

# Enterramientos en fosa en el Neolítico Antiguo en Navarra: evaluación de las evidencias arqueológicas mediante el estudio antropológico y molecular

HERVELLA M<sup>1</sup>, IZAGIRRE N<sup>1</sup>, ALONSO S<sup>1</sup>,  
FREGEL RI<sup>2</sup>, DE LA RÚA C<sup>1</sup>

*Rev. Esp. Antrop. Fís.* (2009) **30**: 31-38

*Aceptado* : 2 octubre 2009

<sup>1</sup> Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Facultad de Ciencia y Tecnología. Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal; Bilbao.

<sup>2</sup> Universidad de La Laguna, Facultad de Biología, Área de Genética; La Laguna, Santa Cruz de Tenerife.

*Palabras clave*: ADN antiguo, ADN mitocondrial, Neolítico Antiguo y enterramientos en fosa

---

El yacimiento de Paternanbidea (Ibero, Pamplona) resulta excepcional tanto por su antigüedad, Neolítico Antiguo (6.090-5.960 ± 40 años BP), como por las evidencias culturales que ha proporcionado. Los individuos recuperados se encuentran dispuestos en tres fosas dobles y una múltiple. El objetivo de este estudio es evaluar, mediante datos antropológicos y moleculares basados en la variabilidad del ADN mitocondrial (ADNmt), algunas interpretaciones tradicionales generadas a partir de las evidencias arqueológicas. Se han recuperado individuos de diferente sexo y edad lo que plantea la posibilidad de que existan relaciones familiares entre ellos. Sin embargo, los haplotipos mitocondriales resultantes no apoyan la existencia de relaciones familiares via materna entre los inhumados dentro de cada fosa. En cuanto a la variación genética entre fosas, la presencia del subhaplogrupo H3 en dos individuos de este yacimiento podría apoyar esta posibilidad. Del presente estudio podemos deducir que el patrón de enterramiento en este yacimiento, no se basa en relaciones familiares via materna, al menos para los individuos recuperados en la excavación arqueológica.

© 2009 Sociedad Española de Antropología Física

---

## Introducción

Las características de los enterramientos de las poblaciones humanas del pasado pueden ser un reflejo de los aspectos sociales y biológicos de las sociedades que las representaban, ya que la variabilidad de las prácticas funerarias depende de numerosos factores, económicos, sociales y culturales, entre otros (Warson, 1994). Así, con el estudio de los aspectos funerarios en el contexto de variabilidad biológica, se puede llegar a una mejor comprensión de la estructura social y el comportamiento biológico de las poblaciones que vivieron en el pasado (Alzualde et al., 2005; Alzualde et al., 2006; Alzualde et al., 2007; Casas et al., 2006; Fernández et al., 2008; Fregel et al., 2009; Guimaraes et al., 2009; Vernesi et al., 2004).

Tradicionalmente, el estudio de los restos óseos de los individuos de poblaciones antiguas se ha abordado mediante el análisis de la variabilidad morfológica. Actualmente, gracias al desarrollo de las técnicas de análisis del ADN antiguo (ADNa), podemos estudiar la variación genética de las poblaciones antiguas, así como posibles relaciones genéticas entre los individuos de una población y entre poblaciones. Por lo tanto, el análisis del ADN recuperado de los restos óseos o dentarios antiguos, permite una aproximación directa, mediante comparaciones diacrónicas y sincrónicas de la historia genética de las poblaciones.

La variabilidad del ADNmt permite llevar a cabo estudios de evolución humana, posibilitando el análisis de relaciones evolutivas entre poblaciones (Pääbo, 1989). La variabilidad de los haploti-

**Tabla 1.** Yacimiento de Paternanbidea (Ibero, Navarra) (Neolítico antiguo): relación de individuos analizados. Se indican el sexo y edad estimados, así como los haplotipos (HT) mitocondriales y el haplogrupo (HG) al que pertenecen los individuos.

INDIVIDUO	FOSA	SEXO	EDAD	HT	HG
PAT-1E1	1		adulto-joven > 17-20 años	ht 1	U
PAT-1E2	1	masculino	adulto-joven < (17-25 años)		
PAT-1E3	1	masculino	adulto (40-50 años)	ht 2	H
PAT-1E4	1	femenino	adulto-joven (16-21 años)	ht 3	H3
PAT-1E5	1		infantil (9-10 años)	ht 4	H
PAT-1E6	1	masculino	adulto-senil		
PAT-1E7	1		infantil < 1 año		
PAT-2E1	2	femenino?	juvenil (14-16 años)	ht 2	H
PAT-2E2	2	femenino	juvenil (15-16 años)	ht 5	K
PAT-3E1	3	masculino	adulto-maduro		
PAT-3E2	3	femenino?	adulto-joven	ht 6	HV
PAT-4E1	4	masculino	adulto-maduro (35-50 años)	ht 7	I
PAT-4E2	4	femenino	adulto-joven (25-35 años)	ht 3	H3

pos mitocondriales se puede clasificar en diferentes conjuntos denominados haplogrupos, que se diferencian por presentar una serie de mutaciones estables y específicas en las distintas variantes geográficas de la especie humana. Además, debido a que el ADNmt presenta un alto número de copias por célula, permite una mayor supervivencia y recuperación del ADN a partir de muestras humanas arqueológicas (Pääbo, 1989). Sin embargo, los resultados derivados del estudio del ADNmt se deben interpretar con cautela, ya que al heredarse en bloque se comporta como un único locus y al transmitirse por vía materna, se limita únicamente a la reconstrucción de la demografía de los linajes femeninos.

El presente estudio se centra en el análisis morfológico y genético de los restos óseos y dentarios recuperados del yacimiento de Paternanbidea (Ibero, Navarra; 6.090-5.960 ± 40 años BP), el cual tiene una gran importancia, al tratarse de un poblado al aire libre plenamente Neolítico, tanto en el sentido cronológico como cultural del término. En él se han recuperado evidencias de prácticas ganaderas y agrícolas, lo que permite afirmar que la difusión cultural asociada al Neolítico en el País Vasco, data por lo menos del quinto milenio (García Gazólaz, 1998; García Gazólaz & Sesma, 2007).

La información proveniente de las evidencias arqueológicas recuperadas en este yacimiento muestra la presencia de cuatro fosas muy próximas entre sí; tres corresponden a enterramientos dobles (fosa 2, 3 y 4), mientras que la restante pertenece a un enterramiento múltiple (fosa 1) con al menos cinco individuos inhumados, según el informe arqueológico (Tabla 1). La disposición de los restos en la fosa 1, permite asignar un carácter acumulativo a esta fosa que pudo ser reutilizada en diversas ocasiones, probablemente tanto para alojar nuevos restos como para trasladarlos a nuevas fosas. Esto mismo ocurre en la fosa 3, donde los importantes desplazamientos que presentan los inhumados, hace pensar en una reapertura de la fosa. En las fosas 2 y 4, la ausencia de desplazamientos que indiquen movimientos postdeposicionales de los esqueletos, encarados el uno al otro, contribuye a pensar que estos individuos fueron inhumados en un solo acto y sin intervalo de tiempo (García Gazólaz, 1998; García Gazólaz & Sesma, 2007).

En cuanto a los ajueres que acompañan a los inhumados, en la fosa 1 aparecen distintos tipos de cuentas de collar sobre concha, piedra, hueso y variscita, que serían los collares que llevaban algunos de los individuos, sin embargo al ser una fosa reutilizada pudo haberse producido también la remoción de estos adornos. En la fosa 2, un individuo (PAT-2E1) lleva en un costado un cuenco de cerámica con decoración impresa y el otro (PAT-2E2) lleva un collar de dos vueltas a base de pequeñas cuentas circulares de hueso con un motivo central de tres cuentas de variscita. Los ente-



**Figura 1.** Ubicación geográfica del yacimiento de Paternanbidea en el País Vasco.

rrados en las fosas 3 y 4 no portan elementos de adorno, pero si han ofrecido varias armaduras de flechas asociadas (García Gazólaz, 1998; García Gazólaz & Sesma, 2007).

El objetivo de este trabajo es evaluar, mediante datos antropológicos y moleculares, las interpretaciones generadas a partir de las evidencias arqueológicas representadas en este yacimiento, las cuales sugieren que la agrupación de individuos en fosas diferenciadas podría responder a factores sociales y/o biológicos, ahondando así en la interpretación del comportamiento biosocial de los inhumados en este yacimiento neolítico del Alto Valle del Ebro, mediante el análisis conjunto de los datos demográficos, genéticos y culturales.

### Material y Métodos

El yacimiento neolítico de Paternanbidea, se trata de un yacimiento al aire libre, ubicado en el término municipal de Ibero en la cuenca de Pamplona (Figura 1) cuya datación absoluta ofrece una cronología de  $6.090 \pm 40$  años BP y  $5.960 \pm 40$  años BP (a partir de fragmentos óseos de la fosa 1 y la 2 respectivamente) (García Gazólaz, 1998; García Gazólaz & Sesma, 2007).

La estimación del sexo y edad se ha llevado a cabo mediante los criterios morfológicos habituales (White et al., 2005). En cuanto al sexo, la morfología de la pelvis ha sido el principal criterio, ya que incluso en restos fragmentarios es posible identificar porciones con dimorfismo sexual. Los restos craneales, en caso de existir, se utilizaron para verificar el diagnóstico. En cuanto a la edad, en el caso de los adultos se han utilizado los cambios degenerativos de la superficies articulares (sínfisis púbica y articulación sacro-iliaca), la obliteración de las suturas craneales y el desgaste dentario. La edad de los subadultos se ha estimado mediante la calcificación y erupción dentarias y mediante el desarrollo y fusión de los centros de osificación.

En el análisis molecular realizado, hemos seguido un estricto criterio de selección de piezas dentarias (sin caries, ni fisuras). Siempre que ha sido posible, se ha tomado más de un diente por individuo, pudiendo reunir 24 piezas dentarias correspondientes a 9 individuos, lo que nos ha permitido cumplir con los criterios de autenticación de los resultados, tales como la duplicación y la replicación. Las piezas dentarias se han sometido a un proceso de limpieza de la superficie externa mediante ácidos (ácido acético al 20% y ácido clorhídrico al 15%) e irradiación ultravioleta, a fin de eliminar posibles ADN contaminantes (Ginther et al., 1992). Tras lo cual, se realiza la extracción orgánica del ADN mediante fenol: cloroformo y posterior concentración y purificación (Izaguirre & de la Rúa, 1999). En estos extractos hemos llevado a cabo el análisis de la variabilidad del ADNmt, mediante la secuenciación del segmento I (HVS-I) de la región control, el análisis de los motivos de la región codificante por medio de RFLPs, y la determinación del nucleótido en la posición 73 del segmento II de la región control.

La secuencia del HVS-I analizada en este estudio comprende las posiciones nucleotídicas 15.998-16.400 (Anderson 1981). Debido al estado fragmentario y degradado del ADN antiguo, la amplificación de esta región se ha llevado a cabo mediante seis fragmentos solapantes de entre 93 y 133 pb de longitud. Cada fragmento ha sido amplificado en PCRs independientes, para ello se ha preparado la siguiente mezcla de reacción en un volumen final de 25µl con 10mM Tris-HCL pH 8.3; 50mM KCl; 2M MgCl<sub>2</sub>; 100µM de dNTP; 20µg BSA; 0.4µM de cada cebador; 1U de AmpliTaq Gold polimerasa (Applied Biosystem) y 10µl de ADN diluido (1:10). Esta mezcla de reacción se somete a un ciclo previo de desnaturalización a 95 °C durante 10 min, seguido de 36-40 ciclos a 95°C 15s, 30s a la temperatura de anillamiento para cada par de cebadores y 10s a 72°C; por último se realiza un ciclo de extensión a 72° C 10min (Alonso et. al 2003). Tras comprobar los productos amplificados en un gel de agarosa al 2%, se han purificado por la acción de dos enzimas una exonucleasa I y una fosfatasa alcalina (ExoSAP-IT; USB corporation). Tras la purificación de los productos amplificados, éstos se han sometido a una reacción de secuenciación con AmpliTaq ADN Polymerase, FS (ADN Sequencing Kit, dRhodamine Terminator Cycle Ready Reaction; Applied Biosystems).

La determinación de la posición nucleotídica 73 de la HVS-II se ha realizado mediante la secuenciación de un fragmento de 101 pb. Siguiéndose las condiciones de PCR descritas para la secuenciación de la región HVS-I. Los cebadores utilizados son 7F: GGT CTA TCA CCC TAT TAA CC y 7R: GAT ACT GCG ACA TAG GGT GC. El análisis de los polimorfismos de la región codificante del ADNmt se ha realizado mediante PCR-RFLPs para su clasificación en los 10 haplogrupos mitocondriales caucásicos descritos (Torroni et al., 1996, Macaulay et al., 1999). Para este análisis se han utilizado las condiciones de PCR y los cebadores descritos en Alzualde et al., 2005. Además, se han llevado a cabo los criterios de autenticación propuestos para los estudios de ADN (Cooper & Poinar, 2000; Hofreiter et al., 2000; Montiel et al., 2001; Pääbo, 1989; Pääbo et al., 2004; Poinar et al., 1996). La extracción del ADN y la preparación de las PCRs de las muestras se han llevado a cabo en un laboratorio independiente, exclusivamente dedicado al trabajo con ADN y por tanto libre de ADN moderno. Además, se han tenido en cuenta todas las precauciones necesarias para evitar la contaminación (gorros, mascarilla, bata desechable, limpieza de las superficies de trabajo con lejía e irradiación con luz UV, y presión positiva).

Se han realizado los controles oportunos tanto durante la extracción del ADN (blanco de la extracción, control sometido a todo el proceso de la extracción, pero al que no se le ha añadido tejido), como durante la amplificación de las muestras (control negativo de la PCR, muestra a la que se le han añadido todos los reactivos necesarios para la amplificación, excepto el ADN). Se ha cuantificado el número de moléculas molde presentes en el extracto mediante PCR cuantitativa a tiempo real. Debido al estado de conservación, se ha analizado el 70% de los individuos, habiéndose verificado el 88% de los resultados mediante duplicación, consistente en el análisis de dos muestras del mismo individuo en nuestro laboratorio, llevadas a cabo independientemente por dos

investigadores. Además, se han replicado el 33% de las muestras en un laboratorio independiente (Dr. Vicente Cabrera de la Facultad de Biología, área de Genética de la Universidad de La Laguna). Finalmente un 41% de los fragmentos amplificados han sido clonados y posteriormente secuenciados, corroborando la secuencia obtenida mediante la secuenciación directa.

### Resultados y Discusión

El análisis morfológico de los restos esqueléticos ha permitido identificar al menos 13 individuos, siete de ellos en la fosa 1, tratándose de un enterramiento múltiple, en donde se describieron cinco individuos en el momento de la excavación. Los otros seis individuos se encuentran dispuestos en tres fosas dobles (fosa 2, 3 y 4).

La estimación del sexo se ha realizado en el 77% de los individuos, correspondiendo el 50% al sexo masculino y el otro 50% al femenino. La edad se ha estimado en todos los individuos abarcando un amplio rango desde el primer año de vida hasta la edad adulto-senil (Tabla 1). En la fosa 1 hay siete individuos, habiéndose estimado el sexo en cuatro de ellos, siendo uno femenino y otros tres masculinos. En cuanto a la edad, se trata de dos infantiles (uno menor de 1 año de vida y el otro de 9-10 años) y cinco adultos de distintas edades (3 jóvenes, 1 maduro, 1 senil) (Tabla 1). Sobre el significado de este enterramiento múltiple, se plantea la posibilidad de que se trate de miembros de un grupo familiar, dado el perfil demográfico, con un predominio de infantiles y jóvenes (cinco de siete individuos).

Dado que el análisis molecular se centra en el ADNmt, molécula que se hereda vía materna, solo es posible analizar relaciones entre madre e hijos/as, o cualquier otra relación familiar vía materna, pero no el resto de posibles relaciones familiares. En la fosa 1 se han obtenido resultados en cuatro de siete individuos, los cuales presentan haplotipos diferentes (denominados ht1 al ht4). Teniendo en cuenta la edad y sexo estimado en estos cuatro sujetos, no es posible plantear ninguna relación materno-filial. En un sentido más amplio, tampoco podemos decir que exista alguna relación vía materna entre ellos, ya que no se ha obtenido ningún haplotipo mitocondrial común en esta fosa (Tabla 1). En la fosa 3, aunque se han recuperado restos pertenecientes a dos individuos, existen también evidencias de haber sido reutilizada. Los dos individuos presentan diferente sexo y edad, pero solo se ha obtenido el haplotipo mitocondrial para uno de ellos (Tabla 1).

Una mención especial requiere el caso de las fosas 2 y 4, debido a que en cada una de ellas se encuentran una pareja de individuos inhumados de forma simultánea, sin evidencia de reutilización. En la fosa 2 hay dos sujetos femeninos juveniles con un ajuar diferenciado del resto: el individuo PAT-2E1 presenta un collar y una pulsera con unos motivos centrales específicos y el individuo PAT-2E2 una vasija de cerámica con decoración impresa. En cuanto al ADNmt, presentan haplotipos y haplogrupos diferentes (Tabla 1), por lo que hay que desestimar la probabilidad de parentesco, al menos por vía materna (como es el caso de hermanas o primas). En cuanto a la fosa 4, los resultados genéticos abocan a la misma conclusión que en el caso de la fosa 2, pero en este caso no podríamos descartar que se tratase de una pareja, en el sentido biológico del término, dada la edad y sexo de los inhumados (Tabla 1).

Los resultados obtenidos del análisis del ADNmt de nueve individuos analizados del yacimiento de Paternanbidea (Tabla 1), no apoyan la existencia de parentesco vía materna entre los individuos de una misma fosa. Sin embargo analizando la variación genética del conjunto de la necrópolis, encontramos dos haplotipos compartidos (ht2 y ht3) por dos individuos inhumados en fosas diferentes (fosas 1 y 2, ht2; fosas 1 y 4, ht3). Ambos haplotipos pertenecen al haplogrupo H, siendo este haplogrupo el más frecuente en la población europea actual. Cabe destacar que el haplotipo 3 corresponde al subhaplogrupo H3, el cual representa una pequeña fracción del haplogrupo H. Las frecuencias más altas del H3 dentro del haplogrupo H, se han obtenido en la Península Ibérica (16%) (Ennafaa et al., 2009), presentando valores elevados en la población vasca actual

(13,9%) seguido de Galicia (8,3%); sin embargo en el resto de Europa su frecuencia oscila entre el 0,4-6,2%, con la excepción de Cerdeña (8,5%) (Achilli et al., 2004).

Teniendo en cuenta el tamaño reducido de la muestra analizada, la presencia de dos sujetos pertenecientes al subhaplogrupo H3 aunque podría deberse a variaciones aleatorias, pensamos que puede explicarse por la existencia de una relación de parentesco por vía materna entre ambos sujetos.

La edad de coalescencia del haplogrupo H es de  $18,4 \pm 2,0$  kya y la del subhaplogrupo H3 es de  $10,3 \pm 2,4$  kya (Achilli et al., 2004). Esta edad sería compatible con la presencia de este subhaplogrupo en los individuos del yacimiento de Paternanbidea, ya que se trata de una población del Neolítico Antiguo ( $6.090 \pm 40$  años BP y  $5.960 \pm 40$  años BP)

El análisis del ADNmt nos aporta una información esencial en el estudio de esta necrópolis ya que las evidencias arqueológicas apuntaban a la hipótesis de algún tipo de relación familiar entre los individuos inhumados en cada fosa, sin embargo con los datos obtenidos a partir del ADNmt podemos descartar la existencia de cualquier tipo de relación familiar vía materna dentro de cada fosa. En cuanto a la variación genética entre las fosas, solo se han observado dos haplotipos compartidos (ht2 y ht3). Dada la elevada frecuencia del haplotipo 2 en la población europea actual, el hecho de que dos individuos de distinta fosa compartan este haplogrupo, no indica necesariamente que existan relaciones de parentesco materno entre ellos. Pero en el caso del haplotipo 3 no podríamos descartar la posibilidad de que existiese una relación familiar vía materna entre los individuos que lo portan.

En este yacimiento se observa una alta diversidad genética ( $0,944 \pm 0,0702$ ), indicándonos que los individuos inhumados en él no serían representativos de una población aislada ni de tamaño reducido. Ya que de ser así se darían cruzamientos endógamos, lo que incrementaría la posibilidad de que se repitieran uno o varios linajes en un mayor número de casos.

Por último, concluir que del análisis de algunas características antropológicas, culturales y genéticas en los individuos inhumados en este yacimiento, parece deducirse que en el patrón de enterramiento en este yacimiento no se basa en relaciones familiares vía materna.

### **Agradecimientos**

El presente trabajo ha sido realizado gracias a la financiación del Ministerio de Educación e Innovación mediante los proyectos CGL-2004-03300 y GCL2007-65515, así como la subvención a grupos de investigación del Gobierno Vasco (GIC07/43) y la concesión de una beca predoctoral FPI (MCel) a M.H. (BES-2005-6925). Asimismo, agradecemos a los arqueólogos J. Sesma y J. García-Gazólaz la información facilitada sobre este yacimiento.

### **Bibliografía**

- ACHILLI A, RENGO C, MAGRI C, BATTAGLIA V, OLIVIERI A, SCOZZARI R, CRUCIANI F, ZEVIANI M, BRIEM E, CARELLI V, MORAL P, DUGOUJON J M, ROOSTALU U, LOOGVALI E L, KIVISILD T, BANDELT H J, RICHARDS M, VILLEMS R, SANTACHIARA-BENERECETTI A S, SEMINO O, TORRONI A (2004) The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *Am. J. Hum. Genet.* 75:910-8.
- ALONSO A, ALBARRÁN C, MARTÍN P, GARCÍA P, GARCÍA O, DE LA RÚA C, ALZUALDE A, FERNÁNDEZ DE SIMÓN L, SANCHO M, FERNÁNDEZ DE PIQUERAS J (2003) Multiplex-PCR of short amplicons for mtDNA sequencing from ancient DNA. *Int Congress Series* 1239:585-588.
- ALZUALDE A, IZAGIRRE N, ALONSO S, ALONSO A, DE LA RUA C (2005) Temporal mitochondrial DNA variation in the Basque Country: influence of post-Neolithic events. *Ann. Hum. Genet.* 69: 665-679.
- ALZUALDE A, IZAGIRRE N, ALONSO S, ALONSO A, ALBARRÁN C, AZKARATE A, DE LA RUA C (2006) Insights into the "isolation" of the Basques: mtDNA lineages from the historical site of Aldaieta (6th-7th centuries AD). *Am. J. Phys. Anthropol.* 130: 394-404.

- ALZUALDE A, IZAGIRRE N, ALONSO S, ALONSO A, AZKARATE A, DE LA RUA, C (2007) Influences of the European Kingdoms of Late Antiquity on the Basque Country: An Ancient DNA Study. *Current Anthropology*. 48: 155-162.
- ANDERSON S, BANKIER AT, BARRELL BG, DE BRUIJN MH, COULSON AR, DROUIN J, EPERON IC, NIERLICH DP, ROE BA, SANGER F, SCHREIER PH, SMITH AJ, STADEN R, YOUNG IG (1981) Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290: 457-65.
- CASAS MJ, HAGELBERG E, FREGEL R, LARRUGA JM, GONZALEZ AM (2006) Human mitochondrial DNA diversity in an archaeological site in al-Andalus: Genetic impact of migrations from North Africa in medieval Spain. *Am J Phys Anthropol* 131(4):539-51
- COOPER A, POINAR H N (2000) Ancient DNA: do it right or not at all. *Science* 289: 1139.
- ENNAFAA H, CABRERA V M, BU-AMERO KK, GONZALEZ A M, AMOR M B, BOUHAHA R, DZIMIRI N, ELGAAIED AB, LARRUGA J M (2009), Mitochondrial DNA haplogroup H structure in North Africa. *BMC Genet*. 10: 1-8.
- FERNANDEZ E, ORTIZ JE, TORRES T, PÉREZ PÉREZ A, GAMBA C, TIRADO M, BAEZA C, LÓPEZ-PARRA AM, TURBÓN D, ANFRUNS J, MOLIST M Y ARROYO-PARDO E (2008) Mitochondrial DNA genetic relationships at the ancient Neolithic site of Tell Halula. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*; 1: 271-273.
- FREGEL R, PESTANO J, ARNAY M, CABRERA VM, LARRUGA JM, GONZALEZ AM (2009). The maternal aborigine colonization of La Palma (Canary Islands). *Eur J Hum Genet*. (in press)
- GARCÍA GAZÓLAZ J (1998) Paternanbidea (Ibero Navarra): Un yacimiento al aire libre de la prehistoria reciente de Navarra. *Cuadernos de Arqueología* 6: 33-48.
- GARCÍA GAZÓLAZ J, SESMA J (2007) Los enterramientos neolíticos del yacimiento de Paternanbidea (Ibero). *En La tierra te sea leve Arqueología de la muerte en Navarra Pamplona*.59-65.
- GINTHER C, ISSEL-TARVER L, KING M C (1992) Identifying individuals by sequencing mitochondrial DNA from teeth. *Nat. Genet*. 2: 135-138.
- GUIMARAES S, GHIROTTI S, BENAZZO A, MILANI L, LARI M, PILLI E, PECCHIOLI E, MALLEGNI F, LIPPI B, BERTOLDI F, GELICHI S, CASOLI A, BELLE EM, CAMELLI D, BARBUJANI G. (2009) Genealogical discontinuities among Etruscan, Medieval and contemporary Tuscans. *Mol Biol Evol*. (in press)
- HOFREITER M, JAENICKE V, SERRE D, HAESELER AV A, PÄÄBO S (2001) DNA sequences from multiple amplifications reveal artifacts induced by cytosine deamination in ancient DNA. *Nucleic Acids Res*. 29:4793-4799.
- IZAGIRRE N, DE LA RUA C (1999) An mtDNA analysis in ancient Basque populations: implications for haplogroup V as a marker for a major Paleolithic expansion from southwestern Europe. *Am. J. Hum. Genet*. 65: 199-207.
- MACAULAY V, RICHARDS M, HICKEY E, VEGA E, CRUCIANI F, GUIDA V, SCOZZARI R, BONNÉ-TAMIR B, SYKES B, TORRONI A. (1999). The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *Am J Hum Genet* 64: 232-249.
- MONTIEL R A, MALGOSA A, FRANCALACCI P (2001) Authenticating ancient human mitochondrial DNA. *Hum. Biol*. 75: 689-713
- PÄÄBO S (1989) Ancient DNA: extraction, characterization molecular, cloning and enzymatic amplification. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A*. 86: 1939-1943.
- PÄÄBO S, POINAR H, SERRE D, JAENICKE-DESPRES V, HEBLER J, ROHLAND N, KUCH M, KRAUSE J, VIGILANT L, HOFREITER M (2004) Genetic analyses from ancient DNA. *Annu. Rev. Genet*. 38: 645-679.
- POINAR HN, HOSS M, BADA JL, PÄÄBO S (1996) Amino acid racemization and the preservation of ancient DNA. *Science* 272: 864-866.
- TORRONI A, HUOPONEN K, FRANCALACCI P, PETROZZI M, MORELLI L, SCOZZARI R, OBINU D, SAVONTAUS ML (1996) Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations. *Genetics*.144: 1835-1850.
- VERNESI C, CAMELLI D, DUPANLOUP I, BERTORELLE G, LARI M, CAPPELLINI E, MOGGI-CECCHI J, CHIARELLI B, CASTRI L, CASOLI A, MALLEGNI F, LALUEZA-FOX C, BARBUJANI G (2004) The Etruscans: a population-genetic study. *Am J Hum Genet* 74: 694-704.
- WASON PK (1994) *The archaeology of rank*. Cambridge University Press, Cambridge.
- WHITE TD, FOLKENS PA (2005) *The human bone manual* Ed, Elsevier academic Press.

## Abstract

The site of Paternanbidea (Ibero, Pamplona) is exceptional both for its antiquity, dated in the Early Neolithic (6.090-5.960 ± 40 YBP), and for the cultural evidence that has yielded. The aim of this study is to assess, through the analysis the variability of mitochondrial DNA (mtDNA) and anthropological data, some of the traditional interpretations hypothesized from the archaeological evidence. Individuals of different sex and age were recovered, which raises the possibility that relationships exist between them. However, the mtDNA haplotypes observed do not support the existence of family relationships on the maternal side. Among graves, the presence of Haplogroup H3 in two individuals could support the above possibility. From this study we can

conclude that the pattern of burial at this site is not consistent with maternal family relationships, at least for the recovered individuals.

*Key words:* ancient DNA, mitochondrial DNA, Early Neolithic, grave burial

**Early Neolithic grave burials in Navarre: assessment of the archaeological evidence through molecular and anthropological analysis**