Munibe Monographs. Anthropology and Archaeology Series • 3 (2025) • Online First • Donostia-San Sebastián • ISSN 2530-4720 - eISSN 2530-4739

Recibido: 2025-03-26
Aceptado: 2025-05-13

Análisis genético de los restos humanos inhumados en el yacimiento de Horts de Can Torras (Castellar del Vallés, Barcelona)

Horts de Can Torraseko (Castellar del Vallés, Bartzelona) aztarnategian ehortzitako gorpuzkien azterketa genetikoa

Genetic analysis of the human remains buried in the Hort de Can Torras site (Castellar del Vallés, Barcelona)

PALABRAS CLAVE: ADN antiguo, ADN mitocondrial, origen biogeográfico, STRs autosómicos, enterramiento simultáneo.
GAKO-HITZAK: Antzinako DNA, DNA mitokondriala, jatorri biogeografikoa, STR autosomikoak, batera egindako ehorzketa.
KEY WORDS: Ancient DNA, Mitochondrial DNA, Biogeographical origin, Autosomal STRs, simultaneous burial.

Sara PALOMO-DÍEZ[(1)]*, Cláudia GOMES[(2)]*, Juan GIBAJA BAO[(3)], Eulàlia SUBIRÀ[(4)]
Jordi ROIG[(5)], Joan Manel COLL[(6)] y Eduardo ARROYO-PARDO[(7)]

RESUMEN

Aquí se presentan los resultados obtenidos del análisis genético realizado sobre cuatro individuos exhumados en Horts de Can Torras (Castellar del Vallés, Barcelona) (4000-3800 cal BC). Esta sepultura colectiva es muy particular, pues son muy pocos los enterramientos con cuatro individuos inhumados durante ese periodo en la región. En este caso se trata de dos individuos adultos y dos subadultos. El objetivo principal de este estudio fue la obtención de información genética con la que establecer si se trataba o no de una posible familia biológica; así como investigar su posible origen biogeográfico a través del linaje materno. Únicamente fue posible la obtención de perfiles de ADN mitocondrial en dos de los cuatro individuos estudiados; determinando sus respectivos haplogrupos mitocondriales (R6a2 y HV0). Los resultados demostraron que ambos individuos no estaban emparentados entre sí a través del linaje materno, lo cual no descarta otro tipo de relación a través del linaje paterno.

LABURPENA

Horts de Can Torrasen (Castellar del Vallés, Bartzelona) (K.a. 4000-3800, gutxi gorabehera) hobitik ateratako lau banakotan egindako azterketa genetikotik lortutako emaitzak azaltzen dira hemen. Oso berezia da ehorztoki hori; izan ere, eskualdean aldi hartan ehortzitako lau banako dituzten hobiratzeak oso gutxi dira. Kasu honetan, bi banako heldu eta bi azpiheldu dira. Azterketa horren helburu nagusia familia biologiko bat zen ala ez erabakitzeko informazio genetikoa lortzea eta amaren familiaren bidez jatorri biogeografiko posiblea ikertzea zen. Baina aztertutako lau banakotatik bitan bakarrik atera izan ziren DNA mitokondrialeko profilak, haien haplotalde mitokondrialak zehaztuz (R6a2 eta HV0). Emaitzek agerian utzi zuten bi gizabanakoak ez zeudela elkarren artean ahaidetuta amaren familiaren bidez, baina horrek ez du baztertzen aitaren familiaren bidez beste harreman motaren bat izan zezaketenik.

ABSTRACT

Here we present the results of the genetic analysis of four individuals exhumed from the Horts de Can Torras (Castellar del Vallés, Barcelona) (4000-3800 cal BC). This collective burial is very special, as there are very few burials of four individuals from this period in the region. In this case, two adults and two sub-adults were buried. The main aim of this study was to obtain genetic information to establish whether or not they were a possible biological family and to investigate their possible biogeographical origin through the maternal line. It was only possible to obtain mitochondrial DNA profiles for two of the four individuals studied, which determined their respective mitochondrial haplogroups (R6a2 y HV0). The results showed that the two individuals were not related through the maternal lineage, which does not rule out another type of relationship through the paternal lineage.

(1) Sara Palomo-Díez, Legal Medicine, Psychiatry and Pathology Department, Medicine School, Complutense University of Madrid (UCM), Madrid, Spain, spalomod@ucm.es, https://orcid.org/0000-0003-1559-2291
(2) Cláudia Gomes, Legal Medicine, Psychiatry and Pathology Department, Medicine School, Complutense University of Madrid (UCM), Madrid, Spain, clopes01@ucm.es, https://orcid.org/0000-0001-9748-9743
(3) Juan F. Gibaja, Institución Milá y Fontalans en Humanidades (IMF-CSIC), Barcelona, Spain, jfgibaja@imf.csic.es, https://orcid.org/0000-0002-0830-3570
(4) M.Euàlia Subirà, GREAB, Unitat d´Antropologia Biològica, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, Spain, Eulalia.Subira@uab.cat, https://orcid.org/0000-0001-5315-0051
(5) Jordi Roig. Arrago sl. Sabadell, Spain. jordiroig@arragosl.com
(6) Joan Manel Coll. Arrago sl. Sabadell, Spain info@arragosl.com
(7) Eduardo Arroyo Pardo, Legal Medicine, Psychiatry and Pathology Department, Medicine School, Complutense University of Madrid (UCM), Madrid, Spain, eduardoa@ucm.es, https://orcid.org/0000-0003-1851-0589
*Sara Palomo-Díez y Cláudia Gomes han contribuido de forma equitativa en la investigación, por lo que ambas tienen la consideración de primera autora.

https://doi.org/10.21630/mmaas.2025.3.31

(cc) BY-NC-ND

1. INTRODUCCIÓN

El yacimiento de Horts de Can Torras se localiza en la población de Castellar del Vallés (comarca del Vallès Occidental, Barcelona, España). Con motivo de trabajos urbanísticos en el año 2003 se inicia la intervención arqueológica bajo la dirección de Joan-M. Coll y Jordi Roig, de la empresa Arrago, S.L. (Coll y Roig, 2005; Roig y Coll, 2018).

En dicha intervención se documentaron estructuras de dos periodos diferentes: 4 atribuibles al Neolítico y 31 a la antigüedad tardía y época visigoda (s. VI-VIII). Centrándonos en las neolíticas, junto a tres cubetas de planta oval (E17, E27 y E28), se halló un silo aislado (con un estrato inferior utilizado como basurero), que fue reutilizado como sepultura de inhumación múltiple con cuatro individuos (E11); cuya datación fue estimada entre el 4000-3800 cal BC. Inhumación múltiple en la que vamos a centrar el presente estudio.

En base a la posición de los individuos y las dataciones realizadas, parece que fue una inhumación simultánea (Morell, 2019), lo cual resulta llamativo, dado que son muy pocos los enterramientos con cuatro individuos enterrados de forma simultánea. La estructura presenta 78 cm de profundidad, 105 cm de diámetro de boca conservada y 156 cm de diámetro de fondo. En su interior los cuatro individuos están en conexión anatómica en la misma unidad estratigráfica. La información arqueológica y antropológica indica que en este yacimiento se encontraron dos adultos: uno masculino (al que hemos denominado HCT-11-86) y otro de sexo indeterminado (HCT-11-85), y dos infantiles: (un niño (HCT-11-87) y una niña (HCT-11-88). Los adultos se posicionaron en el centro, dándose la espalda entre ellos, y a la vez viéndose de cara con los subadultos que se localizan en los laterales (Gibaja *et al.*, 2010). La información completa sobre los individuos puede ser consultada en la Tabla 1, así como se puede visualizar la posición de los cuerpos en la Figura 1.

Este enterramiento tiene dos aspectos que no son habituales en los contextos funerarios de este periodo (Gibaja, 2003, Gibaja *et al.*, 2018). Por un lado, son pocas las sepulturas que acogen a más de tres individuos. Por otro, sorprende que esa inhumación colectiva no esté asociada a ningún elemento de ajuar. Los únicos materiales se han documentado en los niveles de relleno: algunos restos de fauna, malacofauna, fragmentos de cerámica y sílex. Según los directores de la excavación, estos materiales nos indican un uso como vertedero una vez el silo perdió su función inicial de almacenaje. En la Tabla I se pueden observar las dataciones por C14 obtenidas en el análisis de cada de muestras óseas de uno de los individuos.

2. OBJETIVOS

El presente análisis trata de estudiar las características genéticas de estos cuatro individuos. Enfocando dicho análisis a través de los dos siguientes objetivos:

1. Investigar si los individuos inhumados de forma conjunta pertenecían a un mismo núcleo familiar, desde el punto de vista biológico.
2. Estudiar el origen biogeográfico de los individuos mediante el análisis de su ADN mitocondrial.

3. MATERIAL Y MÉTODOS

3.1. Material: Selección muestral

Se llevó a cabo la selección de 2 muestras de cada uno de los 4 individuos analizados, con la finalidad de poder realizar todo lo proceso analítico por duplicado, cumpliendo de ese modo con uno de los criterios de autenticidad básicos para el estudio de ADN antiguo (Pääbo *et al.*, 2004; Llamas *et al.*, 2016; Fulton y Shapiro, 2019). Tratando de seleccionar piezas dentales completas, sin fisuras, roturas ni caries, y de coloración clara; de acuerdo con las recomendaciones de S. Palomo-Díez *et al.*, 2016. Sin embargo, no fue posible evitar que algunas de las piezas presentaran pequeñas fisuras. Todas ellas consistieron en piezas molares, a excepción de una de las muestras del individuo HCT-11-88 que fue un incisivo. A los individuos se les denominó: HTC-11-86, HTC-11-85, HTC-11-87, HTC-11-88; de acuerdo con la denominación arqueológica.

De este modo, se aportó al Laboratorio de Genética Forense y Genética de Poblaciones del Departamento de Medicina Legal, Psiquiatría y Patología de la Facultad de Medicina de la Universidad Complutense de Madrid, una selección de 8 muestras, pertenecientes a los cuatro individuos citados. A partir de la llegada de las muestras a nuestro laboratorio, éstas fueron manipuladas siempre con material de protección personal desechable; recogiéndose en bolsas estériles, tal como

NOMENCLATURA UTILIZADA EN EL LABORATORIO	DENOMINACIÓN DEL INDIVIDUO	C14	C14STD	MÉTODO	CALIBRACIÓN (2σ)
CNA-1633	1 (HTC-11-86)	5133	33	AMS	4035-3805
CNA-1634	2 (HTC-11-85)	5160	33	AMS	4045-3820
CNA-1635	3 (HTC-11-87)	5171	31	AMS	4045-3945
CNA-1636	4 (HTC-11-88)	5082	33	AMS	3960-3800

Tabl. 1: Dataciones realizadas en los cuatro individuos inhumados. Datos tomados de Morell 2019. La calibración fue llevada a cabo mediante: CALIB RADIOCARBON CALIBRATION PROGRAM* Calib 7.0 Copyright. IntCal13 and MARINE13 radiocarbon age calibration curves 0-50000 years calBP Radiocarbon. (Reimer *et al.* 2013). Dating of the four individuals buried from Morell 2019. Calibration was carried out using CALIB RADIOCARBON CALIBRATION PROGRAM* Calib 7.0 Copyright. IntCal13 and MARINE13 radiocarbon age calibration curves 0-50000 years calBP Radiocarbon. (Reimer *et al.* 2013.).

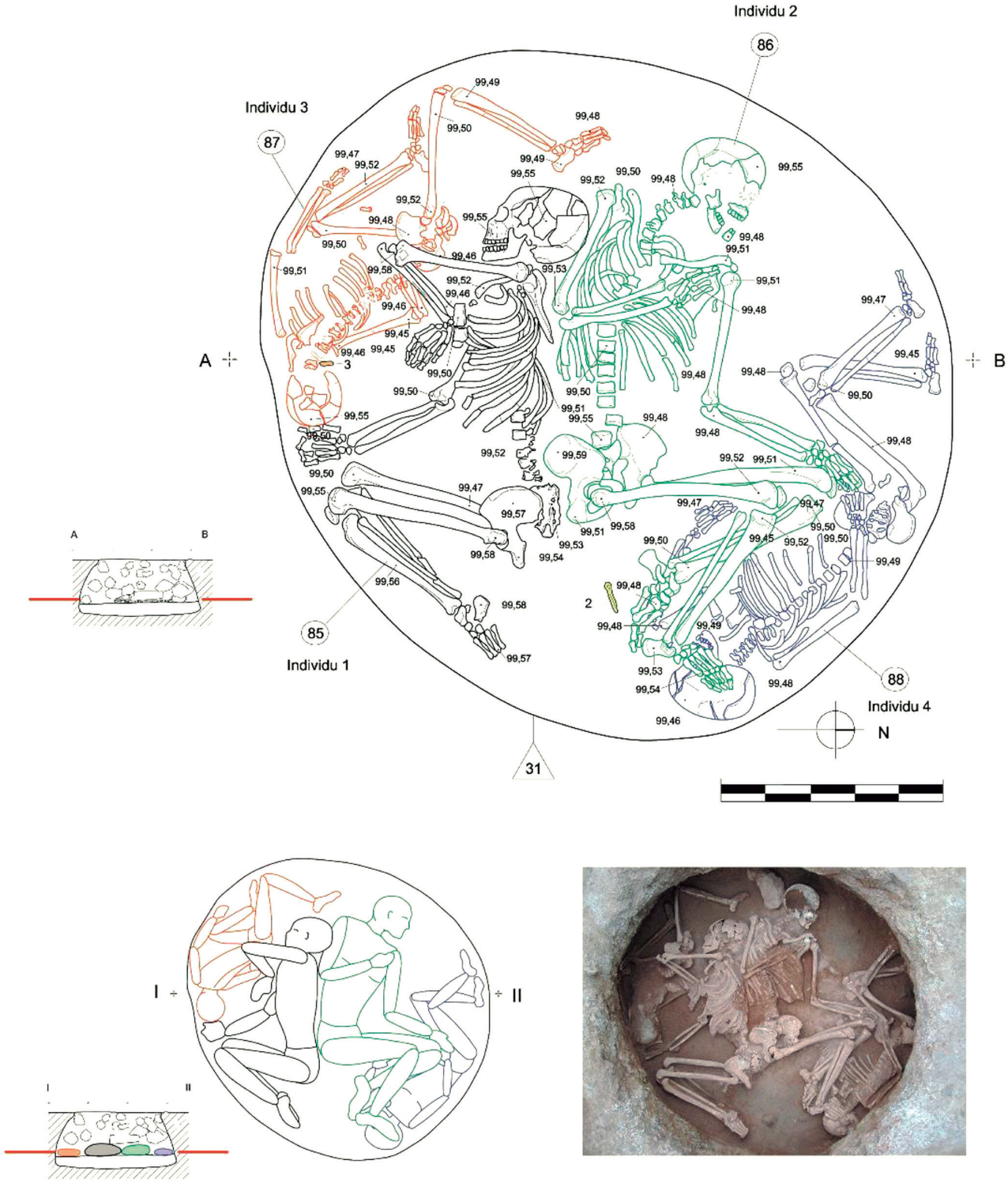

Fig. 1: Esquema y fotografía de la posición de los cuerpos de los individuos inhumados en Hort de Can Torras. Autoría de Jordi Roig y Joan Manel Coll de la empresa Arrago, S.L. / Schematic view and photograph of the position of the bodies of the individuals buried at Hort de Can Torras.

indican las medidas de seguridad recomendadas para la manipulación de muestras antiguas destinadas a su análisis genético (Pääbo *et al.*, 2004; Llamas *et al.*, 2016; Fulton y Shapiro, 2019).

Adicionalmente, se llevó a cabo un análisis genético de los mismos marcadores en todo el personal que haya entrado en contacto con las muestras, ya haya sido antes o durante el análisis genético de las mismas

(personal de museo, arqueólogos, antropólogos, investigadores, etc.); para poder controlar las posibles fuentes de ADN exógeno.

3.2. Metodología

a. Instalaciones del laboratorio, y precauciones durante el análisis y criterios de autenticidad

Debido a que el trabajo se ha realizado con muestras muy antiguas y degradadas, el análisis ha sido llevado a cabo en un laboratorio exclusivo para ADN crítico, con áreas de trabajo físicamente separadas, de acceso limitado; y durante el análisis se han seguido una serie de medidas para detectar y minimizar, en la medida de lo posible, la contaminación con ADN exógeno y la aparición de artefactos (falsas amplificaciones). Estas medidas se utilizan rutinariamente en laboratorios de análisis de ADN antiguo y garantizan la autenticidad de los resultados obtenidos (Pääbo *et al.*, 2004; Llamas *et al.*, 2016; Fulton y Shapiro, 2019).

Las precauciones o criterios de autenticidad empleados en el presente trabajo fueron:

- Análisis en un laboratorio exclusivo de ADN antiguo empleando material exclusivo para este fin.
- Separación física de las áreas de extracción PCR y post-PCR en diferentes salas del laboratorio.
- Eliminación de la capa superficial del hueso/diente previamente a la extracción de su material genético.
- Empleo de material desechable.
- Limpieza periódica de las superficies con lejía e irradiación de las salas de extracción y amplificación con luz UV antes y después de cada proceso experimental.
- Uso de ropa protectora (guantes, buzo, mascarilla) por parte de los investigadores durante las fases de extracción y amplificación.
- Procesado de controles o blancos, a los que se añaden todos los reactivos excepto el tejido antiguo, y que son procesados de forma paralela a las muestras objeto de estudio durante las fases de extracción (controles de extracción) y durante la amplificación (controles de amplificación o PCR).
- Comparación de los perfiles genéticos obtenidos con los de los investigadores del laboratorio de Genética Forense y Genética de Poblaciones que han manipulado la muestra.
- Replicación del experimento dentro del mismo laboratorio mediante la realización de, al menos, dos extracciones a partir de diferentes muestras del mismo individuo, y dos amplificaciones a partir del mismo extracto.

b. Limpieza y trituración de las muestras

En primer lugar, se llevó a cabo una limpieza superficial de las muestras con una “Arenadora” o Sand-blaster Dentalfarm, modelo Base 1 Plus, que inyecta óxido de aluminio a presión. Mediante este procedimiento se elimina la capa superficial del diente por abrasión, y con ello la parte de la suciedad procedente del enterramiento y posibles moléculas de ADN contaminante.

Una vez realizada la limpieza, las muestras se irradiaron con luz ultravioleta (UV) durante 30 minutos por cada superficie en el interior de una campana de seguridad biológica. De este modo la luz ultravioleta se encarga de inhabilitar el ADN que haya podido ser introducido durante la fase de limpieza, y todas aquellas moléculas de ADN contaminante que hayan sobrevivido a dicha fase.

Una vez limpias, las muestras se trituraron en un molino refrigerado con nitrógeno líquido, obteniéndose como resultado polvo de diente.

c. Extracción del material genético

El polvo de diente resultante de la trituración fue procesado para extraer a partir de él una cantidad suficiente de ADN. Para ello se tomaron 250 mg. de polvo de diente, y se incubaron durante una noche en una Solución de Extracción, compuesta por EDTA en alta concentración, compuesto quelante que favorece la desmineralización del diente o hueso. Así mismo, contiene proteinasa K, para digerir las proteínas; favoreciendo la liberación del ADN.

La extracción del ADN total se realizó según el protocolo para extracción de ADN a partir de muestras óseas y dentales antiguas de Rohland y Hofreiter (2009).

Se trata de una técnica de extracción basada en el empleo de sílica (Dióxido de silicona). Los extractos de ADN se guardaron en un congelador a -20ºC hasta su procesado.

d. Amplificación y análisis del ADN mitocondrial

La región objeto de estudio corresponde a un fragmento de 244 pares de bases de la Región Hipervariable I (HVRI) del ADN mitocondrial (posiciones 16126-16369). Esta región fue seleccionada y amplificada mediante la amplificación independiente de dos regiones más cortas, solapantes mediante la Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) usando cebadores específicos que proporcionan dos productos de amplificación de 133 y 112 pares de bases.

La técnica empleada para la amplificación de dichos fragmentos solapantes consiste en una reacción de amplificación de 40 ciclos utilizando el Multiplex PCR Kit de la casa comercial Qiagen®.

Los productos de amplificación obtenidos se secuenciaron, mediante secuenciación Sanger, en la Unidad de Secuenciación del Campus de Cantoblanco (Madrid) perteneciente al Parque Científico de Madrid. Las secuencias así obtenidas se compararon con la

secuencia consenso de Cambridge revisada (rCRS) (Anderson *et al*. 1981; Andrews *et al*. 1999), a la que se hace referencia a la hora de determinar el haplotipo (conjunto de mutaciones que caracterizan al ADN de un individuo concreto, en el caso del ADN mitocondrial el haplotipo viene definido por las mutaciones características de dicho ADN que lo diferencian de la secuencia consenso de Cambridge revisada (rCRS).

Los resultados se consideraron consistentes solamente si fue posible obtener por duplicado la misma secuencia a través de dos amplificaciones independientes a partir del mismo extracto de ADN. Además, de sólo considerarlos como válidos en caso de que los controles negativos realizados durante la amplificación de ADN mitocondrial y la extracción aportaran un resultado negativo. Y se verán más soportados si este mismo resultado se obtiene a partir de dos muestras independientes del mismo individuo.

Finalmente, se llevó a cabo la de los haplotipos obtenidos en las bases de datos EMPOP y Phylotree (Parson y Dur, 2007; van Oven y Kayser, 2008), con la finalidad de conocer su distribución de frecuencia en diferentes poblaciones actuales, así como para poder determinar los correspondientes haplogrupos mitocondriales a los que pertenece cada individuo.

e. Análisis de fragmentos autosómicos

El análisis de fragmentos autosómicos fue realizado utilizando el kit AmpFLSTR MiniFiler PCR Amplification Kit (Applied Biosystems™), de acuerdo con el manual del utilizador. El análisis fue realizado por duplicado, en cada una de las muestras de cada individuo.

Del mismo modo que ocurría con la amplificación de ADN mitocondrial, en este caso también se consideraron válidos únicamente los resultados replicantes, con ausencia de resultado en controles negativos de extracción y amplificación.

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Respecto al estudio de relaciones de parentesco cercano, no fue posible confirmar el parentesco cercano entre los individuos, debido al mal estado de preservación del ADN nuclear. No ha sido viable amplificar este tipo de información, posiblemente debido al estado crítico, elevada fragmentación de las cadenas de ADN, y degradación de las muestras. Por este motivo, no existen datos relativos a información de marcadores nucleares y no ha sido factible determinar la probabilidad asociada a una posible familia biológica. Asimismo, tampoco se ha podido confirmar y/o determinar el sexo biológico de cada individuo; ni amplificar cromosoma Y.

Sin embargo, sí fue posible la amplificación de resultados de ADN mitocondrial sólidos y replicables; que nos han permitido dar respuesta a algunas cuestiones a cerca del linaje materno de los individuos. Además, se obtuvieron controles de extracción y amplificación limpios en todos los casos, lo cual aporta solidez a los resultados obtenidos.

En relación al estudio de ADN mitocondrial, solo fue posible obtener resultados sobre dos de los individuos, el adulto masculino (HCT-11-86) y la niña (HCT-11-88). Podemos observar los resultados en la Tabla II.

En cada caso se realizó un número determinado de amplificaciones para los dos fragmentos de cada muestra. Sin embargo, tras estos dos ensayos, se obtuvo un elevado número de resultados discordantes y no se obtuvo amplificación en algunas PCRs. Por ello se repitieron las pruebas, hasta un máximo de 5 amplificaciones. Tras las múltiples repeticiones, no fue posible obtener secuencias completas (de los dos fragmentos) de la Región Hipervariable I que fueran reproducibles en prácticamente ningún caso. Posiblemente ello se debe a la escasez de ADN y/o al daño molecular.

Una vez determinado el haplotipo de dos de los individuos, los respectivos haplogrupos mitocondriales fueron estimados utilizando la herramienta y base de datos de EMPOP, vinculada al Phylotree (Parson y Dur, 2007; van Oven y Kayser, 2008). De este modo, fue posible hacer una estimación del haplogrupo mitocondrial correspondiente a cada haplotipo secuenciado (Tabla II). Cada haplogrupo se define como un cluster de haplotipos que presentan ciertas mutaciones comunes. A su vez, cada haplogrupo tiene una distribución étnica y geográfica característica.

Además, en la última columna de la tabla II también se recoge un resumen de la distribución de los haplogrupos determinados durante el Neolítico. Para poder conocer esta distribución se utilizó la base de datos AmtDB (*https://amtdb.org/*).

El haplogrupo R6a2, determinado para el individuo HTC-11-86 no se ha encontrado en otros yacimientos del Neolítico recogidos en la base de datos AmtDB, sin embargo, otras ramas del macrohaplogrupo R parecen haber mostrado una amplia distribución por Asia occidental durante el Neolítico (Tabla II), de acuerdo con la base de datos AmtDB. En cuanto al haplogrupo HV0, se ha encontrado en un único individuo de la base de datos AmtDB, concretamente ubicado también en la Península Ibérica, concretamente en el yacimiento de Camino de las Yeseras (cerca de la actual Coslada, Madrid).

Si llevamos a cabo una búsqueda de los haplotipos y haplogrupos determinados en bases de datos de población actual, como es el caso de la base de datos EMPOP y Phylotree (Parson y Dur, 2007; van Oven y Kayser, 2008), podemos decir que la distribución del haplotipo de HCT-11-86 (individuo 1) actualmente está extendida fundamentalmente por el sur y sureste asiático, concretamente Tailandia y Pakistán, con una frecuencia relativamente baja en la actualidad (4/43642). Podemos observar la distribución de dicho haplogrupo en la Figura 2 (a, parte superior). En cuanto al indivi-

Individuo	Haplotipo de ADN mitocondrial	Frecuencia del haplotipo de EMPOP	Haplogrupo más probable (Búsqueda realizada en EMPOP con fecla: 28/4/25)	Lugares donde se han encontrado individuos contemporáneos del mismo haplogrupo (Búsqueda realizada en la base de datos de ADN antiguo: AmtDB database; con fecha: 28/4/25)
HTC-11-86	(16105-16399) 16129A, 16213A, 16355Y, 16362Y	6/57917	R6A2	- No se han encontrado individuos R6a2. Pero si algunos de otros clados dentro de R: - 4 individuos R2 en Irán - 1 individuo R1e1 en Hungría - 2 individuos R0a en Jordania
HTC-11-88	(16105-16399) 16298C	533/57917	HV0	- HV0d: 1 en España (Coslada, Madrid) (2460-2921 B.P.) - HV0a: 5 en Polonia - HV0 + 195: 1 en Gran Bretaña

Tabl. 2: Resultados del análisis de ADN mitocondrial. En la tabla se muestra el haplotipo obtenido para los individuos HTC-11-86 y HTC-11-88, así como sus respectivos haplogrupos mitocondriales estimados con la base de datos de EMPOP. / Results of the mitochondrial DNA analysis. The table shows the haplotype obtained for individuals HTC-11-86 and HTC-11-88, as well as their corresponding mitochondrial haplogroups estimated with EMPOP database.

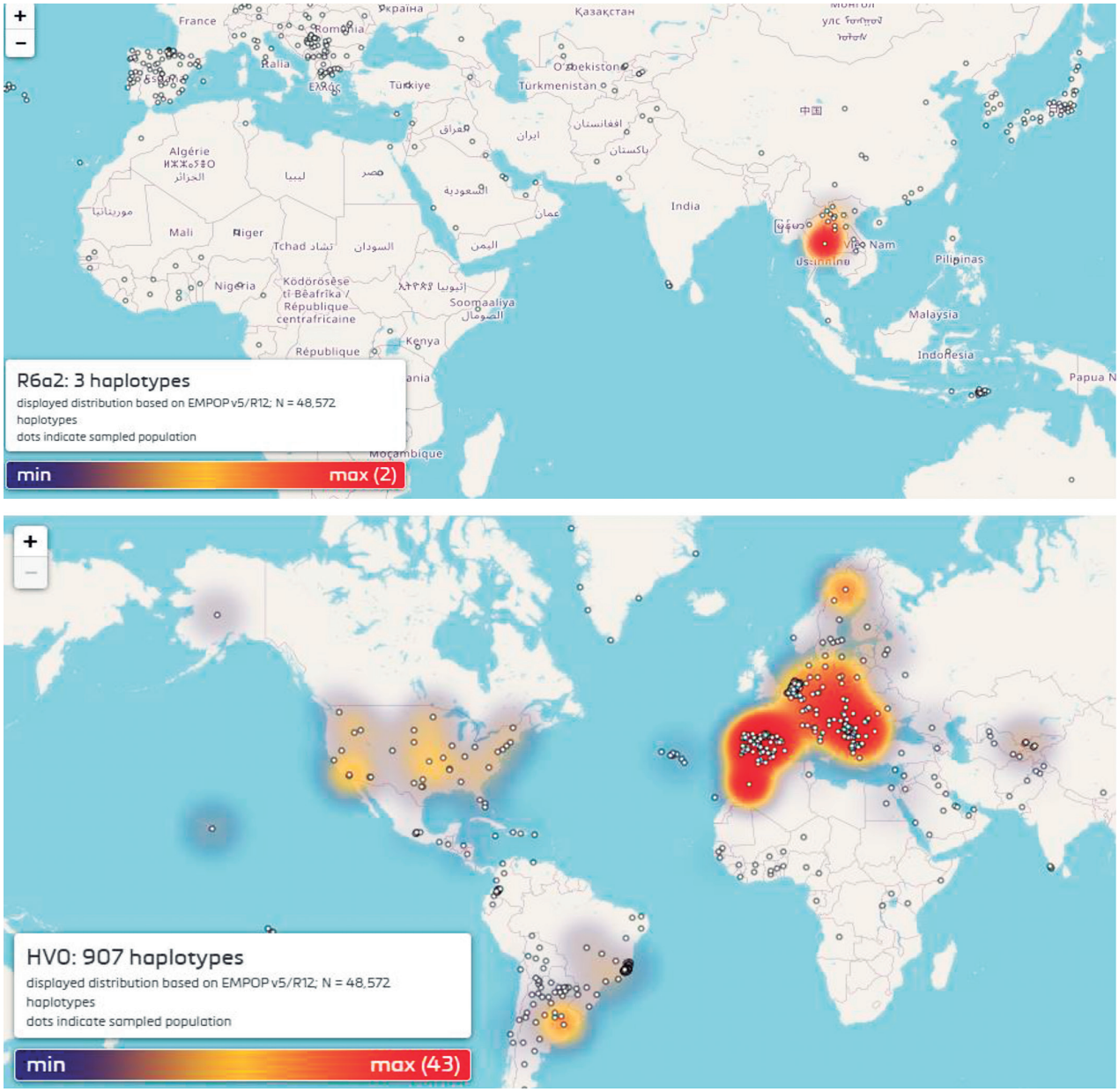

Fig. 2: Distribución de los haplogrupos: R6a2 (en el mapa de la parte superior (a)) determinado para el individuo HCT-11-86; y HV0 (en el mapa de la parte inferior (b)), determinado para el individuo HCT-11-88. Ambos de acuerdo con la población actual registrada en la base de datos de EMPOP (Parson and Dur, 2007). / Haplogroup distribution: R6a2 (in the map at the top (a)) determined for individual HCT-11-86; and HV0 (in the map at the bottom (b)), determined for individual HCT-11-88. Both according to the current population recorded in the EMPOP database (Parson and Dur, 2007).

duo HCT-11-88 la distribución actual de su haplogrupo (HV0) es ampliamente distribuido por Europa, pudiendo observar la distribución actual en la Figura 2 (b, parte inferior).

5. CONCLUSIONES

1. Teniendo en cuenta que se trata de un individuo masculino adulto (HCT-11-86) y un individuo subadulto femenino (HCT-11-88), no podemos descartar que pudiera tratarse de una relación padre-hija, o cualquier otro tipo de parentesco por vía paterna; dado que en estos casos los individuos no tienen por qué compartir el ADN mitocondrial. Lo que sí podemos confirmar con certeza es que no existían lazos biológicos por vía materna entre los dos.
2. Respecto al origen biogeográfico, se determinó que el individuo HCT-11-86 pertenecía al haplogrupo mitocondrial R6a2, en la actualidad distribuido fundamentalmente por el sur y sureste asiático, no habiendo encontrado indicios del mismo durante el Neolítico en las bases de datso disponibles. Respecto al individuo HCT-11-88 perteneciente al haplogrupo HV0, frecuente en la región mediterránea.

6. AGRADECIMIENTOS

Algunos de los estudios relativos a esta investigación se realizaron en el marco de los proyectos:

- Aproximación a las primeras comunidades neolíticas del NE peninsular a través de sus prácticas funerarias (HAR2011-23149)
- Tools, Techniques and Specialists: the keys to understand the Mesolithic-Neolithic transition in Mediterranean Europe (PID2020-112513RB-I00/AEI/10.13039/501100011033). Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. Agencia Estatal de Investigación.

BIBLIOGRAFÍA

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., Young, I.G., 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial gnome. Nature 290, 457-65.

Andrews, R.M., Kubacka, I., Chinnery, P.F., Lightowlers, R.N., Turnbull, D.M., Howell, N., 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. Nature Genetics 23, 147.

Coll, J.M., Roig, J., 2005. Un assentament del Neolitic i un viatge de l'antiguitat tardana als Horts de Can Torras. Castellar del Vallès, Vallès Occidental. Recerca: Revista d'història i ciències socials i humanes de Castellar del Vallés 4, 45-58.

Fulton, T.L., Shapiro, B., 2019. Setting Up an Ancient DNA Laboratory. In: Shapiro, B., Barlow, A., Heintzman, P., Hofreiter, M., Paijmans, J., Soares, A. (eds) Ancient DNA. Methods in Molecular Biology, vol 1963. Humana Press, New York, NY.

Gibaja, J.F., 2003. Comunidades Neolíticas del Noreste de la Península Ibérica. Una aproximación socio-económica a partir del estudio de la función de los útiles líticos. BAR International Series, S1140. Archaeopress, Oxford.

Gibaja, J.F., Duboscq, S., Martín, A., Masclans, A., Morell, B., Remolins, G., Subirà, M.E., 2018. Symbolism, Exchange and Differential Grave Building Efforts during the neolithic of the North-Eastern Iberian Peninsula. The Necropolis of Bòbila Madurell-Can Gambús 1-2: An example of Unequal Objects and Grave Goods Distribution. In: Cruz, A., Gibaja, J.F. (Eds.), Interchange in Pre- and Protohistory: Case Studies in Iberia, Romania, Turkey and Israel, 69-81. BAR International Series, 2891.

Gibaja, J.F., Majó, T., Chambon, P., Ruíz, J., Subirá, M.E., 2010. Prácticas funerárias durante el Neolítico: Los enterramientos infantiles en el noreste de la Península Ibérica. Complutum Vol. 21 (2), 47-68.

Llamas, B., Valverde, G., Fehren-Schmitz, L., Weyrich, L. S., Cooper, A., & Haak, W., 2016. From the field to the laboratory: Controlling DNA contamination in human ancient DNA research in the high-throughput sequencing era. STAR: Science & Technology of Archaeological Research 3(1), 1-14.

Morell, B., 2019. La cronología como medio de interpretación social: los contextos funerarios del NE de la Península Ibérica entre finales del V e inicios del IV milenio cal.BC. Tesis Doctoral Inédita.

Pääbo, S., Poinar, H., Serre, D., Jaenicke, D., Hebler, J., Rohland, N., Kuch, M., Drause, J., Vigilant, L., Hofreiter, M., 2004. "Genetic analyses from ancient DNA". Annual Review of Genetics 38, 645-679.

Palomo-Díez, S., Gomes, C., López-Parra, A.M., Baeza-Richer, C., Esparza-Arroyo, A., Velasco-Vázquez, F.J., Arroyo-Pardo, E., 2016. Evaluación de resultados del análisis de ADN antiguo en función de las características macroscópicas de las muestras. Poblaciones Humanas, Genética, Ambiente y Alimentación, 286-303.

Parson, W., Arne D., 2007. EMPOP, A Forensic mtDNA database. Forensic Science International: Genetics 1, 88-92.

Reimer,P.J., Bard, E., Bayliss, A., Beck, J.W., Blackwell, P.G., Bronk Ramsey, C., Buck, C.E., Cheng, H., Edwards, R.L., Friedrich, M., Grootes, P.M., Guilderson, T.P., Haflidason, H., Hajdas, I., Hatte, C., Heaton, T.J., Hoffmann, D.L., Hogg, A.G., Hughen, K.A., Kaiser, K.F., Kromer, B., Manning, S.W., Niu, M., Reimer, R.W., Richards, D.A., Scott, E.M., Southon, J.R., Staff, R.A., Turnery, C.S., Van der Plich, J., 2013. IntCal13 and Marine13 radiocarbon age calibration curves 0–50,000 years cal BP. Radiocarbon, 55, 1869-1887.

Rohland, N., Siedel, HP., Hofreiter, M., 2009. A rapid column - based ancient DNA extraction method for increased sample throughput. Molecular Ecology. Resources. 10 (4), 677-683.

Roig, J., Coll, J.M., 2018. El enterramiento múltiple en silo de Horts de Can Torras (Castellar del Vallès, Barcelona). In: Gibaja, J.F., Subirà, M.E., Martín, A., Mozota, M., Roig, J. (Eds.), Mirando a la Muerte: Las prácticas funerarias durante el neolítico en el noreste peninsular, E-ditArx - Publicaciones Digitales, 73-89.

Van Oven, M., Manfred K., 2008. Updated Comprehensive Phylogenetic Tree of Global Human Mitochondrial DNA Variation. Human Mutation. Mutation in Brief 30, E386–E394.