447. <<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006447>>.

SCHUENEMANN, V. J., P. SINGH, T. A. MENDUM, B. KRAUSE-KYORA, G. JÄGER, K. I. BOS, A. HERBIG, C. ECONOMOU, A. BENJAK, P. BUSSO, A. NEBEL, J. L. BOLDSSEN, A. KJELLSTRÖM, H. WU, G. R. STEWART, G. M. TAYLOR, P. BAUER, O. Y.-C. LEE, H. H. T. WU, D. E. MINNIKIN, G. S. BESRA, K. TUCKER, S. ROFFEY, S. O. SOW, S. T. COLE, K. NIESELT Y J. KRAUSE

2013 Genome-wide comparison of medieval and modern *Mycobacterium leprae*. *Science (New York)*, 341(6142), 179-183. <<https://doi.org/10.1126/science.1238286>>.

SECRETARÍA DE CULTURA

2023 Lineamientos generales para el manejo, destino y depósito de monumentos arqueológicos muebles. Secretaría de Cultura, México. <<https://normateca.inah.gob.mx/norma/archivos/adjuntos/01688060231.pdf>>.

SERRANO, J. G., A. C. ORDÓÑEZ Y R. FREGEL

2021 Paleogenomics of the prehistory of Europe: Human migrations, domestication and disease. *Annals of Human Biology*, 48(3): 179-190. <<https://doi.org/10.1080/03014460.2021.1942205>>.

SIRAK, K. A. Y J. W. SEDIG

2019 Balancing analytical goals and anthropological stewardship in the midst of the paleogenomics revolution. *World Archaeology*, 51(4): 560-573. <<https://doi.org/10.1080/00438243.2019.1617190>>.

SKOGLUND, P., C. POSTH, K. SIRAK, M. SPRIGGS, F. VALENTIN, S. BEDFORD, G. R. CLARK, C. REEPMAYER, F. PETCHEY, D. FERNANDES, Q. FU, E. HARNEY, M. LIPSON, S. MALICK, M. NOVAK, N. ROHLAND, K. STEWARDSON, S. ABDULLAH, M. P. COX, F. R. FRIEDLAENDER, J. S. FRIEDLAENDER, T. KIVISILD, G. KOKI, P. KUSUMA, D. A. MERRIWETHER, F.-X. RICAUT, J. T. S. WEE, N. PATTERSON, J. KRAUSE, R. PINHASI Y D. REICH

2016 Genomic insights into the peopling of the Southwest Pacific. *Nature*, 538(7626): 510-513. <<https://doi.org/10.1038/nature19844>>.

SLATKIN, M. Y F. RACIMO

2016 Ancient DNA and human history. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 113(23): 6380-6387. <<https://doi.org/10.1073/pnas.1524306113>>.

SPYROU, M. A., K. I. BOS, A. HERBIG Y J. KRAUSE

2019 Ancient pathogen genomics as an emerging tool for infectious disease research. *Nature Reviews Genetics*, 20(6): 323-340. <<https://doi.org/10.1038/s41576-019-0119-1>>.

SPYROU, M. A., R. I. TUKHBATOVA, M. FELDMAN, J. DRATH, S. KACKI, J. BELTRÁN DE HEREDIA, S. ARNOLD, A. G. SITDIKOV, D. CASTEX, J. WAHL, I. R. GAZIMZYANOV, D. K. NURGALIEV, A. HERBIG, K. I. BOS Y J. KRAUSE

2016 Historical *Y. pestis* Genomes Reveal the European Black Death as the Source of Ancient and Modern Plague Pandemics. *Cell Host & Microbe*, 19(6): 874-881. <<https://doi.org/10.1016/j.chom.2016.05.012>>.

SQUIRES, K., C. ROBERTS, M. SARDI Y N. MARQUEZ-GRANT

2022 Ética, bioarqueología y publicaciones científicas Ethics, Bioarchaeology, and Scientific Publishing. *RUNA. Archivo para las Ciencias del Hombre*, 43: 245-263. <<https://doi.org/10.34096/runa.v43i2.10794>>.

TALLBEAR, K.

- 2013 *Native American DNA: Tribal Belonging and the False Promise of Genetic Science*. University of Minnesota Press, Minnesota. <<https://www.jstor.org/stable/10.5749/j.ctt46npt0>>.

TAMBURRINI, C., S. L. DAHINTEN, R. R. R. SAIHUEQUE, M. C. ÁVILA-ARCOS Y M. L. PAROLIN

- 2023 Towards an ethical and legal framework in archeogenomics: A local case in the Atlantic coast of central Patagonia. *American Journal of Biological Anthropology*, 182(2): 161-176. <<https://doi.org/10.1002/ajpa.24821>>.

YANG, M. A., X. FAN, B. SUN, C. CHEN, J. LANG, Y.-C. KO, C.-H. TSANG, H. CHIU, T. WANG, Q. BAO, X. WU, M. HAJDINJAK, A. M.-S. KO, M. DING, P. CAO, R. YANG, F. LIU, B. NICKEL, Q. DAI, X. FENG, L. ZHANG, C. SUN, C. NING, W. ZENG, Y. ZHAO, M. ZHANG, X. GAO, Y. CUI, D. REICH, M. STONEKING Y Q. FU

- 2020 Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China. *Science (New York)*, 369(6501): 282-288. <<https://doi.org/10.1126/science.aba0909>>.

YÁÑEZ, B., A. FUENTES, C. P. SILVA, G. FIGUEIRO, L. P. MENÉNDEZ, V. GARCÍA-DEISTER, C. DE LA FUENTE-CASTRO, C. GONZÁLEZ-DUARTE, C. TAMBURRINI Y J. M. ARGÜELLES

- 2023 Pace and space in the practice of aDNA research: Concerns from the periphery. *American Journal of Biological Anthropology*, 180(3): 417-422. <<https://doi.org/10.1002/ajpa.24683>>.

#### DECLARACIONES DE FINANCIACIÓN [SUBT1]

Esta investigación se llevó a cabo en el marco de la estancia posdoctoral en el Laboratorio de Antropología Genética del Instituto de Investigaciones Antropológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México (IIA-UNAM), con el apoyo del Programa de Becas Posdoctorales de la UNAM, correspondiente al periodo II (marzo 2023-febrero 2024).