

**Estudio sobre ADN antiguo en restos arqueológicos desde una perspectiva histórica. El caso de las Islas Canarias**



Alejandra C. Ordóñez  
**DIRECTOR** Doctor D. Agustín Castañeyra Perdomo  
**CODIRECTORAS** Doctora Dña. Matilde Arnay de la Rosa  
 Doctora Dña. Rosa Irene Fregel Lorenzo.  
 2017

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
 Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

**Tesis Doctoral**

**Estudio sobre ADN antiguo en restos  
arqueológicos desde una perspectiva  
histórica. El caso de las Islas Canarias**

**Alejandra C. Ordóñez**

**2017**

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr	
Firmado por:	ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha:	28/06/2017 11:23:41
	AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
	MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
	ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
	ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

El Doctor D. Agustín Castañeyra Perdomo, la Doctora Dña. Matilde Arnay de la Rosa y la Doctora Dña. Rosa Irene Fregel Lorenzo, directores de la tesis doctoral presentada por la licenciada Alejandra Calderón Ordóñez.

Certifican que:

Alejandra Calderón Ordóñez, ha realizado bajo su dirección el trabajo de investigación correspondiente a la Tesis Doctoral: Estudio sobre ADN antiguo en restos arqueológicos desde una perspectiva histórica. El caso de las Islas Canarias.

Revisado el trabajo, estiman que puede ser presentado para ser juzgado por el tribunal que sea designado para su lectura.

Para que así conste y surta los efectos oportunos, en el cumplimiento de las disposiciones vigentes, extienden y firman el presente certificado en La Laguna a 26 de Junio de 2017.

Agustín Castañeyra  
Perdomo

Matilde Arnay de la  
Rosa Rosa

Rosa Irene Fregel  
Lorenzo

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

## Agradecimientos

En primer lugar quisiera agradecer a mis directores. A Agustín por brindarme la oportunidad de hacer parte de este programa de doctorado. A Matilde por el inestimable apoyo desde el primer día que pise la ULL, ha sido una gran mentora y un ejemplo a seguir, no sólo como investigadora sino también como persona. A Rosi por lo ánimos, los buenos ratos y por la paciencia infinita explicándome todo aquello que no sabía cuando me embarque en este proyecto.

A Vicente, Ana y José, por abrirme las puertas del laboratorio aunque viniera de un campo tan lejano. A Emilio porque desde la sombra siempre ha estado velando porque este trabajo llegara a buen puerto. A Mónica por su paciencia y compañía en las largas horas de laboratorio. Al Instituto de Medicina Legal en Las Palmas, por permitirme utilizar sus instalaciones.

A La Fundación Caja Canarias por la beca predoctoral que hizo posible que desarrollara esta investigación.

A todos los compañeros del departamento, por compartir la pasión por lo que hacemos, y porque a pesar de todo aquí seguimos. En especial a Aioze, por haber recorrido este camino juntos.

A mis padres, por su apoyo incluso cuando no entendían lo que estaba haciendo, sin ustedes nada de esto habría sido posible. A Blanca e Isaac, por estar siempre pendientes.

A mis amigos, gracias por los ánimos, la paciencia, por preguntarme cómo iba la tesis, y por ayudarme a no pensar en ella cuando hizo falta. Este camino ha sido mucho más entretenido gracias a ustedes.

A Iago, por su paciencia en este largo camino y por su insistencia y ánimos, sin él hace tiempo lo habría dejado, gracias por aportar tu arte a mi ciencia.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. <i>Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a></i>		
	Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

**A mi madre**

**A Iago**

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



# Índice

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

	Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA			Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA			28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA			28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA			28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA			04/07/2017 18:28:23



<b>I. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>1</b>
<b>I.1. Los estudios de Bioantropología en la isla de El Hierro.....</b>	<b>5</b>
<b>I.2. Los estudios de ADNa en Canarias.....</b>	<b>10</b>
<b>I.3. Objetivos.....</b>	<b>11</b>
<b>I.4. Estructura del trabajo.....</b>	<b>12</b>
<b>I.5 Los estudios de ADNa.....</b>	<b>14</b>
<u>I.5.1. Particularidades del ADNa.....</u>	<b>15</b>
<i>I.5.1.1. La degradación.....</i>	<b>16</b>
<i>I.5.1.2. La contaminación.....</i>	<b>19</b>
<i>I.5.1.3. Los Inhibidores.....</i>	<b>22</b>
<u>I.5.2. Soluciones planteadas a las dificultades metodológicas en los estudios de ADNa .....</u>	<b>23</b>
<i>I.5.2.1. Determinación de la presencia de ADN endógeno..</i>	<b>23</b>
<i>I.5.2.2. Extracción en distintos tipos de muestras.....</i>	<b>24</b>
<i>I.5.2.3. Soluciones a las consecuencias de la degradación.</i>	<b>25</b>
<i>I.1.2.4. La lucha contra la contaminación.....</i>	<b>27</b>
<i>I.5.2.5. ¿Cómo contrarrestar los inhibidores?.....</i>	<b>30</b>
<u>I.5.3 Fuentes de ADNa.....</u>	<b>33</b>
<i>I.5.3.1 Tejidos duros (hueso y diente).....</i>	<b>33</b>

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
968214	vACJKdfr	28/06/2017 11:23:41
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

1.5.3.2. Tejidos Blandos.....	36
1.5.3.3. Otras fuentes.....	36
<b>1.5.4. La investigación del ADN.....</b>	<b>38</b>
1.5.4.1 Marcadores genéticos estudiados.....	40
1.5.4.1.1 ADNmt.....	40
1.5.4.1.2. ADN nuclear.....	43
1.5.4.1.2.1 Cromosoma Y.....	43
1.5.4.1.2.2. Marcadores autosómicos.....	45
1.5.4.2 Estudios de ADN usando la NGS.....	46
1.5.5. El ADN como herramienta interdisciplinar.....	47
<b>1.6. Los estudios de ADN en las Islas Canarias.....</b>	<b>49</b>
1.6.1. Los estudios de ADN en poblaciones canarias actuales.....	50
1.6.1.1. Grupos sanguíneos y polimorfismos enzimáticos...50	
1.6.1.2. Marcadores uniparentales.....	53
1.6.1.2.1 Linajes maternos: el ADNmt.....	53
1.6.1.2.2. Linajes paternos: el cromosoma Y.....	57
1.6.1.3. Los marcadores autosómicos: el sistema CD4/Alu..58	
1.6.2. Los estudios de ADN en Canarias.....	59

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
968214	vACJKdfr	28/06/2017 11:23:41
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

I.6.2.1. ADNmt.....	59
I.6.2.2. Cromosoma Y.....	63
I.6.2.3. Marcadores autosómicos.....	64
I.6.2.4. Estudios interdisciplinarios de ADN en Canarias...66	
<b>II. EL CONTEXTO.....</b>	<b>70</b>
<b>II.1. La isla de El Hierro.....</b>	<b>70</b>
<b>II.2. El poblamiento de la isla de El Hierro.....</b>	<b>73</b>
<b>II.3. Aislamiento y Paleodemografía.....</b>	<b>75</b>
<b>II.4. La Sociedad de El Hierro.....</b>	<b>78</b>
II.4.1. Costumbres funerarias.....	83
<b>III. MATERIAL Y MÉTODOS.....</b>	<b>87</b>
<b>III.1. Punta Azul (La Restinga, Frontera).....</b>	<b>88</b>
<b>III.2. El material.....</b>	<b>92</b>
<b>III.3. Selección y toma de muestras.....</b>	<b>94</b>
<b>III.4. Extracción del ADN.....</b>	<b>96</b>
<b>III.5. Cuantificación en tiempo real.....</b>	<b>96</b>
<b>III.6. Estudio del ADNmt.....</b>	<b>97</b>
<b>III.7. Tipaje del cromosoma Y.....</b>	<b>98</b>

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

III.8. Tipaje del ADN nuclear autosómico.....	98
III.9. Criterios de autenticación.....	99
III.10. Análisis de datos.....	100
IV. RESULTADOS.....	102
V. DISCUSIÓN.....	127
V.1. Autenticidad de los resultados.....	128
V.2 ADNmt.....	130
V.3. Cromosoma Y.....	140
V.4. Marcadores STRs.....	144
V.5. Origen, llegada y aislamiento de las poblaciones Bimbapes.....	146
V.6. La fijación del haplogrupo H1-16260 y la reducción de la diversidad genética.....	149
V.7. Baja diversidad genética.....	157
VI. RESUMEN .....	163
VII. CONCLUSIONES.....	166
VIII: BIBLIOGRAFÍA.....	169

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

# Introducción

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

## I. INTRODUCCIÓN

Las antiguas poblaciones que habitaron el Archipiélago Canario han sido estudiadas por diferentes disciplinas, con especial énfasis por la Antropología Física, la Medicina, la Biología y, de forma principal, por la Arqueología y la Historia.

Las investigaciones bioantropológicas han tenido una larga trayectoria científica en el Archipiélago. Surgen muy pronto, a mediados del siglo XIX, ligadas al nacimiento de la Antropología Física como disciplina científica en las Facultades de Medicina de Francia. El hallazgo de los fósiles del Cro-Magnon (Les Eyzes, 1868) (Quatrefages y Hamy, 1874) supuso el punto de inflexión para el desarrollo de estos estudios en Canarias. Es bien conocido que Paul Broca, y posteriormente otros antropólogos franceses, encontraron una enorme semejanza entre el recién descubierto fósil y unos cráneos de aborígenes canarios que estaban depositados en una antigua colección en París. Pronto los antropólogos constataron las diferencias que existían entre los neanderthales y los cromagnoides y reconocieron la presencia del entonces llamado tipo de Cro-Magnon en Francia, Holanda, Italia y Tenerife. De esta forma, las Islas Canarias se convirtieron en una referencia obligada para todos los antropólogos que trabajaban en Europa (Diego Cuscoy, 1977; Farrujia de la Rosa, 2010).

Para analizar a fondo las semejanzas apreciadas entre los fósiles europeos y los cráneos canarios, vino al Archipiélago René Verneau, uno de los grandes especialistas del momento. Él fue el primero de una larga lista de antropólogos que se desplazaron a Canarias para estudiar a sus antiguas poblaciones (Von Luschan (1896), Srkubsall (1896), Von Behr (1908), Fischer(1926), Falkenburger(1942), Hooton (1915/1925) (Estévez González, 1987; Farrujia de la Rosa, 2004; Arnay de la Rosa, 2011).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

A partir de ese descubrimiento puede afirmarse que los estudios llevados a cabo en Canarias entraron de lleno en la dinámica de una Antropología Física entendida fundamentalmente como raciología, acorde a las corrientes teóricas y metodológicas del momento. Su objetivo principal era medir los cráneos y los huesos largos para clasificar las poblaciones estudiadas, estableciendo diferentes tipos morfológicos. Estos procedimientos metodológicos, aplicados al conocimiento de las antiguas poblaciones canarias, llegaron hasta bien entrada la segunda mitad del siglo pasado. Algunos de sus máximos representantes entonces fueron Miguel Fusté y, sobre todo, la antropóloga alemana I. Schwidetzky (Estévez González, 1987; Farrujia de la Rosa, 2009). Tanto ella, como R. Verneau, incluyeron en sus estudios restos humanos procedentes de distintos yacimientos sepulcrales herreños (Velasco Vázquez et al., 2005).

En la década de los ochenta del siglo pasado se produjo un cambio de paradigma en las investigaciones antropológicas en Canarias. Los procedimientos de corte raciológico se abandonaron y la investigación adquirió un carácter multidisciplinar, apoyándose en los logros metodológicos de la medicina y de las ciencias biológicas y químicas. Se hizo énfasis en los componentes biológicos de los restos humanos procedentes de los contextos arqueológicos, cada vez mejor conocidos, como vehículo para reconstruir las condiciones de vida y el comportamiento humano en el pasado. Así, aspectos tales como la dieta, el estado nutricional, los marcadores de estrés y crecimiento o las marcas de actividad física, fueron cobrando cada vez más fuerza en los estudios bioantropológicos (Delgado Darías, 2001).

La irrupción de los procedimientos de la genética molecular, aplicados al conocimiento de las antiguas poblaciones canarias, es relativamente reciente. Sin embargo, sus aportaciones han sido tan significativas que de forma inmediata han quedado incorporadas al estudio de los aborígenes, proporcionando nuevas bases para explicar no

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



sólo el origen de estas poblaciones, sino también el dinamismo del proceso colonizador, así como ofrecer datos para entender determinados comportamientos sociales (Velasco Vázquez, 2015).

La tesis que presentamos pretende abordar el estudio de la población aborigen de El Hierro desde la perspectiva de la biología molecular. En este estudio se utilizan los restos humanos procedentes del yacimiento de Punta Azul, una de las necrópolis más importantes de la isla, estudiadas hasta hoy, y que ha proporcionado gran cantidad de restos óseos bien conservados.

El trabajo se ha centrado en la población aborigen herreña- los bimbapes- por ser una de las menos conocidas, hasta ahora, del conjunto de las poblaciones indígenas canarias. Una población que plantea además una serie de interrogantes particulares dentro de la configuración de las sociedades aborígenes de las islas, y que los estudios genéticos pueden ayudar a dilucidar.

Sin embargo, la novedad del enfoque que planteamos ahora en el estudio de la población bimbape no puede ser entendido sin mostrar brevemente los antecedentes en los que se enmarca. Podemos hablar de dos grandes líneas de investigación que convergen en estos antecedentes. En primer lugar están los estudios bioantropológicos previos realizados en restos aborígenes herreños. En segundo lugar hay que contemplar las investigaciones de ADN llevadas a cabo en las poblaciones canarias, tanto actuales como en restos óseos aborígenes. Estos estudios han permitido la caracterización genética de las poblaciones aborígenes, primero de forma general, y luego de forma más específica para cada isla, como detallaremos más adelante.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

### I.1. Los estudios de Bioantropología en la isla de El Hierro

La isla de El Hierro estuvo alejada, desde el siglo XIX hasta bien entrado el XX, de los principales centros que llevaban a cabo las investigaciones arqueológicas en Canarias. Ello propició que los estudios antropológicos fueran muy escasos hasta los años ochenta del siglo pasado (Jiménez Gómez, 1993; Velasco Vázquez et al., 2005: 24-39).

Como se comentó anteriormente, fue en 1868 cuando Luis Lartet descubrió los restos fósiles de Cro-Magnon. Pocos años después, en 1871, Paul Broca advirtió que existían semejanzas morfológicas entre unos cráneos canarios -depositados en la Escuela de Altos Estudios de París- y los fósiles recién descubiertos. Para comprobar estas similitudes, Quatrefages, otro antropólogo francés, escribió a S. Berthelot, por entonces cónsul de Francia en Canarias, para que le mandara más material de estudio. Berthelot envió a París diez cráneos procedentes de El Hierro y Gran Canaria. Quatrefages y Hamy observaron que los cráneos no pertenecían al esperado “tipo Cro-magnon”, sino que eran morfológicamente diferentes. Ello motivó que se le encomendara a R. Verneau una investigación más exhaustiva sobre las poblaciones aborígenes canarias, comenzando así su misión científica en el Archipiélago (Diego Cuscoy, 1977: 271; Farrujia de la Rosa, 2004:251-252; 2010: 93; Velasco Vázquez et al.,2005).

El siguiente hito en la investigación bioantropológica está ligado a la figura de R. Verneau. Este antropólogo francés realizó la primera clasificación de tipos morfológicos de los restos esqueléticos del Archipiélago, además de sentar las bases conceptuales y metodológicas de muchos de los estudios que se hicieron con posterioridad. A partir de entonces, se clasificó a la población aborigen del Archipiélago en general, y a la de El Hierro en particular, en dos tipos humanos principales - cromagnoides y mediterránoides- con diferentes características

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

morfológicas, que podían presentarse con mayor o menor grado de mestizaje (Velasco Vázquez et al.,2005). Verneau utilizó una gran cantidad de restos humanos procedentes de múltiples cuevas funerarias de El Hierro. Hizo acopio de un número importante de restos óseos, sobre todo cráneos y huesos largos, procedentes de grandes necrópolis como la Cueva del Pozo de la Ballena (El Pinar), la Cueva del Tablón (El Pinar) y otras cuevas más pequeñas, como la del Barranco de Guerra (Valverde) (Verneau, 1879; Verneau,1881: 6-7; Verneau, 1887; Verneau, 1891). La manera en que se recogieron entonces estos restos provocó que el material quedara mayoritariamente descontextualizado, imposibilitando estudios más sistemáticos en el futuro. A pesar de la gran cantidad de restos óseos herreños incluidos en estos primeros trabajos, los materiales provenientes de El Hierro tuvieron un peso poco significativo, sobre todo si se comparan con los de otras islas, como Tenerife o Gran Canaria. Sin embargo, Verneau aportó algunas referencias novedosas con respecto a los contextos funerarios. Por ejemplo, la constatación de diversos momentos en el uso de las cavidades sepulcrales, hecho que documenta por la superposición de diversos cuerpos (Velasco Vázquez et al.,2005).

En esos mismos años, G. Chil y Naranjo, el primer director del Museo Canario de Las Palmas de Gran Canaria, examinó diecinueve cráneos bimbapes depositados en los fondos de dicho museo, que publicó en su obra *Estudios históricos climatológicos y patológicos de las Islas Canarias*, (Chil y Naranjo,1880). Ocho eran varones y once mujeres, y pertenecían a diferentes yacimientos de El Hierro, aunque no especificó el lugar exacto de procedencia (Chil y Naranjo, 1876; 1880).

En 1915 llega a Canarias E. A. Hooton, profesor de la Universidad de Harvard. De su estancia en las islas surge su obra *The ancient inhabitants of the Canary Islands*, que incluye un número considerable de cráneos (451), veinte procedentes de la isla de El Hierro (Hooton, 2005).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Después de estas aportaciones hay que esperar hasta los años cuarenta del siglo XX para asistir a una renovación en los estudios arqueológicos y antropológicos en El Hierro, gracias a la creación de las Comisarías Provinciales de Arqueología en Canarias (Navarro Mederos y Clavijo Redondo, 2001).

En el año 1947 se publicaron las primeras referencias sobre intervenciones arqueológicas en varios espacios sepulcrales herreños, aportando datos de gran interés sobre las prácticas funerarias de los bimbapes. Se excavaron las cuevas funerarias de Punta Azul, el Pozo de la Ballena y la Necrópolis de Azofa (Isora) (Álvarez Delgado, 1947). Se dieron a conocer por primera vez las características de la cueva sepulcral de Punta Azul, así como de las intervenciones realizadas en las zonas que consideraron más adecuadas. Localizaron seis esqueletos adultos en posición primaria, sin alterar. Sin embargo, aunque los cuerpos estaban en conexión anatómica, no se realizó un levantamiento completo de los mismos, sino que se extrajeron sólo los huesos que tenían entonces más consideración en los estudios antropológicos (cráneos, mandíbulas y fémures) (Álvarez Delgado, 1947:171).

Más adelante será estudiado otro importante enclave sepulcral: el yacimiento funerario del Hoyo de los Muertos (Guarazoca), que aportó una gran cantidad de información arqueológica. Destaca, sobre todo, el descubrimiento de un tablón funerario con inscripciones alfabéticas líbico beréberes, así como la presencia de restos óseos pertenecientes a individuos infantiles (Diego Cuscoy y Galand, 1975).

Por esta misma época se reactivaron los estudios bioantropológicos de la mano de I.Schwidetzky, quien trabajó fundamentalmente en el Museo Arqueológico Provincial de Santa Cruz de Tenerife. Sus investigaciones siguen operando dentro de los planteamientos raciológicos, tratando de asimilar los rasgos morfológicos

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

de los restos humanos (“razas”) con determinadas manifestaciones culturales (Farrujia de la Rosa, 2009). En su trabajo analizó un importante número de cráneos bimbapes, sobre todo procedentes del yacimiento de El Tablón (34 varones y 22 mujeres). Sin embargo, sorprendentemente su estudio no incluyó ningún hueso largo (Schwidetzky, 1963:119).

A finales de los setenta y principios de los ochenta del siglo pasado se dieron una serie de circunstancias que favorecieron los estudios bioantropológicos en El Hierro. En el año 1977 se realizaron prospecciones arqueológicas sistemáticas en la isla que tuvieron como consecuencia un mejor conocimiento de los contextos funerarios y la reactivación de los estudios antropológicos (Jiménez Gómez, 1993). Se hicieron diferentes actuaciones en enclaves como la cueva de Punta Azul (El Pinar), Echedo (Valverde), las Calcosas (Valverde) o el Julan (Jiménez Gómez, 1982; 1985; 1993; Hernández Pérez, 1982; 2002). Como consecuencia de todos estos trabajos salieron a la luz no sólo restos humanos, sino también novedosas propuestas interpretativas sobre el mundo de la muerte (Jiménez Gómez, 1982; Jiménez Gómez, 1985; Velasco Vázquez et al., 2005).

Paralelamente se siguieron realizando otros trabajos de Antropología Física, de corte morfológico y descriptivo, como las tesis doctoral de García-García (1984) y la tesina de de la Barrera López (1985), quienes en un estudio global sobre las islas utilizaron también restos humanos aborígenes que incluían las tibias y los fémures obtenidos en El Julan.

En la década de los noventa del siglo pasado apareció la primera monografía, aunque de carácter divulgativo, sobre la cultura aborigen de El Hierro (Jiménez Gómez, 1993), coincidiendo con el cambio de orientación, ya mencionado, en los estudios de Antropología Física en Canarias. Este cambio en los estudios bioantropológicos de El Hierro

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

llegó de la mano del grupo de investigación de Bioantropología de la Universidad de La Laguna. Se empezaron a publicar entonces los primeros estudios enfocados de manera exclusiva al conocimiento de los antiguos pobladores de El Hierro y su forma de vida, sobre todo desde una perspectiva paleopatológica y nutricional. Dentro de los trabajos sobre paleopatología se trataron, entre otros aspectos, la artrosis cervical (Mas Pascual et al. 2000), el síndrome de Klippel-Feil (González Reimers, et al. 2001; González Reimers et al. 2005), un caso de osteomielitis del calcáneo (González Reimers et al 2015b), la presencia de osteoartropatía hipertrófica (González Reimers et al.,2015a) y de osteoartritis (Castañeyra Ruíz, 2015).

Los estudios sobre la dieta y el estado nutricional de los bimbapes abordaron los marcadores de carencias nutricionales durante la infancia, como las líneas de Harris (Arnay de la Rosa, et al., 1994), los estudios histológicos en hueso (Velasco Vázquez et al.1999) y los análisis de oligoelementos, como el Sr y el Ba, para inferir la dieta (Velásco Vázquez et al., 1997). Este último trabajo fue de interés, no sólo por los resultados obtenidos, sino porque fue uno de los primeros en hacer patente el nuevo enfoque interdisciplinar que tendrá la investigación bioantropológica en el Archipiélago a partir de entonces, incluyendo la isla de El Hierro. Estos primeros resultados sobre la dieta serían posteriormente complementados con el estudio de los isótopos estables (Arnay de la Rosa et al., 2010). También hay que tener en cuenta los trabajos que se han hecho sobre el dimorfismo sexual, comparando la población de El Hierro con otras poblaciones del mundo y del propio Archipiélago (González Reimers et al. 2015c), así como el establecimiento de funciones discriminantes para el estudio del dimorfismo sexual de la población Bimbape (Ordóñez et al. 2013). Una gran parte del material utilizado en estos trabajos procede de la cueva sepulcral de Punta Azul.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Recientemente, J. Velasco y su equipo abordaron el estudio de la necrópolis de Montaña La Lajura (El Pinar), situada a escasos metros de Punta Azul (Velasco Vázquez et al., 2005). En este proyecto se realizó por primera vez una intervención acorde con los principios de la arqueología funeraria actual. El objetivo fue aproximarse a cuanto acontece en torno al fenómeno de la muerte en las poblaciones antiguas de El Hierro desde una doble perspectiva, la arqueológica y la bioantropológica, constituyendo actualmente un trabajo de referencia indiscutible.

## I.2. Los estudios de ADN en Canarias

La segunda línea de investigación en la que se enmarca este trabajo es la que se refiere a los estudios de ADN antiguo (ADNa) en el Archipiélago Canario. Una de las hipótesis más importantes que estos trabajos han venido a demostrar, es el origen norteafricano de los primeros pobladores de Canarias, y la confirmación de que esa contribución aborígen ha permanecido en la población canaria actual. Aunque este lugar de origen ya había sido planteado por varios autores, desde un punto de vista arqueológico, lingüístico y del estudio de las manifestaciones rupestres, los resultados genéticos han venido a constatar esa procedencia de forma independiente. Los métodos genéticos tienen la ventaja de utilizar una serie de procedimientos que dejan escaso margen a la duda, además de haber sido realizados directamente sobre los restos de aquellos que llegaron del continente o sus descendientes directos (Ordóñez, 2014, Velasco Vázquez, 2015).

A grandes rasgos, ya que los detalles se discutirán en apartado posteriores, el origen norteafricano de los aborígenes canarios se ha determinado principalmente a partir de marcadores del cromosoma Y y del ADN mitocondrial (ADNmt). Uno de los hallazgos más significativos en esta línea, ha sido la presencia de linajes típicamente norteafricanos, como el haplogrupo U6 del mitocondrial y el haplogrupo E-M81 del

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



cromosoma Y, en la poblaciones aborígenes canarias (Maca Meyer, 2002; Fregel et al., 2009c). Cabe destacar que estos estudios, aunque incluyeron muestras del yacimiento de La Lajura (Maca Meyer, 2002), estaban enfocados a obtener una visión genética global del Archipiélago, más que a identificar características interinsulares.

### I.3.Objetivos

Esta tesis, teniendo en cuenta los antecedentes planteados, pretende alcanzar los siguientes objetivos:

- a) Analizar diferentes marcadores genéticos (ADNmt, cromosoma Y y loci autosómicos) en restos humanos bien conservados procedentes de un único enclave sepulcral en la isla de El Hierro (Punta Azul).
- b) Determinar las relaciones de parentesco del colectivo de Punta Azul, así como sus comportamientos funerarios y sociales.
- c) Profundizar en la comprensión de la composición genética de la población Bimbape contribuyendo al conocimiento global de la dinámica del poblamiento aborigen de Canarias desde la perspectiva de la biología molecular.

Para cumplir estos objetivos ha sido necesario adquirir una formación interdisciplinar que permitiera abordar esta investigación desde las dos perspectivas, la histórica y la genética. Fue por ello que siendo licenciada en Historia tuve que recibir una formación especializada en el campo de la biología molecular. Para ello realicé un Master en Antropología Física y Forense en la Universidad de Granada donde cursé todas las asignaturas relacionadas con el campo de la genética, incluyendo las de genética forense. Además, el trabajo de fin de master se orientó hacia la comprensión de las cuestiones teóricas que implica el

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

trabajo con este tipo de procedimientos, así como la realización de un análisis sobre las posibilidades de este tipo de investigaciones en el Archipiélago Canario.

Mi formación en técnicas de laboratorio la inicié en el Departamento de Genética de La Universidad de La Laguna con el Dr. Vicente Cabrera y la Dra. Rosa Fregel. Durante mi estancia en este laboratorio colaboré en los proyectos que se estaban llevando a cabo, aprendiendo técnicas básicas como la realización de PCR (*Polymerase Chain Reaction* en inglés), geles, etc. centrándome en aprender los fundamentos de la extracción de ADN en muestras antiguas, con un especial énfasis en el manejo de los protocolos para prevenir la contaminación de las muestras.

#### I.4. Estructura del trabajo

Esta tesis se compone en primer lugar de un capítulo de introducción. En este se abordan los antecedentes de este trabajo, en el campo de la bioantropología en la isla de El Hierro y en el campo de los estudios de ADN en Canarias. A continuación se plantean los objetivos y la estructuración de este trabajo.

La siguiente parte de la introducción es un repaso sobre los estudios de ADN. En este se tratan las particularidades del ADN, explicando en detalle la degradación, la contaminación y la presencia de inhibidores. A continuación se explican algunas de las soluciones que se han planteado para solventar las dificultades metodológicas en los estudios de ADN. Estas soluciones se dividen en 5 apartados que incluyen la determinación de la presencia de ADN endógeno, la extracción en distintos tipos de muestras, las soluciones para compensar las consecuencias de la degradación, la lucha contra la contaminación y las diferentes maneras para contrarrestar los inhibidores. Luego se hace una

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

descripción sobre las distintas fuentes de ADN, entre las que se incluyen los tejidos duros, como el hueso y el diente, los tejidos blandos y otro tipo de fuentes. El siguiente apartado dentro de este repaso habla sobre la investigación del ADN, exponiendo los marcadores estudiados que se dividen en dos grandes grupos, por un lado el ADNmt y por otro el nuclear, que a su vez se divide en los estudios sobre el cromosoma Y y sobre marcadores autosómicos, terminando con una explicación de los estudios de ADN que utilizan la secuenciación de segunda generación. Para terminar se explican diferentes estudios en los que el ADN se ha utilizado como herramienta interdisciplinar.

Para terminar la introducción se hace un recorrido por los estudios de ADN en las Islas Canarias. Se empieza exponiendo los estudios de ADN en poblaciones canarias actuales, entre los que se encuentran los correspondientes a los grupos sanguíneos y polimorfismos enzimáticos, los marcadores uniparentales, que incluyen a los linajes maternos y paternos, y los marcadores autosómicos. Por último se exponen los estudios de ADN en las Islas Canarias, entre los que están aquellos referentes al ADNmt, al cromosoma Y, a los marcadores autosómicos y aquellos que hacen parte de estudios interdisciplinares.

El segundo capítulo explica el contexto en el que se enmarca esta tesis. Para ello hace un recorrido por la isla de El Hierro, principalmente desde un punto de vista geográfico, luego expone el poblamiento de la isla, el aislamiento y la paleodemografía de ésta, para terminar con una descripción de la sociedad de El Hierro, con un apartado especial sobre las costumbres funerarias.

El tercer capítulo expone el Material y Métodos. Se describe el yacimiento de Punta Azul, así como el material utilizado para este trabajo. Se explica cómo se hizo la selección y toma de muestras, la extracción del ADN, la cuantificación en tiempo real, el estudio del ADNmt, el tipaje

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

del cromosoma Y y del ADN nuclear autosómico, los criterios de autenticación utilizados y la manera en que se analizaron los datos.

El cuarto capítulo expone los resultados de este estudio, con las tablas que los detallan.

El quinto capítulo es la discusión. Ésta se divide en varios apartados. El primero discute la autenticidad de los resultados, el segundo habla sobre el ADNmt, el tercero sobre el cromosoma Y y el cuarto comenta los marcadores STRs. A continuación se plantean cuestiones relacionadas con el origen, la llegada y el aislamiento de las poblaciones Bimbapes. Luego se habla sobre las posibles causas e implicaciones de la fijación del haplogrupo H1-16260 y de la reducción de la diversidad genética. Ésta reducción se discute ampliamente en el último apartado.

En el sexto capítulo se hace un resumen de las cuestiones más relevantes del presente estudio.

Por último, en el capítulo VII se exponen las conclusiones de esta tesis.

Este trabajo está concebido como el primer paso para la consolidación de una línea de investigación multidisciplinar que aborde este tipo de análisis en otros contextos sepulcrales de El Hierro y del Archipiélago Canario.

### 1.5 .Los estudios de ADNa

Como se expuso anteriormente, este trabajo se centra en la aplicación de los métodos de la genética molecular en el estudio de restos humanos provenientes de contextos arqueológicos del Archipiélago Canario. Al ser un estudio con un objetivo claramente interdisciplinar, que

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

incorpora la genética, la arqueología y la historia, resulta indispensable mencionar los conceptos fundamentales de los estudios de ADN. De la misma manera, un breve repaso por el estado de este tipo de investigaciones permite ver los avances metodológicos que fundamentan y posibilitan este trabajo.

Los estudios de ADN plantean una serie de retos metodológicos debido a las características del material con el que se trabaja. En primer lugar están las limitaciones debidas a la conservación y degradación propias del material, y aquellas que son consecuencia de la selección de las muestras. En segundo lugar, al tratarse de un registro arqueológico, éste no siempre se encuentra en condiciones óptimas, y en muchas ocasiones la muestra no es representativa de la población que se quiere estudiar. Por ello, hay casos en los que es necesario optimizar el material disponible en función de los objetivos. En otros, las dificultades metodológicas vienen dadas por las características intrínsecas de los restos analizados, como sucede con los restos infantiles, que por su tamaño y fragilidad son más propensos a ser afectados por la degradación y por la contaminación (Ordoñez et al. 2015). Además, también están las limitaciones propias del ADN, que por la importancia que tienen en el desarrollo de este trabajo pasamos a detallar a continuación.

#### 1.5.1. Particularidades del ADN

A diferencia de los estudios de ADN moderno, los estudios de ADN se ven condicionados por una serie de particularidades de las moléculas con las que se trabaja. La comprensión de estas características resulta fundamental para realizar un acercamiento metodológico adecuado.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

El ADNa presenta tres problemas principales que se producen como consecuencia de algunas de las características de las moléculas, de los procesos tafonómicos y de los métodos de laboratorio necesarios para su análisis. Estos problemas son la degradación, la contaminación y la presencia de inhibidores.

#### 1.5.1.1. La degradación

El ADN sufre daños constantemente a lo largo de la vida de los organismos, pero existen una serie de mecanismos para repararlos. Cuando el organismo muere, estos daños continúan produciéndose pero no así los mecanismos de reparación. Como resultado, muy pocas copias de ADN tienden a sobrevivir en los especímenes antiguos, y aquellas que lo hacen suelen estar altamente fragmentadas y dañadas. Dentro de los tipos de degradación más comunes encontramos la ruptura de las cadenas de ADN, las lesiones hidrolíticas, las lesiones por oxidación y los *crosslinks* de ADN .

La ruptura de las cadenas de ADN es uno de los grandes problemas en los estudios de ADNa Este proceso de degradación es consecuencia de la acción de diferentes microorganismos que se encuentran en el ambiente, así como de las nucleasas presentes en la célula post-mortem y de otros procesos químicos, como la depurinización.

Otro de los problemas asociados a la degradación del ADN es la modificación química de las bases nucleotídicas. Las lesiones hidrolíticas, que son las más comunes, producen errores en la lectura de las secuencias. Entre los tipos más comunes encontramos la desaminización de la citosina en uracilo que causa transiciones C→T. Estudios como el de Hofreiter et al. (2001a) muestran que las sustituciones C→T, así como la complementaria G→A, pueden alcanzar proporciones importantes entre las moléculas amplificadas. Esta descomposición química del ADN ha

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

sido estudiada extensamente ya que es posible estimar sus ratios en condiciones de temperatura y pH conocidas (Molak y Ho, 2011).

Existe otro tipo de daños en el ADN como las lesiones por oxidación que pueden bloquear la polimerasa y producir la interrupción de la amplificación o la producción de secuencias quiméricas mediante *jumping PCR*.

Finalmente, los *crosslinks* también ocasionan el bloqueo de la acción de la polimerasa, inhibiendo el proceso de amplificación.

Estos procesos de degradación se van acumulando progresivamente en las moléculas de ADN hasta que éstas pierden su integridad, perdiéndose de forma irreversible la información contenida en la secuencia de nucleótidos (Pääbo et al., 2004; Fulton, 2012).

Como consecuencia de estos tipos de daños, la mayoría del ADN que sobrevive es corto, con menos de 100 pares de bases (bp) y contiene bases dañadas, mayormente C→T y G→A. La extensión del daño depende de cada muestra, pero está altamente relacionada con las condiciones de preservación. Los ambientes fríos, secos y con temperatura estable se encuentran entre los mejores para hallar especímenes razonablemente bien conservados y con bajos niveles de contaminación (Fulton, 2012). También debe tenerse en cuenta que organismos como las bacterias, los hongos y los insectos, pueden afectar la integridad del ADN (Poinar, 2002).

Algunos autores recogen estudios en los que se plantea que la fragmentación de las moléculas de ADN se da principalmente en los momentos cercanos a la muerte de un ser vivo, sobre todo en el hueso, porque pasado un tiempo las moléculas de ADN se unirían a la

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



hidroxiapatita ralentizando las lesiones hidrolíticas ya mencionadas (O'Rourke et al., 2000).

A diferencia de las lesiones causadas por reacciones químicas, los daños relacionados con procesos enzimáticos endógenos y con la acción de microorganismos, son extremadamente difíciles de cuantificar debido a su compleja dinámica (Molak y Ho, 2011).

Es necesario resaltar que el índice de degradación del ADN no es lineal (Yang, 1997), siendo más rápido en el periodo más cercano a la muerte del individuo. Como ya se ha mencionado, la degradación del ADN depende de factores como la temperatura, el pH y la fuerza iónica de la solución acuosa. También se ha detectado que la presencia de ciertos químicos orgánicos, como los tocoferoles y los flavonoides, que son liberados por el propio organismo o que son producidos por microorganismos en el sedimento, pueden inhibir la función de algunas de las enzimas que destruyen el ADN.

Aunque existen algunos informes sobre ADN "antediluviano", es decir secuencias con más de un millón de años de antigüedad, éstas siguen sin estar plenamente demostradas y han sido muy criticadas (Lindahl, 1993). Al inicio de los estudios de ADN<sub>a</sub>, estas secuencias llamaron mucho la atención y se publicaron en revistas de alto impacto. Sin embargo, ninguna de ellas se ha podido replicar y se ha demostrado que muchas son artefactuales. Además, se ha establecido que el límite teórico de preservación del ADN permanece entre los 100.000 y un millón de años, aunque esto varía considerablemente de acuerdo con el ambiente de preservación (Fulton, 2012).

Para evaluar la contribución de la temperatura en la degradación post-mortem del ADN, Smith et al. (2001) así como Smith et al. (2003) introdujeron el concepto de "edad térmica". Esta variable mide la "edad"

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

estandarizada de un espécimen de acuerdo con la temperatura. La estandarización se hace a 10°C y se define la edad térmica de una muestra como el tiempo después del cual, si hubiera sido depositada a 10°C, la muestra mostraría un nivel equivalente de degradación del ADN. La edad térmica de una muestra depende tanto de su edad cronológica como de la temperatura media del lugar de deposición. Sin embargo, este modelo sólo tiene en consideración los daños derivados de la depurinización, sin tener en cuenta otros tipos de daños que fragmentan las cadenas de ADN, o que interrumpen la amplificación (Molak y Ho, 2011).

#### *1.5.1.2. La contaminación*

El segundo problema al que se enfrentan los investigadores de ADN es la posibilidad de contaminación con ADN moderno. Este peligro se debe a la gran sensibilidad de la PCR, técnica principal para la recuperación de ADN degradado. Esa gran sensibilidad puede ser contraproducente porque será igualmente sensible a contaminaciones con ADN moderno. Este ADN está en mejores condiciones y por lo tanto será preferentemente amplificado sobre el ADN de las muestras antiguas que se encuentran en peor estado.

Teniendo en cuenta este factor, Geigl (2008) hace una clasificación de los diferentes momentos en los que las muestras pueden ser contaminadas y de que manera esto ocurre. El primer momento sería la contaminación post-excavación. Una vez que los huesos fósiles son desenterrados y sometidos a procesos como el lavado, el secado y el almacenamiento se produce una rápida degradación del ADN endógeno. Esto incrementa la posibilidad de obtener falsos positivos provenientes de ADN moderno. Lo anterior sucede porque entre menor sea la cantidad de ADN endógeno presente en un hueso, mayor será el riesgo de que el

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

ADN moderno contaminante, proveniente del ambiente, sea finalmente el analizado.

Existen algunas investigaciones donde se ha logrado identificar el ADN aportado por los excavadores, como el estudio de muestras dentales humanas provenientes de contextos neolíticos (Sampietro et al., 2006) o el de huesos con antigüedades entre 200 y 3300 años que fueron contaminados de forma intencionada (Bouwman et al., 2006). También hay otro estudio realizado en huesos de perro almacenados en museos en los que se logró detectar la presencia de ADN humano moderno (Malmstrom et al., 2005). Otro ejemplo sería el trabajo realizado sobre muestras de La Palma, en el que se recuperó ADN humano en la superficie de las muestras dentales, correspondiendo con el ADN de los antropólogos (Fregel, et al., 2009c). Finalmente, en el estudio realizado por Pilli et al. (2013) sobre restos óseos medievales, se compararon los resultados de los restos manipulados con las medidas de precaución necesarias para evitar la contaminación y los manipulados sin ningún tipo de mecanismo especial de prevención, pertenecientes a los mismos individuos. Los resultados mostraron que los perfiles genéticos de las muestras contaminadas eran incompletos o ambiguos, y no coincidían con los de aquellos para los cuales se habían tomado las medidas necesarias para evitar la contaminación.

Algunas fuentes de contaminación pueden provenir del sudor de los excavadores e investigadores, así como del agua utilizada en el lavado de los huesos, o por el contacto con otros objetos contaminados (Barta et al., 2013). En cuanto a la penetración y profundidad de esta contaminación, algunos estudios muestran que esta se mantiene en la superficie del hueso, no penetrando más allá de 1 o 2 mm. Sin embargo, otros estudios hablan de una penetración mayor del ADN exógeno, sobre todo el de los excavadores. Esto parece deberse a que los huesos y dientes fosilizados son muy susceptibles a la contaminación con ADN

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

moderno durante el proceso de excavación (Gilbert et al., 2007; Pilli et al., 2013). A esto se le añade que, si el proceso de extracción del ADN no se realiza inmediatamente después de la excavación, el ADN exógeno puede mostrar los mismos patrones de daño que el ADN. En este caso, la contaminación introducida durante la excavación podría interpretarse como ADN y producir resultados artefactuales (Sampietro et al., 2006). Esto ha generado estudios que intentan comprender los procesos post-deposicionales de las cadenas de ADN tanto endógenas como exógenas.

El segundo momento en el que se puede producir la contaminación es durante los procesos de extracción y amplificación del ADN. Podemos encontrar moléculas de ADN en el ambiente, en este caso aportadas por los investigadores, siendo inevitable su presencia en los laboratorios y en los reactivos. Partiendo de la base de que el ADN humano y el de los microbios está de forma ubicua en todos los laboratorios (Willerslev y Cooper, 2005), resulta prudente asumir que todos los reactivos y herramientas están contaminados con ADN humano y microbiano cuando los envía el proveedor. Por tanto, la descontaminación de los reactivos y del material de laboratorio resulta esencial.

El último tipo de contaminación es la de arrastre o *carry over*. Ésta se produce como resultado de la presencia de miles de millones de copias de ADN en los laboratorios, procedentes de amplificaciones y clonaciones anteriores. Ya que las reacciones de amplificación generan miles de millones de moléculas de ADN, es relativamente fácil que se dispersen en el ambiente. Esto tiene una gran relevancia ya que estas moléculas son idénticas a las que se utilizaron en primer lugar, pudiendo llegar a distorsionar las replicaciones que se hagan en un mismo laboratorio. Las cifras presentadas por Willerslev y Cooper (2005), permiten tener una idea de la magnitud del problema. Una reacción de PCR exitosa puede contener entre  $10^{12}$  -  $10^{15}$  moléculas amplificadas en un volumen inferior a los 50  $\mu$ l. Por ello el movimiento del aire cuando se abren los tubos o la

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

transferencia de líquidos crea y dispersa gotas de un tamaño mínimo, que pueden contener más de un millón de copias de la molécula original por cada 0.005µl. Esto hace que los productos de la PCR se puedan dispersar rápidamente a través de las superficies del laboratorio, de los corredores e incluso expandirse a edificios enteros por medio del movimiento del personal o de los sistemas de ventilación. Teniendo entonces en cuenta que una gota ínfima puede contener fácilmente mil veces más ADN amplificable que el contenido de un gramo de muestra de especímenes antiguos (10<sup>5</sup> - 10<sup>6</sup> copias), se hace indispensable que los laboratorios de ADN estén aislados tanto física como logísticamente de otros laboratorios de biología molecular. Las medidas que se deben tomar para reducir la contaminación serán discutidas más adelante (apartado I. 5.2.4).

#### 1.5.1.3. Los Inhibidores

Otro problema en los estudios de ADN son los denominados inhibidores de la PCR. Son sustancias que se encuentran junto al ADN, sobre todo provenientes del medio ambiente. Las sustancias inhibitoras interfieren con la actividad de la *Taq* Polimerasa, impidiendo que se produzca la amplificación del ADN. Si hay una cantidad suficiente de éstas impurezas en los extractos de ADN, la amplificación de los fragmentos puede no ser factible. Aparte de la contaminación, la presencia de inhibidores es una de las mayores amenazas para el estudio exitoso del ADN, siendo muchas veces infravalorada (Kemp et al., 2014). La mayor parte de los inhibidores según O'Rourke et al. (2000) son taninos, ácidos húmicos y ácidos fúlvicos, todos ellos comunes en los procesos de degradación del suelo, lo que aumenta la posibilidad de encontrarlos en los restos antiguos que han estado enterrados durante largos periodos de tiempo (Kemp et al., 2014). Otro inhibidor son los productos de Maillard (Kemp et al., 2006) que, aunque no desactivan a la

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

polimerasa, bloquean su acción mediante las producción de *crosslinks* en las moléculas de ADN.

### I.5.2. Soluciones planteadas a las dificultades metodológicas en los estudios de ADN

Durante los últimos años se han presentado diversos trabajos que proponen posibles soluciones para superar algunos de los problemas que plantean los estudios de ADN. Éstas se aplicarían a los materiales de los que se extrae el ADN, a las propias moléculas de ADN, así como a los procedimientos de manipulación de las muestras.

#### *I.5.2.1. Determinación de la presencia de ADN endógeno*

El valor arqueológico de las muestras, el alto coste de los análisis de ADN y la posible alteración o destrucción del material arqueológico como consecuencia de la extracción de ADN, hacen necesaria una selección cuidadosa de aquellas muestras con más posibilidades de tener ADN endógeno.

Como la supervivencia del ADN está condicionada por una compleja correlación entre múltiples variables, es necesario tener en cuenta los aspectos morfológicos, estructurales, químicos y biológicos para poder determinar el estado de preservación de las muestras y establecer su relación con la presencia de ADN endógeno (Sosa et al., 2013).

Hofreiter et al. (2001b) y Sosa et al. (2013) plantean la necesidad de aplicar métodos de evaluación rápidos para identificar aquellas muestras que están tan mal preservadas que no vale la pena intentar amplificarlas. Un ejemplo serían los análisis de racemización de aminoácidos que han demostrado ser muy útiles para evaluar la

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

conservación del ADN endógeno. Este tipo de análisis pueden ayudar a sustentar la autenticidad de las secuencias de ADN obtenidas de un espécimen, ya que demuestran que las condiciones de preservación son tales que la obtención de macromoléculas es posible. Otro método viable para determinar la presencia de ADN es el de la pirólisis unida con una cromatografía de gases y espectrometría de masas (GC/MS) (Sosa et al., 2013).

Existen otros métodos para medir el nivel de degradación de los huesos, muchos de ellos basados en distintas aplicaciones de los rayos X, en los que no se entrará en excesivo detalle pero que es necesario por lo menos mencionar. Hiller y Wess (2006) hacen referencia al uso del espectro de transformación de infrarrojos de Fourier (FTIR) para calcular los índices de cambio en la estructura cristalina del hueso, la difracción de rayos X (XRD) para determinar la composición y la densidad del hueso, así como la emisión de rayos X de partículas inducidas (PIXE) que determina los procesos diagenéticos en el hueso.

La utilización de la PCR en tiempo real (qPCR) es otra manera relativamente rápida de aseverar el estado de preservación del hueso (Bunce et al., 2012). La qPCR permite clasificar los materiales en función de su estado de preservación y priorizar determinadas muestras, identificando ambientes favorables para la preservación del ADN.

#### *1.5.2.2. Extracción en distintos tipos de muestras*

Como ya se ha mencionado, uno de los grandes problemas del ADN es que las muestras suelen provenir de restos arqueológicos escasos y únicos. El tipo de restos más comunes son los óseos y por lo tanto se han hecho diversos estudios sobre la manera más eficiente y menos destructiva de extraer ADN de este tipo de muestras. Hay que destacar los métodos que no implican la destrucción del hueso, ya que

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



esta condición es fundamental en restos únicos, como muchos de los que se encuentran en diferentes museos. Éste sería el caso de la metodología presentada por Hofreiter (2012), que consiste en incubar el hueso o el diente completo en el *buffer* de extracción durante varios días. Posteriormente, el ADN es extraído de la solución de incubación utilizando un protocolo basado en el uso de sílica e isotiocianato de guanidina (GuSCN). Con este procedimiento se ha podido obtener ADN suficiente para realizar análisis genéticos de dientes y huesos sin afectar la morfología de los especímenes estudiados. Aunque en un principio se desarrolló para estudios de ADNmt, se ha demostrado que muchas muestras contienen ADN suficiente como para permitir el análisis de ADN nuclear, con fragmentos de hasta 250pb. Estos métodos se han ido perfeccionando para obtener mejores resultados y para reducir la utilización de productos tóxicos en el proceso de extracción, ya que los materiales suelen ser devueltos a los museos y volverán a ser manipulados una vez sometidos al proceso de extracción (Bolnick, et al., 2012). En los últimos años también se ha perfeccionado la extracción de ADN de materiales biológicos que antes se descartaban, como las muestras de pelo sin raíz (Almeida et al. 2011).

### 1.5.2.3. Soluciones a las consecuencias de la degradación

Todas las muestras de ADNa, por muy bien conservadas que estén, han sufrido diferentes procesos de degradación. La qPCR sirve para valorar el nivel de degradación de una muestra. Como explica Pruvost y Geigl (2004), este tipo de PCR permite determinar la cantidad de moléculas de ADN con las que se inicia la reacción en cadena. Cuanto mayor sea la cantidad inicial de ADN, menor será el riesgo de incorporación de bases que den una secuencia equivocada. Se puede incluso llegar a establecer un mínimo de moléculas como barrera para considerar válidos los estudios de este tipo.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

En el caso de los *cross-links*, Reiss (2006) recoge algunas de las propuestas que se han planteado para contrarrestarlos. Entre ellas está un protocolo que busca reparar los *cross-links* entre las distintas hebras antes de la PCR, sometiendo a las muestras a un tratamiento con ligasa y ADN polimerasa, que son las enzimas responsables de la reparación del ADN en la célula viva. Los primeros experimentos de este tipo fueron realizados con muestras de *Homo*, aunque también se ha probado en especímenes antiguos del grupo *Equidae*.

Otra de las consecuencias de la degradación son las incorporaciones de bases erróneas que se han mencionado en apartados anteriores. Algunas específicas, como la desaminación de la citosina en uracilo, pueden ser solventadas tratando el ADN molde con Uracil-DNA glicosilasa (Pääbo et al., 2004). También se han establecido patrones de esas incorporaciones erróneas que permiten detectarlas y corregirlas al generar las secuencias de ADN (Stiller et al., 2006). La mejora de los reactivos también ayuda a disminuir los índices de incorporaciones erróneas. Tal sería el caso de las denominadas polimerasas *premium* que además poseen una mayor sensibilidad. Entre éstas se encuentran la *Platinum Taq Hifidelity* de Invitrogen (Carlsbad, CA) y la *Amplitaq Gold* de Applied Biosystems (Foster City, CA) (Gilbert y Willerslev, 2007).

La degradación de las moléculas también implica que la cantidad de ADN molde es bastante limitada. Por ello la utilización de las PCR multiplex supone una gran ventaja, ya que permite la amplificación simultánea de docenas de fragmentos en una sola reacción de PCR. Se convierte en una poderosa herramienta para obtener secuencias continuas de muchas kilobases a partir de cantidades muy pequeñas de ADN, que precisamente por la degradación deben ser amplificadas en pequeños fragmentos solapantes. Las técnicas de PCR multiplex en dos pasos (*two-step multiplex PCR*) que se han desarrollado recientemente, consisten en una primera reacción multiplex cuyo producto se utiliza como

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

molde de una segunda PCR. En esta segunda reacción se utilizan primers anidados en reacciones de amplificación individuales, lo que disminuye los artefactos de PCR (Stiller y Fulton, 2012). Usando esta técnica, Krause et al. (2006) fueron capaces de reconstruir el genoma mitocondrial completo (16.779 pb) de un mamut lanudo de hace 12.000 años. El alcance de esta técnica es enorme ya que, teóricamente, utilizando como base un fragmento informativo de 50pb de ADN nuclear se podrían amplificar hasta 60,000 pb en una sola reacción. Esto permitiría obtener una gran cantidad información a partir de una muestra muy pequeña (Rompler et al., 2006).

#### *1.1.2.4. La lucha contra la contaminación*

La detección de la contaminación ha sido un tema prolífico en la literatura científica, porque de su correcta identificación y prevención depende, en gran medida, la autenticidad de los resultados obtenidos.

Para evitar la contaminación en el proceso de excavación y de análisis antropológico de los huesos, se recomienda la utilización de guantes y otras medidas para evitar el contacto directo con el material. Además, se debe tener un control de las personas que han tenido acceso a los restos y determinar sus perfiles genéticos. De esta forma, se pueden comparar sus perfiles genéticos con las secuencias obtenidas de los restos antiguos y descartarlos como posibles fuentes de contaminación (Fregel, 2010). También se aconseja no lavar los huesos para evitar la introducción de contaminantes ambientales (Geigl, 2008).

Una vez en el laboratorio de biología molecular, se deben extremar las medidas de control para evitar la contaminación del ADN con moléculas modernas. Existen varios protocolos que se pueden aplicar a las muestras antes de realizar la extracción de ADN con el objetivo de eliminar la contaminación superficial. Entre estos procedimientos estarían

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

los que emplean sustancias químicas como el hipoclorito de sodio (Barta et al., 2003) o el ácido clorhídrico (Maca-Meyer et al., 2005); por otro lado estaría la utilización de métodos mecánicos, como el raspado de la superficie del hueso para eliminar la capa más superficial que ha estado en contacto con los elementos contaminantes (Ordóñez et al., 2013).

Otra opción es el estudio de los patrones de fragmentación que ayudan a discriminar las secuencias endógenas de aquellas contaminantes. Estos estudios se basan principalmente en la utilización de diversas herramientas estadísticas (García Garcera et al., 2011).

En cuanto a la contaminación por arrastre o *carry-over*, las medidas mínimas recomendadas son la separación física, tanto de los espacios donde se realiza la extracción, como del laboratorio de pre-PCR y el de post-PCR. A esto se deberían unir infraestructuras de presión positiva y de irradiación ultra violeta como medidas que pueden ayudar a disminuir los riesgos de contaminación (Pääbo et al., 2004). Otra cuestión es que la circulación de personal a lo largo de las jornadas debe ser en un sólo sentido, desde los lugares de extracción hacia los de pre-PCR y por último a los de post-PCR, y nunca en sentido inverso (Geigl, 2008).

Estas medidas forman parte de lo que se ha consensuado como criterios de autenticación. Los primeros fueron propuestos por Cooper y Poinar (2000) hace ya más de quince años, y se han ido mejorando y desarrollando con el tiempo y el avance de las técnicas de análisis (Fulton, 2012). Todos ellos van encaminados a evitar la contaminación una vez que las muestras entran en el laboratorio y a detectar la contaminación en los resultados para garantizar la fiabilidad de las secuencias presentadas.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Estos criterios serían según Fulton (2012):

1. Aislamiento físico de las instalaciones de pre-PCR de ADN y un mantenimiento estricto de la circulación en “una dirección” desde los laboratorios de pre-PCR hacia los de post-PCR.
2. Extracción negativa y controles de PCR. Los controles negativos de extracción y de PCR deben ser realizados en todos los pasos para monitorear la posible presencia de contaminación. Por el contrario, el uso de controles positivos está completamente prohibido.
3. Comportamiento molecular adecuado. Debe darse una correlación inversa entre la eficiencia de la amplificación y la longitud del fragmento amplificado.
4. Reproducibilidad. Las replications dentro del laboratorio de las amplificaciones de PCR deben ser consistentes.
5. Clonación. Como mínimo una parte de las amplificaciones de PCR deberían ser normalmente clonadas para determinar daños, inserciones nucleares mitocondriales, secuencias quiméricas y contaminantes.
6. Replicaciones independientes. Un segundo laboratorio independiente debe ser capaz de replicar cualquiera de los resultados obtenidos.
7. Preservación bioquímica. Una evaluación de la posibilidad de conservación del ADN es recomendable, como por ejemplo un test de racemización de aminoácidos.
8. Cuantificación del material inicial mediante qPCR.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41	
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20	
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25	
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50	
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23	

9. Determinación de la presencia de ADN en restos asociados, como los de fauna. Esto se debería hacer sobre todo en los estudios con restos humanos.
10. La utilización de controles negativos de *carrier DNA*. Estos serían controles adicionales que contienen “carrier DNA”, un ADN que no se amplifica en la reacción de PCR y cuya función es arrastrar el ADN contaminante para facilitar su amplificación. Esto ayuda a detectar concentraciones muy bajas de ADN contaminante, que podría no verse en los controles negativos.
11. Establecer el patrón de daño del ADN y diversidad de la secuencia en función de la antigüedad o de la preservación.
12. Los resultados deben tener sentido filogenético en función de los datos disponibles para la población o especie estudiada, y por lo tanto deben ser unos resultados razonables.

El advenimiento de la secuenciación de segunda generación (en inglés, *Next-Generation Sequencing* o *NGS*) también ha traído ventajas en la lucha contra la contaminación. Los nuevos procedimientos hacen más sencillo identificar y cuantificar la contaminación de las muestras, mediante la identificación de patrones específicos de daño C→T en los extremos de las moléculas de ADN. Además la cantidad masiva de lecturas de cada secuencia hace que la clonación y las replicaciones en laboratorios independientes queden de alguna manera obsoletas (Linderholm, 2016).

#### 1.5.2.5. ¿Cómo contrarrestar los inhibidores?

Existen dos aproximaciones metodológicas para eliminar los inhibidores de la PCR. Primero, aquellas que eliminan los inhibidores

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

durante la purificación del ADN o que minimizan su co-extracción. Segundo, los métodos que minimizan los efectos de los inhibidores mediante la manipulación posterior de los extractos de ADN o de los reactivos de PCR (Kemp et al., 2014).

Una de las técnicas más utilizadas es diluir los extractos de ADN, para que los inhibidores estén en baja concentración y se pueda producir la amplificación. La explicación sobre el porqué de la efectividad de esta técnica no está aún del todo clara, teniendo en cuenta que la relación entre la cantidad de inhibidores y de ADN se mantiene constante. Sin embargo, es posible que exista un umbral para los inhibidores en donde la concentración de éstos sea la clave, independientemente de la cantidad de ADN. La contrapartida de esta técnica es que puede influir en la efectividad de la amplificación ya que el ADN se caracteriza por su baja concentración. Una de las soluciones planteadas para este problema es lo que se ha denominado *Booster PCR*. Este protocolo utiliza primero tres PCRs de 12 ciclos con una baja temperatura de anillamiento. El producto de cada booster se utiliza entonces como molde para la siguiente ronda de PCR a una temperatura de anillamiento baja, y finalmente como molde de una PCR con temperatura acorde a la  $T_m$  de los primers. Este procedimiento diluye los inhibidores mientras que de manera simultánea mantiene una alta concentración de ADN molde (Kemp et al., 2006).

También se ha demostrado que las muestras precipitadas con isopropanol durante la extracción presentan unos niveles inferiores de inhibidores que aquellas muestras precipitadas con etanol o las concentradas con las columnas Centricon 30. Además, la precipitación con isopropanol parece contribuir a la eliminación de la coloración marrón de los extractos de ADN, así como a una reducción en la intensidad de la fluorescencia azul presente durante la electroforesis, siendo éstas dos, muestras indirectas de la eliminación de al menos una fracción de los inhibidores (Hänni et al., 1995).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Como la determinación de los inhibidores no siempre es fácil, se pueden cometer errores a la hora de escoger qué métodos aplicar a cada muestra, como consecuencia del efecto de inhibidores que no se han tenido en consideración. Kemp et al. (2006) proponen la aplicación de una técnica, la *repeat silica extraction*, que al ser menos específica ayuda a eliminar un mayor número de inhibidores. Ellos han demostrado que es una técnica lo suficientemente amplia como para funcionar con muestras de hueso y coprolitos, que suelen contener una gran cantidad de inhibidores. Este proceso se basa en el principio de que en unas determinadas condiciones de temperatura y pH, el ADN se une a la sílica permitiendo lavar el resto de productos que haya en el extracto, incluidos los inhibidores. Una vez lavados, se cambian las condiciones para que la sílica libere el ADN, que se encontrará purificado y podrá ser utilizado como molde de la PCR. Si la muestra no amplifica, se re-extrae la muestra y se repite la PCR. Este proceso se repite hasta que la muestra amplifique o se concluya que no hay suficiente ADN endógeno.

Otros autores (Handt et al.1994; Audic et al., 1997; O'Rourke et al., 2000 y Kim et al., 2008) también mencionan las ventajas de la extracción con sílica en lo que respecta a los inhibidores. Algunos como O'Rourke et al. (2000) apuntan que, en comparación con varias combinaciones de extracciones con fenol-cloroformo, aquellas realizadas con kits de gel de sílica (Qiagen Qiaquick preps) son mucho más eficientes. En estos casos las columnas de sílica actúan como concentradores, eliminando la pigmentación que suele quedar después de la extracción con fenol-cloroformo. Sin embargo, también tienen inconvenientes porque la cantidad de solución que puede ser cargada cada vez en las columnas es limitada. Esto implica una mayor manipulación de las muestras lo que aumenta las posibilidades de contaminación o de pérdida. Este problema se ha ido solucionando con la aparición de unos reservorios que se pueden añadir a la columna y pasar de una sola vez hasta 25 ml. En

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



cualquier caso, los índices de amplificación siguen siendo bastante altos en estos protocolos, debido a la menor presencia de inhibidores.

Aunque la técnica de la *repeat silica extraction* suele ser más efectiva que simplemente la dilución de la muestra, diferentes estudios muestran que la combinación de ambas técnicas puede aumentar significativamente el éxito de las amplificaciones (Kemp et al., 2014). La propuesta que hacen estos autores es comenzar con las diluciones, que son más económicas y sencillas, y aquellas muestras que aún así no den resultados en la amplificación se deben someter a la *repeat silica extraction*. A esto se le puede añadir el uso del control interno de PCR (IPC por sus siglas en inglés) como una forma de identificar la inhibición y de diferenciarla de una PCR que falla como consecuencia de la ausencia de ADN (Fregel et al., 2011).

### I.5.3. Fuentes de ADN

Cualquier sustancia de origen biológico es candidata potencial para proporcionar ADN, aunque algunas de ellas suelen dar mejores resultados que otras (O'Rourke et al., 2000). Pasamos a relacionar las posibles fuentes de ADN.

#### *I.5.3.1. Tejidos duros (hueso y diente)*

El hueso suele considerarse como una fuente óptima de ADN ya que la unión del ADN con la hidroxiapatita frena su degradación. Aunque el hueso es una de las fuentes de ADN más usadas, se sabe poco sobre cómo el material genético que se encuentra en el colágeno mineralizado se degrada o en qué parte exacta de los restos óseos se conserva. Es por esto que estudios como el realizado por Campos et al. (2012) resultan fundamentales para comprender las características del ADN preservado en los tejidos óseos, mejorar las técnicas de extracción y maximizar la

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

recuperación de ADN endógeno. Se ha demostrado la relación entre la preservación morfológica a nivel microscópico y la posibilidad de obtener ADN<sub>a</sub>, aunque no hay necesariamente una relación directa entre éstas y la antigüedad de la muestra. Sin embargo, la mala preservación a nivel macroscópico, no siempre implica una mala preservación a nivel microscópico, por lo que en principio cualquier muestra es potencialmente portadora de ADN. Siempre que se pueda deben tomarse muestras de huesos sin lesiones, ya que éstas son una posible fuente de contaminación. También se deben seleccionar regiones anatómicas con la menor importancia antropológica y morfológica posible. Como los análisis de ADN<sub>a</sub> casi siempre implican la destrucción de la muestra, se deben priorizar aquellas zonas que sean más proclives a contener ADN endógeno. Estudios recientes han demostrado que la porción petrosa del hueso temporal es una de las mejores fuentes de ADN endógeno (Gamba et al., 2014; Rasmussen et al., 2014). Se ha planteado que, en comparación con otros huesos, la región petrosa sería menos propensa a verse afectada por la temperatura y el clima del lugar donde se encuentren depositados los restos (Misner et al., 2009). Partiendo de estas hipótesis, Pinhasi et al. (2015) profundizan en el análisis de esta región anatómica como fuente de ADN<sub>a</sub>, diferenciando las distintas partes de este hueso y también comparando restos arqueológicos provenientes de diferentes condiciones climáticas. Pinhasi et al. (2015) concluyen que las zonas más densas del hueso son especialmente adecuadas para los estudios de ADN<sub>a</sub>, siendo la parte más densa del hueso petroso la que produce mejores resultados. Además, esta zona no parece verse afectada por los procesos tafonómicos de la misma manera que otras partes del esqueleto, al ser una zona muy densa localizada dentro del cráneo. Estos resultados sugieren que puede ser posible obtener ADN endógeno de la región petrosa incluso de individuos provenientes de ambientes cálidos y que en principio tendrían poca cantidad de material genético conservado.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr	
Firmado por:	ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha:	28/06/2017 11:23:41
	AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
	MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
	ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
	ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

En caso de que no sea posible acceder a huesos como la porción petrosa del hueso temporal, existen otras múltiples regiones que también resultan adecuadas. Entre ellas encontramos los huesos largos, que por el grosor de su cortical permiten que se haga un raspado de la superficie, con el objetivo de eliminar el posible ADN exógeno contaminante, quedando aún así una capa de cortical lo suficientemente compacta como para extraer ADN endógeno. En el caso de los restos infantiles, se desaconseja el uso de huesos largos ya que están abiertos al no haberse fusionado las epífisis. En este caso, se ha propuesto la utilización de falanges ya que son un hueso compacto y cerrado. Además al ser un resto esquelético que no brinda tanta información a nivel antropológico como los huesos largos, resulta más adecuado para su destrucción en el proceso de extracción de ADN (Ordóñez et al., 2015).

El uso de dientes como fuente de ADN tiene múltiples ventajas (Gilbert et al., 2005). Algunas de ellas tienen que ver directamente con las características intrínsecas de esta región anatómica. En primer lugar, el esmalte es el tejido más resistente del cuerpo humano y proporciona una barrera protectora para el ADN que se encuentra en su interior. Sin embargo, esto no quiere decir que el diente esté completamente aislado, ya que a través de los canales de la raíz es posible que penetre algún tipo de contaminación. Otra de las ventajas de los dientes es la posibilidad de disponer de múltiples muestras independientes de cada individuo.

Las piezas de mayor interés serían los caninos, incisivos, premolares y por último los molares, ya que estos tienen varias raíces y son más susceptibles a las fisuras y al desgaste (Ordóñez et al., 2010). Se deben elegir dientes sin caries porque éstas permiten la entrada de ADN contaminante dentro de la cavidad pulpar. El ADN puede ser extraído bien triturando el diente hasta convertirlo en polvo, o seccionando el diente para extraer el material del interior de la cavidad pulpar. Este último método es especialmente útil en las muestras arqueológicas ya que

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

no se altera la morfología del diente (Fregel, 2010; Krüttli et al., 2014). En un principio se pensaba que la dentina era la mejor fuente de ADN. Sin embargo, estudios recientes indican que el cemento de la raíz es la zona con mayor proporción de ADN endógeno (Hansen et al., 2017).

### 1.5.3.2. Tejidos Blandos

En el caso de utilizar tejidos blandos como fuente de ADN, se recomienda escoger tejidos que no se encuentren en la superficie, para disminuir el riesgo de contaminación por manipulación. Se ha determinado que el tejido blando disecado es una buena fuente de ADN, porque la deshidratación protege al ADN de procesos de descomposición como la hidrólisis. Sin embargo, este tipo de muestras presentan también una mayor cantidad de inhibidores que dificultan la amplificación del ADN (O'Rourke et al., 2000).

### 1.5.3.3. Otras fuentes

Otra posible fuente de ADN es aquel preservado en materiales queratinosos o quitinosos antiguos. Los tejidos queratinosos (como el pelo, las uñas, las plumas o los cuernos) y quitinosos (como los exoesqueletos de los insectos) se están volviendo una fuente cada vez más popular de ADN. Este tipo de tejidos ofrece algunas ventajas sobre los huesos o los tejidos blandos, ya que sus superficies son relativamente más fáciles de descontaminar.

La clave para la extracción de ADN de los tejidos queratinosos está en poder romper la queratina para liberar el ADN. Esto se consigue utilizando *buffers* de digestión que contengan grandes cantidades de detergentes y de agentes reductores (como el dodecilsulfato sódico o el ditiotreitól) y proteinasa K. Una vez liberado, el ADN puede ser purificado

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

utilizando sílica o disolventes orgánicos e isopropanol (Campos y Gilbert, 2012).

Dentro de los tejidos queratinosos los pelos pueden ser una buena fuente de ADN. Sin embargo, en los casos arqueológicos, es difícil la obtención de ADN debido a que los pelos suelen carecer de raíz. Algunos autores como Gilbert y Willerslev (2007), opinan que los pelos sin raíz pueden ser fuentes viables de ADN. Una de sus ventajas es que incluso cuando están degradados, los pelos son resistentes a las contaminación con ADN exógeno.

Otra fuente son los coprolitos, también denominadas paleoheces (Hofreiter et al., 2003; Willerslev et al., 2003). Las paleoheces contienen ADN del defecador así como de los restos de animales y plantas ingeridos. Para poder extraer ADN de manera exitosa de los coprolitos, se debe conseguir un equilibrio entre la minimización de la pérdida de ADN durante la extracción y la eliminación de aquellos elementos que puedan inhibir la Taq polimerasa durante la amplificación (Kuch y Poinar, 2012).

Otra opción para la extracción de ADN son los sedimentos o paleosuelos. Estos materiales han demostrado ser una buena fuente de ADN de plantas, hongos y animales, tanto en biomas árticos como templados, así como en ambientes áridos y tropicales. Sin embargo, es posible que los ácidos húmicos y otros complejos organominerales a los que se adhiere el ADN extracelular, puedan inhibir la amplificación por PCR. Por lo tanto, para conseguir una extracción amplificable a partir de sedimentos es necesario incluir varios pasos de purificación que aseguren la eliminación de inhibidores. La distribución del ADN es muy heterogénea en los sedimentos, por lo que hay que conseguir un equilibrio entre el volumen necesario de sedimento para obtener resultados positivos y la disminución de la resolución temporal que se da cuando se procesan muestras muy grandes. Haile (2012) ha descrito protocolos tanto para

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

extracciones de muestras grande de sedimentos, como para muestras más pequeñas.

Otra posible fuente de ADN serían las cáscaras de huevos provenientes de depósitos paleontológicos y arqueológicos. El ADN presente en la cáscara del huevo está protegido dentro de la calcita, debido a la deposición intracristalina dentro de la matriz de la cáscara de huevo. Esta protección también proporciona una barrera para el ADN exógeno contaminante. Además, el ADN presente en las cáscaras de huevo se conserva en un amplio rango de condiciones climáticas y ha podido ser amplificado en restos de gran antigüedad que alcanzan los miles de años (Oskam y Bunce, 2012).

#### 1.5.4. La investigación del ADN

Los estudios de ADN se remontan al año 1984 cuando Higuchi et al. (1984) consiguieron extraer y clonar ADN de los músculos disecados de una quagga, una especie extinta de cebra, de unos 140 años de antigüedad. Un año más tarde, Pääbo (1985) reportó haber recuperado ADN de la momia de un niño egipcio datado en el año 2.430 +/- 120 BP (*Before Present*). Estos dos artículos marcan el inicio del campo de la paleogenética. Aunque hoy en día los resultados de estas investigaciones han sido cuestionados, lo importante es que plantearon la supervivencia del ADN a lo largo del tiempo, mucho después de la muerte de los individuos. En un principio, el progreso de este campo se vio altamente limitado por las características propias del ADN. Será el desarrollo de la Reacción en Cadena de la Polimerasa o PCR a finales de los años ochenta lo que supondrá un gran avance en el campo de la paleogenética, al constituirse como una herramienta fundamental para el análisis de los fragmentos de ADN (Mullis et al., 1986; Mullis y Faloona, 1987).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Ya a finales de los años ochenta, Pääbo et al. (1988) utilizaron la PCR para extraer ADN del cerebro de un individuo de 7.000 años. La PCR se convirtió rápidamente en la metodología más empleada en este tipo de estudios, ya que permite la amplificación de cantidades ínfimas de ADN. Otro hito importante en la historia de los estudios de ADN sería la obtención de éste a partir de restos óseos, ya que en un principio sólo se habían hecho análisis de ADN proveniente de tejido momificado (Hagelberg et al., 1989; Stone y Stoneking, 1993). La gran ventaja de este descubrimiento es que los restos óseos son mucho más abundantes en el registro arqueológico.

Como se ha explicado anteriormente, a pesar del gran avance que ha representado la introducción de la PCR en los estudios de ADN, esta técnica también ha puesto en evidencia los dos grandes problemas de este tipo de muestras: la degradación y la contaminación. Un alto nivel de degradación y fragmentación hace que cualquier molécula moderna sea amplificada de forma preferente, siendo éste el talón de Aquiles de la PCR. En los últimos años se han cuestionado muchos de los estudios pioneros en los que se reportaba la amplificación de ADN de muestras de millones de años de antigüedad. Se ha establecido que el ADN obtenido de fósiles de *Magnolia* con una antigüedad de entre 17 y 20 millones de años, el de dinosaurios, o el de insectos preservados en ámbar, eran producto de la contaminación (Wayne et al., 1999). Incluso se demostró que insectos mucho más recientes preservados en copal, un estado anterior al ámbar de las mismas resinas, eran inservibles como fuente de ADN. Estos resultados ponen de manifiesto que no existe correlación entre la preservación morfológica y la conservación de moléculas de ADN (Lindahl, 1997).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

#### 1.5.4.1. Marcadores genéticos estudiados.

##### 1.5.4.1.1. ADNmt

Dentro del campo del ADN, el ADNmt (ADNmt) ha jugado un papel fundamental debido a sus peculiares características (Álvarez et al., 2001; Pakendorf y Stoneking, 2005).

En la especie humana, el ADNmt es una molécula circular bicatenaria de  $16.569 \pm 20$  pares de bases. El ADNmt contiene un pequeño número de genes que codifican dos ARN ribosómicos, 22 ARN de transferencia y 13 proteínas que participan en la fosforilación oxidativa.

La primera característica que hace al ADNmt especialmente útil para los estudios de muestras antiguas es el gran número de copias que hay en cada célula, desde cientos hasta miles de ellas, en comparación con la dos copias por célula del ADN nuclear. Esto significa, en general, una mayor probabilidad per-locus de ser recuperado en el laboratorio. La segunda característica a destacar es la herencia exclusiva por vía materna, lo que implica que no se produce recombinación. Esto permite trazar los linajes maternos de las poblaciones a lo largo del tiempo. La última de sus características ventajosas es que el ADNmt tiene una mayor tasa de mutación con respecto al ADN nuclear, lo que resulta muy útil para estudiar diferencias entre poblaciones de una misma especie. Además, el genoma mitocondrial humano completo fue secuenciado a principios de los años ochenta (Anderson et al., 1981), por lo que desde que se iniciaron los estudios de ADN fue posible comparar los resultados con una secuencia de referencia.

El ADNmt está compuesto principalmente por ADN codificante, con la excepción de un fragmento largo de aproximadamente 1.100 pares de bases conocido como la región control. Dentro de esta zona se encuentra

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



la región hipervariable, que por su alta tasa de sustitución (la más alta del todo el ADNmt) y su pequeño tamaño se convirtió en el centro de las investigaciones de ADN. El estudio de este tipo de ADN también tiene algunas desventajas. Al heredarse de madres a hijos, sólo informa sobre la historia de los linajes maternos. Además, al ser un marcador uniparental, el ADNmt es más proclive a sufrir procesos estocásticos como la deriva genética o los cuellos de botella.

Las características particulares del ADNmt, como la ausencia de recombinación o la herencia por vía materna, lo convierten en una herramienta excelente para la reconstrucción de la historia evolutiva de nuestra especie. Como no sufren recombinación, las diferencias existentes entre dos secuencias de ADNmt se deben fundamentalmente a nuevas mutaciones. Estas modificaciones se van acumulando con el paso del tiempo, generando secuencias cada vez más diferentes entre sí, que serán el reflejo de linajes cada vez más alejados. Se denomina haplotipo al conjunto de mutaciones acumulado en una molécula de ADNmt. Las relaciones entre distintos haplotipos se establecen usando redes filogenéticas, que permiten clasificarlos de manera jerárquica, en función de las mutaciones compartidas. Estas relaciones se pueden representar en un árbol que refleje las relaciones filogenéticas de las diferentes variantes conocidas del ADNmt (Van Oven y Kayser, 2009). Si tenemos en cuenta que el efecto de las retromutaciones es minoritario, se puede asumir que las mutaciones compartidas por diferentes linajes implican un origen común. Se denomina haplogrupos a aquellos haplotipos que poseen mutaciones en común, y que por tanto, comparten un mismo origen.

Aunque parece sencillo hacer una clasificación, existen varios factores que dificultan su elaboración. Entre estos factores está la alta tasa de mutación de la HVR (región hipervariable), que puede hacer que las relaciones filogenéticas no sean del todo claras como consecuencia

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

de la retromutación. Esta situación se da sobre todo en ciertas zonas con tasas de mutación especialmente altas, también conocidas como *hotspots*. Una posible solución para este problema es ampliar la región estudiada, por ejemplo recurriendo a la secuenciación completa del ADNmt, ya que fuera de la región hipervariable, el número de retromutaciones y mutaciones recurrentes es mucho menor.

En el momento en que se empezó a analizar la variabilidad del ADNmt en distintas poblaciones, se identificó una gran diferenciación entre los linajes del África subsahariana y los demás (Cann et al., 1987). A esto se le unió que uno de los haplogrupos más antiguos aparece exclusivamente en África. Estos resultados son congruentes con la teoría de la salida de África o el OOA (del inglés, *Out of Africa*) que propone un origen reciente de los humanos anatómicamente modernos en el continente africano y una expansión posterior al resto del mundo. Esto implicaría que todos los linajes actuales provendrían de un ancestro común africano, también denominado como “Eva mitocondrial”. Los estudios de este tipo han avanzado mucho desde sus inicios, lo que ha permitido un refinamiento del árbol filogenético del ADNmt, que a su vez nos proporciona la oportunidad de una clasificación de los haplogrupos y subhaplogrupos cada vez más detallada (Torroni et al., 2006).

Como resultado del estudio global de los haplogrupos del ADNmt, fue posible su adscripción a regiones geográficas específicas (Richards et al., 2000). Tres de estos haplogrupos, el L1, L2 y L3, aparecen en el África subsahariana. Nueve, H, I, J, K, T, U, V, W y X, comprenderían la mayoría de linajes europeos, norteafricanos y caucásicos. Por último, estarían los haplogrupos A, B, C, D, E, F, G, M, y Q que se relacionarían con las poblaciones de Asia, Oceanía y los nativos americanos. Estos estudios se complementarían con aquellos sobre las edades de coalescencia de los grandes macrohaplogrupos. En éstos se detectó una primera expansión que partiría de África hace unos 59.000-69.000 años

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

aproximadamente. Por un lado se colonizaría el oeste asiático y la India y, de manera independiente, otros grupos seguirían hacia el sur alcanzando el sudeste asiático. En un momento posterior, hace unos 39.000-52.000 años, la rama del oeste asiático se dispersó de forma radial llevando linajes caucásicos al norte de África y Europa, alcanzando la India y expandiéndose al norte y el este de Asia (Maca Meyer et al., 2001).

#### *1.5.4.1.2. ADN nuclear*

El estudio de ADN nuclear en restos antiguos es más complicado al tratarse de un material más escaso que el ADNmt. Como ya habíamos expuesto, sólo existen dos copias del ADN nuclear en cada célula, en comparación con los miles de copias del mitocondrial. Sin embargo, dependiendo del estado de conservación de las muestras, es posible recuperar ADN nuclear. La presencia de este tipo de ADN permite, entre otras cosas, la asignación del sexo genético de los individuos estudiados (Faerman et al., 1995). En algunos casos también es posible crear perfiles genéticos utilizando, por ejemplo, métodos de la genética forense como los STRs (del inglés, *Short Tandem Repeats*) (Baret et al., 1997), Y-STRs (del inglés *Y-chromosome Short Tandem Repeats*) (Oh et al., 2015) y SNP's (del inglés, *Single Nucleotide Polymorphisms*). Algunos kits como el AmpFLSTR® MiniFiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems) resultan los más adecuados, ya que al estar diseñados para muestras degradadas amplifica fragmentos de menor tamaño, lo que se ajusta mucho mejor a las características del ADN (Capelli, et al., 2003; Oh et al., 2012).

#### *1.5.4.1.2.1. Cromosoma Y*

Dentro del ADN nuclear estaría el cromosoma Y, que en su región no recombinante podría considerarse la contrapartida del ADNmt, la cual constituye el 95% de su longitud. Al ser heredada por vía paterna y no

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

producirse recombinación, esta región se transmite de padres a hijos sin modificación, a excepción de la acumulación de mutaciones. La región no recombinante del cromosoma Y tiene dos grandes diferencias con el ADNmt; la primera es su mayor tamaño,  $60 \times 10^6$  pb en comparación con las  $16 \times 10^3$  pb del ADNmt y la segunda es que aparece en un menor número de copias, como ya se ha mencionado anteriormente (Jobling y Tyler-Smith, 1995).

Otro de las problemáticas que presentan los estudios de la región no recombinante del cromosoma Y, en comparación con el ADNmt, es su baja tasa de mutación, que es entre 5 y 10 veces menor que la de éste. Esto no siempre es una desventaja ya que también implica que se produce una menor cantidad de retromutaciones y mutaciones recurrentes, lo que aumenta la certeza de que la presencia compartida de una mutación defina a un grupo relacionado por descendencia, facilitando la construcción de los árboles filogenéticos (Thomson et al., 2000; Karafet et al., 2008).

Cuando se iniciaron los estudios filogenéticos del cromosoma Y, una de las dificultades que se presentó fue que debido al mayor tamaño del cromosoma Y no se disponía de la secuencia completa de referencia, ni era viable obtener secuencias completas de las muestras. Para solventar este problema se recurrió al uso combinado de marcadores de evolución lenta como los SNPs y de evolución rápida como serían los STRs. Los primeros se usan para clasificar los linajes en los haplogrupos, mientras que los segundos se utilizan para calcular la diversidad dentro de los haplogrupos (Underhill et al., 2000; Jobling y Tyler-Smith, 2003; Cruciani et al., 2004; Semino et al., 2004). Sin embargo, con el avance de las técnicas se ha conseguido hacer el primer árbol de secuencias completas del cromosoma Y (Poznik et al., 2013).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Los estudios filogenéticos basados en el cromosoma Y han demostrado ser bastante eficaces para dilucidar el origen, la evolución y la dispersión de las poblaciones humanas. De igual manera a lo que sucede con el ADNmt, se ha podido determinar que la distribución geográfica de los haplogrupos es específica a determinadas regiones y que su filogenia es coherente con la teoría del “Adán Cromosómico Y”, análogo a la “Eva Mitocondrial”, que habría vivido en el continente africano. En un principio se estimó una edad para éste de entre 90.000 y 130.000 años (Underhill et al., 2000). Sin embargo, tras el análisis de secuencias completas del cromosoma Y, se ha establecido esta fecha entre 99.000 y 148.00 años, acercándola a las establecidas para el ADNmt (Poznik et al., 2013). En lo relacionado con su distribución, los haplogrupos A y B estarían asociados al África subsahariana; los haplogrupos E, J y T se distribuirían por África, Oriente Medio y el sur de Europa; los haplogrupos R, G, I lo harían por el Oriente Medio, el Cáucaso y el Mediterráneo. Por último, los haplogrupos C, D, K, F, H, L, M, O, Q y S aparecerían en Asia, Australia, Oceanía y América (Underhill y Kivisild, 2007; Karafet et al., 2008). Además, recientemente se ha identificado un linaje denominado A00, que sería una raíz muy antigua del árbol filogenético del cromosoma Y. Al incluir este linaje el árbol pasaría a ser un 67% más antiguo. Los autores incluso han estimado que podría retrotraerse hasta hace 209.000 años (Mendez et al., 2013).

#### 1.5.4.1.2.2. Marcadores autosómicos

Dentro del ADN nuclear también estarían los marcadores autosómicos. Este tipo de marcadores son muy importantes para poder obtener una visión conjunta de la evolución de las poblaciones, sirviendo como un complemento necesario de los linajes uniparentales. Dentro de los marcadores autosómicos utilizados para los estudios de poblaciones, el sistema de haplotipos CD4/Alu es uno de los más empleados ya que es una herramienta efectiva si se pretende trazar el origen y la expansión del

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

hombre moderno (Tishkoff et al., 1996), o estimar la mezcla entre poblaciones (Destro-Bisol et al., 1999). Está conformado por dos sistemas asociados, un locus bialélico cuyo estado ancestral es la pérdida parcial de un elemento Alu y una repetición en tándem de un pentanucleótido (5' TTTTC 3').

#### 1.5.4.2. Estudios de ADN usando la NGS

El desarrollo de la secuenciación de segunda generación (NGS por sus siglas en inglés) a partir del año 2005 (Marguliers et al., 2005) ha revolucionado el campo del ADN incluso más que el advenimiento de la PCR. Con el uso de la NGS, la cantidad de ADN recuperado aumenta significativamente permitiendo lo que se ha denominado como la observación de la evolución en tiempo real (Knapp y Hofreiter, 2010; Anastasiou y Mitchell, 2013a). La diferencia con los procedimientos anteriores es que antes los estudios se centraban en fragmentos cortos, amplificados por PCR, mientras que la NGS permite obtener todas las moléculas de ADN presentes en una muestra. Esto ha hecho que se haya pasado de obtener información de unos cuantos fragmentos cortos de ADN, a lo que se ha denominado como estudios paleogenómicos, que incluyen también el análisis a nivel genómico del ADNmt (Stoneking y Krause, 2011; Ozga et al., 2016). El uso de la NGS ha permitido, por ejemplo obtener genomas completos y fiables de especies pleistocénicas extintas (Briggs et al., 2007) e incluso el descubrimiento de nuevas especies del género *Homo* (Reich et al., 2010). Estas nuevas técnicas no sólo son más rápidas, sino que requieren una menor cantidad de ADN endógeno para producir una gran cantidad de información, lo que también implica una reducción en los costes. Su uso también ha permitido una identificación más detallada de los patrones de degradación del ADN. Esto es especialmente importante cuando se analizan restos humanos, ya que permite distinguir mejor el ADN endógeno de aquel proveniente de la contaminación (Anastasiou y Mitchell, 2013a). El advenimiento de los

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

nuevos métodos no descarta la utilización de otros anteriores, ya que la utilidad de cada uno estará más bien determinada por las cuestiones que se pretendan resolver. Conjuntamente, estas metodologías permiten resolver distintas preguntas sobre las sociedades del pasado.

#### 1.5.5. El ADN<sub>a</sub> como herramienta interdisciplinar

Existen en la literatura especializada numerosos casos publicados de estudios interdisciplinares que integran la genética y la historia, y que han permitido dar conjuntamente respuestas a problemas de hondo calado histórico. En ellos no sólo participan estas dos disciplinas, sino que también intervienen otras como la geología, la histología, la química, la microbiología, la botánica, la zoología o la bioinformática (Cipollaro et al., 2005; Wolinsky, 2013) y, de forma principal, la arqueología y la bioantropología (Matisoo-Smith y Horsburgh, 2012). A continuación se muestran algunos ejemplos que nos dan una visión muy somera del alcance del ADN<sub>a</sub> como herramienta interdisciplinar (Pääbo et al., 2004).

Un área de investigación de gran importancia, que con la llegada de la secuenciación de segunda generación ha avanzado mucho más, es la relacionada con la historia evolutiva humana. Entre las numerosas publicaciones en este campo destacan las realizadas sobre los Neanderthales (Noonan et al., 2006; Prufer et al., 2014; Sánchez Quinto y Lalueza Fox, 2015), los Denisovanos (Reich et al., 2010) o los homínidos de la Sima de los Huesos en Atapuerca (Meyer et al., 2014; Meyer et al., 2016).

Dentro de la arqueología existen numerosas áreas de trabajo en las que los estudios de ADN<sub>a</sub> son de gran ayuda. Kemp et al. (2007) y Larsen (2002) plantean sólo algunos de los múltiples campos en los que se pueden aplicar estos procedimientos. Entre ellos cabe destacar la posibilidad de determinar el sexo en restos esqueléticos de forma fiable.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Esto ha supuesto contar con una herramienta fundamental para comprender los distintos comportamientos sociales del pasado en los que el sexo de los individuos jugó un papel significativo. Algunos trabajos a considerar en este sentido son los realizados en restos óseos procedentes de sacrificios humanos entre los aztecas o los incas (Wilson et al., 2007; De la Cruz, et al., 2008), o los llevados a cabo en restos infantiles encontrados en un burdel romano (Faerman et al., 1998).

Otro campo de aplicación de gran interés es el relacionado con las migraciones y los movimientos poblacionales (Kéfi et al., 2005; Gonçalves et al., 2016). Un ejemplo reciente es el trabajo realizado en momias egipcias procedentes del yacimiento de Abusir el-Meleq (Schuenemann et al., 2017). También ha sido posible determinar las relaciones de parentesco entre los individuos depositados en un mismo enterramiento (Di Bernardo et al., 2009). Contamos, además, con otros estudios que utilizan el ADN para resolver preguntas muy concretas sobre determinados personajes históricos. Tal sería el caso de los realizados para identificar a Ricardo III (King et al., 2014) o a la familia Romanov (Coble, 2011).

Vale la pena resaltar también las investigaciones relacionadas con patógenos, como virus y bacterias (Anastasiou y Mitchell, 2013b). Diversos artículos hablan sobre la recuperación de ADN de *Mycobacterium Tuberculosis* (Donoghue et al., 2015; Harkins et al., 2015) o de *Yersinia pestis* (Seifert et al., 2016), así como del virus de la gripe española de 1918 (Larsen 2002); también se ha detectado ADN de la bacteria *Helicobacter pilori* en los restos de Ötzi, el hombre neolítico encontrado en los Alpes (Maixner et al., 2016). Es un campo potencialmente muy interesante porque la evolución de algunos patógenos parece ser lo suficientemente rápida como para permitir hacer un seguimiento del cambio genético a través de décadas o de siglos. Sin embargo, existen diversas fuentes potenciales de contaminación. Por

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



ejemplo, las bacterias en la tierra pueden tener secuencias similares a las de la bacteria de la tuberculosis, por lo que algunos de los estudios han sido cuestionados. Esto hace necesario el desarrollo de estudios rigurosos sobre cuestiones técnicas que den como resultado unos criterios de fiabilidad (Roberts e Ingham, 2008).

Otro campo de estudio de gran relevancia para la historia son los estudios centrados en los orígenes de la domesticación. En estos, diferentes loci que no se seleccionaron durante la domesticación, como los del ADNmt, pueden ser utilizados para examinar si diferentes poblaciones contribuyeron al pool genético de las especies domésticas o si este proceso se originó en una única región. También se pueden identificar los genes seleccionados durante la domesticación, ya que estos tendrán una variación más baja en comparación con la de sus ancestros salvajes. Una vez que estos genes hayan sido identificados se podría, en principio, determinar el momento en el que los diferentes rasgos fueron seleccionados mediante el análisis de la variación en las muestras antiguas. Ejemplos de este tipo de estudios serían los realizados en especies animales como los perros, los caballos, las vacas o en especies vegetales como el maíz (Geigl, 2008; Schlumbaum et al. 2008). A estos habría que agregarles los estudios sobre la domesticación de las plantas cuando se desarrollo la agricultura (Harper y Armelagos, 2013).

#### I.6. Los estudios de ADN en las Islas Canarias

Paralelamente a los avances mundiales de la Biología Molecular, en el Archipiélago Canario se fueron desarrollando diferentes investigaciones cuyos resultados han sentado las bases a partir de las cuales se desarrolla esta tesis. Uno de los objetivos iniciales fue comprender el proceso histórico que ha llevado a la composición genética de la población canaria actual. En un primer momento estos estudios se

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

hicieron exclusivamente en poblaciones vivas, aunque siempre con el objetivo de entender los procesos históricos de su formación. Luego, cuando fue posible, estos resultados se contrastaron con los obtenidos del estudio directo del ADN en restos antiguos, tanto aborígenes como de la Edad Moderna.

#### 1.6.1. Los estudios de ADN en poblaciones canarias actuales

Antes de comentar los trabajos que tratan de explicar la variabilidad genética de la población canaria, es necesario recordar muy brevemente como fue el proceso histórico de su formación. Hasta la llegada de los europeos, a finales de la Edad Media, la población canaria tenía un substrato norteafricano, debido al origen beréber de la población aborigen. Luego de la incorporación del Archipiélago a la Corona de Castilla, a finales del siglo XV, se produjo la llegada de población europea, en especial procedente de la Península Ibérica. Además de estas dos poblaciones parentales, también hay que tener en cuenta la llegada de esclavos subsaharianos durante la Edad Moderna, aunque su aporte fue inferior al de las otras dos poblaciones (Maca Meyer et al., 2004a).

##### *1.6.1.1. Grupos sanguíneos y polimorfismos enzimáticos*

Con anterioridad al análisis directo del ADN, los primeros trabajos para entender la composición genética de las poblaciones canarias se centraron en el estudio de los grupos sanguíneos (Schwarzfischer y Liebrich, 1963).

El grupo sanguíneo del sistema AB0 es fundamental para las transfusiones y trasplantes, ya que entre individuos de grupos incompatibles se produce una destrucción y aglutinación de las células sanguíneas (Landsteiner, 1901), como consecuencia de una reacción del sistema inmune ante unas células que reconoce como extrañas al

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

organismo. Este fenómeno se debe a las diferencias antigénicas de cada uno de los grupos sanguíneos, que se determinan por la presencia o no de determinados residuos de azúcares en las glicoproteínas o glicolípidos de las membranas de los eritrocitos. Estos grupos carbohidrato se incorporan a la membrana gracias a la acción de las glicotransferasas A y B. Las diferencias antigénicas de los eritrocitos responden a mutaciones en el gen que codifica la glicosiltransferasa, que incorporará un tipo u otro de oligosacárido, o ninguno en el caso del alelo 0 (Daniels, 1995).

En el Archipiélago Canario los primeros análisis genéticos serían realizados por Schwarzfischer y Liebrich (1963) que determinaron el grupo sanguíneo AB0 en restos aborígenes, sobre todo en restos momificados. Utilizaron antígenos eritrocitarios en los que se pudo observar una alta frecuencia del alelo 0, similar a la encontrada en tribus beréberes del Atlas (Gaud, 1942; Masserlin, 1951). Lo anterior sería congruente con las evidencias arqueológicas y antropológicas que relacionan a la población aborígen con pueblos beréberes.

Además de estos estudios se realizaron otros que caracterizaban a la población canaria actual para el grupo AB0, así como para otros grupos sanguíneos como Rh, MNSs, FY y P (Guasch et al., 1952; Bravo y de las Casas, 1958; Parejo, 1966; Roberts et al., 1966; Rösing, 1967; Pinto et al. 1996b). Las frecuencias alélicas de esta población estaban dentro del rango de las poblaciones europeas, aunque se detectó una aportación africana minoritaria. En el caso de La Gomera se encontraron unas frecuencias del alelo 0 similares a las halladas en el Magreb y a las de los estudios realizados en momias aborígenes canarias (Gaud, 1942; Masserlin, 1951; Schwarzfischer y Liebrich, 1963).

A finales del siglo XX se produjeron avances significativos en la comprensión del funcionamiento de los genes que tienen relación con los grupos sanguíneos. Yamamoto et al. (1990b) consiguieron clonar y

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	vACJKdfr	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

secuenciar el gen de la glicosiltransferasa, pudiendo determinar las mutaciones que caracterizan a los grupos A, B y O. Las únicas diferencias entre la glicosiltransferasa A y B son 7 mutaciones puntuales, de las cuales sólo 4 determinan un cambio de aminoácido. La principal diferencia entre la glicosiltransferasa A y O radica en la delección de una citosina en posición 261, que da lugar a un codón de parada prematuro y a la formación de una proteína enzimáticamente inactiva (Yamamoto et al., 1990a).

Los avances de la Biología Molecular también han permitido el estudio exhaustivo de la región codificante de la glicosiltransferasa, habiéndose encontrado una gran cantidad de variantes alélicas, sobre todo dentro del grupo O (Yip, 2002). Algunos alelos de este grupo son bastante abundantes como el caso del O01 y el O02, siendo detectados en todas las poblaciones estudiadas hasta el momento. Sin embargo, hay otras variantes menos frecuentes, que evidencian una distribución geográfica más restringida. En los estudios de las Islas Canarias resultó llamativa la identificación de los alelos O03 y O12, ya que son bastante poco frecuentes y se encuentran en los lugares de origen de dos de las poblaciones parentales del Archipiélago, los vascos y los beréberes (Roubinet et al., 2001).

Efectivamente, al realizar un estudio molecular de los grupos sanguíneos ABO (Fregel et al., 2005), se confirmó la presencia de los alelos O03 y O12 en Canarias; además se pudo establecer una correlación negativa entre las distancias geográficas con el continente africano y las frecuencias insulares. Basándose en estos resultados los investigadores plantearon una colonización aborigen desde el este hacia el oeste, cuyas huellas serían visibles en el presente. El análisis molecular del grupo ABO en la islas también permitió calcular estimas de mezcla en la población Canaria. En general, la contribución de la Península Ibérica es mayoritaria (82%), aunque en islas como La Gomera la aportación norteafricana asciende hasta un 62%.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

En las primeras etapas de la investigación genética en el Archipiélago se realizaron también estudios relacionados con los polimorfismos enzimáticos. La determinación de éstos está basada en la caracterización de isoenzimas, que son aquellas que catalizan la misma reacción química pero que poseen diferencias en sus secuencias de aminoácidos. El análisis de polimorfismos enzimáticos fue utilizado por primera vez para el estudio de las moscas *Drosophila pseudoobscura* (Hubby and Lewontin, 1966); para ello se utilizaron métodos electroforéticos y de tinción de proteínas. Luego esta técnica fue aplicada para la caracterización de poblaciones humanas (Harris 1966).

En el caso de Canarias se realizó el análisis de ocho enzimas sanguíneas, tanto en la población del Archipiélago como en las que se consideran parentales, la Península Ibérica y el noroeste africano (Cabrera et al. 1996; Pinto et al., 1996b). De la misma manera que sucede con los grupos sanguíneos, las frecuencias de estas aloenzimas en Canarias son similares a las típicas para las poblaciones caucásicas. Sin embargo, la presencia de la variante alélica R en el locus ACP (fosfatasa ácida) y del alelo G6PD A+ (glucosa-6-fosfato deshidrogenasa), que suelen relacionarse con poblaciones negroides, podría interpretarse como evidencia de la existencia de un componente africano, aunque no especialmente significativo, en la población canaria actual.

#### 1.6.1.2. Marcadores uniparentales

##### 1.6.1.2.1. Linajes maternos: el ADNmt

Como ya se explicó anteriormente, los marcadores uniparentales hacen referencia a aquellos que son transmitidos exclusivamente por uno de los dos progenitores. Dentro de este tipo de marcadores se encuentra el ADNmt.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por:	ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
	AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
	MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
	ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
	ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Las investigaciones sobre la población canaria se iniciaron con un estudio preliminar que comparó la población de la isla de Tenerife con las poblaciones que se consideraron más cercanas, tanto desde el punto de vista histórico como geográfico: la Península Ibérica, el norte de África y el África subsahariana (Pinto et al., 1996a). En este trabajo se estimó que la población canaria tenía una aportación del 43% de linajes norteafricanos, un 36% de europeos y un 21% de subsaharianos. Estos resultados mostraban una importante diferencia con los obtenidos en el estudio de los marcadores autosómicos que estimaban una contribución norteafricana de un 21%, peninsular de un 71% y subsahariana de un 8% (Roberts et al., 1966; Pinto et al., 1994). La interpretación que se hizo entonces de estos resultados fue la posible existencia de una fuerte asimetría sexual, en la que los linajes maternos tendrían, en comparación con los autosómicos, una mayor aportación norteafricana y subsahariana.

En un trabajo posterior más amplio, sobre el ADNmt de la población canaria actual, se incluyeron individuos de las siete islas (Rando et al., 1999). El análisis de la HVR del ADNmt se realizó mediante secuenciación, además de la caracterización de diversas posiciones diagnóstico mediante RFLP (del inglés *Restriction Fragment Length Polymorphism*) que permitieron definir mejor la asignación dentro de los diferentes haplogrupos. Además de los linajes típicamente europeos, se encontró un subtipo del haplogrupo beréber U6, el U6b1a. Este subtipo únicamente ha sido detectado en el Archipiélago y establece una relación directa entre la población aborigen de las islas con el noroeste africano.

Estudios detallados sobre el haplogrupo U6 han permitido determinar su posible origen y las migraciones humanas a las que ha estado asociado. Recientemente, se ha detectado la presencia de un linaje basal del U6 en el sudeste de Europa de una antigüedad de 35.000 años. Este resultado confirma el origen eurasiático del haplogrupo U6 y su participación en lo que se ha descrito como migraciones de vuelta a África

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

(Hervella et al., 2016). La primera expansión del U6 dentro de África, representada por el ancestro común más reciente del U6a, sería hace 26.2 (20.3-32.2) miles de años. Se produciría luego un complejo proceso de expansión y diversificación, del que formaría parte la aparición de los subhaplogrupos canarios. Dentro del haplogrupo autóctono canario U6b1a se han definido tres nuevas ramas, la U6b1a1, la U6b1a2 y la U6b1a3. Además, el U6b1a sería un cluster hermano de la rama norteafricana U6b1b (Secher et al., 2014).

El estudio del ADNmt en Canarias llevado a cabo por Rando et al. (1999), permitió obtener una estima más precisa de la aportación norteafricana, con un valor en torno a un 33%.

Esta caracterización de los linajes maternos constituyó una importante contribución a la explicación del proceso de colonización de las islas por los aborígenes. Tomando como referencia la composición haplotípica de las diferentes islas, fue posible establecer una correlación negativa entre la heterocigosidad insular y la distancia con África. A raíz de ello se planteó una colonización con un único evento migratorio de este a oeste, procedente del noroeste africano (Rando et al., 1999).

En el trabajo de Santos et al. (2010) se analizaron 503 individuos de las Islas Canarias. Este estudio formaba parte de una investigación conjunta sobre patrones de ADNmt de la Macaronesia, que incluía los cuatro archipiélagos atlánticos. En lo que se refiere a Canarias, se encontraron 178 haplotipos diferentes y el 62,9% no se había detectado en análisis anteriores. El análisis de distancias genéticas mostró que en la región macaronésica, Cabo Verde es el archipiélago que tenía las mayores diferencias con respecto a las demás islas. Además, a excepción de La Gomera, Flores y Corvo, el resto de las islas y la Península Ibérica conformarían un grupo relativamente homogéneo. La mayoría de los

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

linajes mitocondriales encontrados en los archipiélagos de Azores, Madeira y Canarias, pertenecen a haplogrupos euroasiáticos.

En la población canaria contemplada en este estudio destaca la presencia de los subhaplogrupos autóctonos U6b1a y U6c1, que representan la huella de la presencia de la población aborigen anterior a la conquista castellana. También llama la atención la ausencia de señales de integración de los linajes típicamente aborígenes en los otros archipiélagos. Esto sería congruente con la diferencia significativa que se encontró en la composición de los haplogrupos en los cuatro archipiélagos de la Macaronesia. Como indicamos anteriormente, la composición del ADNmt es relativamente homogénea en el Archipiélago Canario, con la única excepción de La Gomera.

Estos resultados hicieron que los autores plantearan la hipótesis de que la variación genética en Azores, Madeira y las islas Canarias está principalmente determinada por los procesos iniciales de poblamiento y que, los subsiguientes contactos entre los archipiélagos tuvieron un impacto reducido en su composición genética. En el caso de Canarias, las afinidades encontradas entre Lanzarote y Fuerteventura darían pistas sobre posibles oleadas secundarias de colonización prehistórica del archipiélago desde el Norte de África. A diferencia de la distribución homogénea del linaje U6b1a, estas dos islas comparten las frecuencias más altas para el linaje U6c1 y el subgrupo T2c, que se han identificado con esa oleadas secundarias, tema que se discutirá en profundidad más adelante.

Teniendo en cuenta las particularidades de La Gomera, Fregel et al. (2015) realizaron un estudio con restos aborígenes y población actual. De la población actual se analizaron 326 muestras nuevas a las que se sumaron para el análisis las presentadas por Rando et al. (1999) y Santos et al. (2010). Los resultados, como era de esperar, mostraron que la

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



diversidad genética actual de esta isla es bastante baja, aunque mayor que en la muestra aborigen. La presencia de linajes europeos, del África subsahariana e incluso amerindios, evidencia el impacto de la colonización europea, a pesar de que el linaje autóctono U6b1a siga siendo el dominante, con un 44%. En este trabajo también se realizó un análisis más detallado por municipios, lo que permitió una comparación más precisa con las otras islas. En Tenerife estaría la población con mayor cercanía genética a La Gomera, siendo los municipios de Agulo, Hermigua y Valle Gran Rey los más próximos.

Al comparar las poblaciones parentales, La Gomera mostraba la contribución materna más alta (alrededor del 50%) y una de las contribuciones paternas más bajas (alrededor del 6%) del Archipiélago. Los autores atribuyeron esta marcada asimetría a la manera como fue conquistada la isla, además de a una posible deriva genética. Su abrupta topografía también pudo condicionar el aislamiento de los asentamientos, ya en época de los colonizadores españoles. Estos se habrían mantenido relativamente segregados, después de la mezcla inicial con los aborígenes, hasta tiempos bastante recientes. Una de las conclusiones principales de este trabajo es que de todo el Archipiélago, La Gomera es donde mejor se conserva el sustrato aborigen.

#### *1.6.1.2.2. Linajes paternos: el cromosoma Y*

En lo que respecta a Canarias, los estudios del cromosoma Y se realizaron con posterioridad a la determinación de la composición genética de los linajes maternos. Se analizaron 24 marcadores bialélicos y 5 microsatélites del cromosoma Y en poblaciones de todo el Archipiélago (Flores et al., 2003), con el objetivo de compararlos con los resultados obtenidos en el noroeste de África y en la Península Ibérica (Hurles et al., 1999; Bosch, et al., 2001; Flores, 2001; Underhill et al., 2001; Flores et al., 2004). Los resultados mostraron que, al contrario de lo

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

que pasaba con el ADNmt, el pool genético paterno tiene un origen mayoritariamente europeo (más de un 90%). Esto confirmaba la existencia de una asimetría sexual en las contribuciones maternas y paternas, como consecuencia de las características de la colonización europea. A pesar de ello, la presencia de haplogrupos africanos como el E-M81 mostraron la pervivencia, aunque en muy poca proporción, de algunos linajes aborígenes. A partir de la edad y de la distribución de estos linajes africanos, se planteó un proceso de colonización en dos fases. Esta hipótesis coincidiría con algunas de las propuestas recogidas en distintos estudios antropológicos, arqueológicos y lingüísticos (Navarro Mederos, 1997; Springer 2001), aunque sería en cierta medida contradictoria con el único evento migratorio detectado originalmente para el ADNmt (Rando et al., 1999). Sin embargo, los estudios más recientes de Santos et al. (2010) sobre ADNmt apoyarían, los resultados obtenidos para el cromosoma Y.

#### *1.6.1.3. Los marcadores autosómicos: el sistema CD4/Alu*

El análisis de este marcador se aplicó primero a las poblaciones que se consideraban parentales para Canarias, la Península Ibérica, el noroeste africano y el África subsahariana (Flores et al.,2000). Luego se utilizó este mismo sistema para caracterizar a las poblaciones del Archipiélago, con la idea de realizar una comparación entre las poblaciones parentales y las canarias. Aunque la distribución de los haplotipos CD4/Alu en Canarias no presentó una diferencia marcada con la Península Ibérica, si se obtuvieron algunos resultados que parecían apuntar a una influencia norteafricana (Flores et al.,2001). Entre los resultados destaca la presencia del haplotipo 110(-), que se puede relacionar directamente con el noroeste africano. Éste no sólo apareció en la mayoría de las islas, sino que su distribución en algunas de ellas no se diferenciaba de manera significativa del noroeste africano.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

También se han realizado estudios en las siete islas sobre diez inserciones autosómicas Alu que se encuentran dispersas a lo largo del genoma humano. Éstas se producen como eventos únicos en nuestra evolución y son aparentemente neutrales en la selección natural (Maca-Meyer et al. 2004b). En estos análisis se han detectado alelos específicos de la Península Ibérica y del noroeste de África. La contribución ibérica se situaría entre el 62 y el 78%, la norteafricana entre el 23 y el 38%, y la del África subsahariana alrededor del 3%, lo que sigue sugiriendo la presencia de un legado aborigen y esclavo en la población canaria actual (Flores et al., 2001).

### 1.6.2. Los estudios de ADN en Canarias

El avance en las técnicas de estudio del ADN supuso poder trabajar directamente con restos humanos arqueológicos. Esto permitió, desde el punto de vista de la genética de poblaciones, abrir una vía de investigación fundamental para confirmar los resultados obtenidos en los estudios de poblaciones actuales. Desde el punto de vista del conocimiento histórico significó un gran avance ya que supone conocer la composición genética de las poblaciones del pasado a partir del análisis directo de sus propios componentes, y no de inferencias obtenidas de las poblaciones actuales, que han sufrido una serie de procesos históricos que dificultan su interpretación. Esta información directa además permite plantear otro tipo de cuestionamientos enfocados a la reconstrucción de la forma de vida de las sociedades del pasado.

#### *1.6.2.1. ADNmt*

Uno de los primeros estudios que se realizaron directamente sobre muestras antiguas fue el análisis de ADNmt de restos aborígenes de las islas de Tenerife, La Gomera, El Hierro y Gran Canaria. Se incluyeron 131 dientes correspondientes a 129 individuos diferentes, pertenecientes a 15

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

yacimientos arqueológicos y con una antigüedad aproximada de 1000 años. En este estudio se analizó la secuencia de la HVRI del ADNmt y de determinados RFLPs diagnósticos.

Los resultados señalaron a los beréberes marroquíes como la población africana más cercana a los aborígenes canarios (Maca-Meyer et al., 2004a). Se confirmaban así las conclusiones obtenidas en estudios antropológicos y arqueológicos previos (Navarro Mederos, 1997).

La detección del subhaplogrupo U6b1a, presente únicamente en la población canaria, apoyó la hipótesis de la pervivencia del pool genético materno aborigen en la población actual. Este subtipo U6b1a aún no se ha encontrado en el continente, aunque éste sea el lugar de expansión del linaje U6. Una posible explicación para este fenómeno sería que la región exacta de donde provienen los ancestros de los aborígenes no ha sido estudiada aún, o que las poblaciones han sido reemplazadas por migraciones humanas posteriores.

Cuando se realizaron las estimas de mezcla, utilizando por primera vez a la población aborigen como población parental, se vio que los aborígenes canarios contribuyeron entre un 42% y un 73% a los linajes maternos actuales. Estos datos confirmaban también los aportados en otros estudios que proponían al norte de África como el origen de la población parental (Pinto et al., 1996b; Rando et al., 1999) y serían coherentes con los datos históricos que apuntan que, a finales del siglo XVI, había una importante pervivencia de población aborigen (Espinosa, 1980).

Además, la alta diversidad encontrada en los aborígenes a nivel del ADNmt, era comparable con la de las poblaciones actuales de Canarias y del norte de África, y no parecía concordar con una colonización de las islas con acusados efectos fundadores. Por el contrario, sería congruente

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

con una gran diversidad en los primeros colonizadores o con la existencia de varias oleadas migratorias (Maca-Meyer et al., 2004a; Fregel, 2010).

En estos primeros estudios se analizaron también restos óseos procedentes de la excavación arqueológica realizada en la Iglesia de Nuestra Señora de La Concepción, en Santa Cruz de Tenerife. Como consecuencia de la realización de algunas reparaciones arquitectónicas en el edificio, se llevó a cabo una excavación arqueológica de urgencia que permitió el acceso a los restos humanos de los últimos enterramientos del siglo XVIII efectuados en la iglesia. En ese momento, la colonización europea de América estaba en su auge y Santa Cruz de Tenerife era uno de los puertos más importantes en la relación entre las Islas Canarias y el continente americano. El análisis de la composición genética de esta población, así como su comparación con la población actual, ha sido fundamental para comprender la magnitud del impacto de las poblaciones europeas y africanas sobre el sustrato aborigen del Archipiélago. Además también desvelaron relaciones con América que no se habían detectado antes (Arnay de la Rosa, 2009a).

En el trabajo de Maca-Meyer et al. (2005) se estudiaron 208 dientes provenientes de 33 fosas de La Concepción y 5 dientes de la Ermita de San Blas, situada a 15 km de Santa Cruz, ambas con cronologías similares. Se analizó la secuencia de la HVRI del ADNmt y de determinados RFLPs. El 37% de las secuencias pertenecían al grupo H, el 1.56% eran de origen americano y el 15.63% pertenecían a haplogrupos africanos. El subgrupo U6a, de asignación norteafricana se encontró en una frecuencia del 1.56%, mientras que el U6b1a, el subgrupo específico canario, se halló en el 8.59% de los casos. A partir de estos datos se concluyó que la contribución por vía materna de la población canaria de aquel momento era un 50% norteafricana, 40% europea y un 10% subsahariana, lo que estaría a medio camino entre los resultados obtenidos para las poblaciones aborígenes y para la población canaria actual (Maca-Meyer et al., 2005). Con estos datos se realizó un

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

trabajo posterior para intentar establecer la procedencia geográfica de los individuos encontrados en la Iglesia de La Concepción pertenecientes a linajes subsaharianos, que se discutirá más adelante (Ordóñez et al., 2014).

En trabajos posteriores se ha profundizado en el conocimiento de cada una de las islas desde el punto de vista del ADNmt. Un ejemplo son los estudios realizados en restos aborígenes de La Palma y La Gomera. En el primer caso se analizaron 38 dientes provenientes de distintos yacimientos (Fregel et al., 2009c), obteniéndose secuencias informativas de 30 individuos (78,9%). El 93% de los linajes encontrados eran originarios del oeste de Eurasia y el 7% restante tenían una adscripción del África subsahariana. La gran mayoría de los haplotipos tenían sus correspondientes en el norte de África, con excepción del U6b1, como ya había ocurrido en el trabajo de Maca-Meyer et al. (2004a). El grupo H1 era el más abundante en La Palma, estando definido por la transición 16260, aunque ésta es bastante rara en el norte del continente africano. La gran diversidad genética hallada en La Palma (alrededor del 95%) está en unos niveles similares a los de la población aborigen de Tenerife, aunque la isla se encuentra más alejada del continente. Estos resultados apoyan los planteados por Maca-Meyer et al. (2004a) ya que irían en contra de una supuesta colonización desde el continente de isla en isla con un posterior aislamiento. Además, la enorme similitud entre la población aborigen de La Palma y de Tenerife también iría en contra de la idea de una colonización marítima independiente de cada una de las islas sin un contacto posterior entre ellas. Los resultados de este trabajo podrían encajar con un modelo de migración frecuente entre estas dos islas.

Una de las últimas investigaciones sobre el ADNmt es la realizada en La Gomera (Fregel et al., 2015). Este estudio se hizo sobre la población actual de los seis municipios de la isla y sobre restos

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

aborígenes. Se analizaron restos humanos procedentes de 10 yacimientos arqueológicos, de donde se obtuvieron 97 muestras individuales (de 101 dientes). Se demostró que la colonización prehispanica de La Gomera por poblaciones del norte de África implicó un importante efecto fundador con un posterior aislamiento. Esto se evidenció en la alta frecuencia del linaje canario U6b1a en la muestra aborígen (65%), siendo un valor incluso superior al presente en la población actual (44%). Estos resultados contrastaban con los obtenidos para Tenerife y La Palma, y los planteados en los primeros estudios del Archipiélago en su conjunto (Maca-Meyer et al., 2004a; Fregel et al., 2009c). La Gomera no encajaría en un modelo con más de una oleada y con una migración frecuente entre las islas. Tampoco se encuentran los haplogrupos relacionados con una segunda oleada, como el T2c1 y el U6c1, lo que indica que el aislamiento también tuvo un papel importante en la conformación de la población actual. Además, quizás debido a la propia orografía de la isla, se produjo una diferenciación intransular que se mantuvo incluso después de la colonización europea.

#### 1.6.2.2. Cromosoma Y

Además de los estudios del ADNmt, es importante analizar también los linajes paternos, para comprender de forma adecuada los distintos procesos de formación tanto de la población aborígen como de la actual desde el punto de vista genético. Gracias a los estudios del cromosoma Y se pudo conocer mejor cómo el proceso de colonización europea afectó específicamente a la ascendencia materna y paterna aborígen, desde el momento de la conquista hasta la actualidad.

En el trabajo de Fregel et al. (2009b) se analizaron 643 dientes correspondientes a 493 individuos distintos, pertenecientes a diferentes yacimientos de seis de las siete islas. Estos dientes provenían de Fuerteventura (13 dientes de 10 individuos), Gran Canaria (230 dientes de

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

115 individuos), Tenerife (45 dientes de 39 individuos), La Gomera (62 dientes de 52 individuos), El Hierro (44 dientes de 44 individuos) y La Palma (43 dientes de 38 individuos).

Se analizaron 16 marcadores bialélicos del cromosoma Y (M2, M9, M33, M34, M45, M60, M78, M81, M89, M96, M170, M172, M173, M201, M267 y M269), que caracterizan los linajes más prevalentes en el noroeste de África, en el África subsahariana y en Europa.

Algunas de las conclusiones fueron que la presencia de linajes autóctonos del norte de África, como sería el caso del E-M81, así como de algunos marcadores abundantes en esta región (E-M78 y J-M267) en las poblaciones aborígenes, lo que lo señala una vez más como el lugar de origen más probable de estas poblaciones. Cuando la muestra histórica del siglo XVIII se comparó con la población moderna, se evidenció una disminución de las frecuencias de los haplogrupos norteafricanos y un aumento de los europeos en este primer grupo. Estos resultados también serían coherentes con el planteamiento de una evolución sexual asimétrica en las poblaciones más recientes. Lo anterior sería el efecto de una discriminación negativa hacia los hombres aborígenes en el momento de la reproducción en favor de los hombres europeos (Fregel et al., 2009b).

### 1.6.2.3. Marcadores autosómicos

El estudio de la evolución temporal de un marcador autosómico como el locus AB0 permite tener una visión complementaria a la de los marcadores uniparentales sobre el efecto de la conquista en la población aborigen. Para ello se analizó el locus AB0 en muestras aborígenes y del siglo XVIII de las islas Canarias (Fregel et al. 2009a). Se analizaron 643 dientes pertenecientes a seis de las siete islas Canarias, con la misma proporción anteriormente citada para el Cromosoma Y. Para el genotipado

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



de los alelos AB0, se amplificaron dos fragmentos de 103/104 pb y 64 pb de los exones 6 y 7, respectivamente, para distinguir los alelos A101, B101, O01, O02 y O03.

Cuando se compararon las frecuencias del grupo AB0 de los aborígenes canarios con las poblaciones del norte de África, se vio que no existían diferencias significativas, lo que una vez más vendría a reafirmar el origen norteafricano de estas poblaciones. De la misma manera, no se aprecia una diferencia significativa con la población del siglo XVIII ni con la población actual de La Gomera, en la que hay una mayor aportación norteafricana en el locus AB0. Asimismo, la población aborígen es significativamente diferente de la de la Península Ibérica y del resto de poblaciones actuales de las Islas Canarias.

El origen norteafricano de las poblaciones aborígenes se refleja en la frecuencia más baja para el alelo A101, la más alta para el alelo B101 y valores similares para los alelos O01 y O02. Además, muestra una frecuencia relativamente alta para el alelo O03, que es más abundante en África que en la Península Ibérica (Fregel et al. 2009a).

En la población del siglo XVIII se encontró una posición intermedia entre las poblaciones aborígenes y la población actual, lo que sería coherente con el fuerte impacto colonizador europeo. Comparada con la población aborígen, la población del siglo XVIII posee una frecuencia dos veces mayor para el alelo A101 y frecuencias menores para los alelos B101 y O03. A pesar de ello, también se encuentran semejanzas con el norte de África al presentar una proporción 1:1 en la frecuencia de los alelos O01 y O02.

Al analizar la evolución temporal de los locus AB0 en Canarias, se observó que el impacto europeo, que ya es patente en las muestras del siglo XVIII, se ha incrementado desde entonces hasta la actualidad,

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

afectando a todas las islas con la importante excepción de La Gomera (Fregel et al. 2009a).

#### *1.6.2.4. Estudios interdisciplinarios de ADN en Canarias*

Como ya se mencionó, el avance de las técnicas en los estudios de ADN ha hecho posible su aplicación en investigaciones de carácter interdisciplinar, generalmente vinculadas con la arqueología y la bioantropología.

En Canarias uno de los primeros objetivos abordados fue la determinación del sexo por métodos genéticos, a partir del gen de la amelogenina. Al ser un gen que se encuentra en el ADN nuclear su estudio representa un reto técnico en comparación con los sustentados en la obtención del ADNmt. Por lo tanto las técnicas empleadas deben ser más refinadas para conseguir buenos resultados. Estos estudios abrieron una nueva línea de investigación en la que el ADN no sólo se utilizaba para establecer la composición genética de las poblaciones, sino también para resolver, como ya se dijo, problemas históricos relacionados con el papel de hombres y mujeres en las sociedades del pasado.

En cuanto a los estudios bioantropológicos, la aportación fundamental de la determinación del sexo por métodos genéticos ha sido, hasta el momento, la contribución a la creación de funciones discriminantes. Al determinar el sexo genético de los restos de una población en particular, se pueden establecer funciones matemáticas, con determinadas medidas de los huesos, que luego permiten inferir el sexo de otros restos de la misma población. En el caso de Canarias se han realizado investigaciones de este tipo utilizando mandíbulas de Gran Canaria (Arnay de la Rosa et al. 2007) y tibias de El Hierro (Ordóñez et al., 2013). La creación de unas funciones discriminantes fiables abre una enorme cantidad de posibilidades para el análisis de las poblaciones. A

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

partir de ellas se pueden ver variaciones inter e intra poblacionales, lo que permite establecer distintos grados de dimorfismo sexual y realizar estudios de paleodemografía más fiables. También hace posible profundizar en otras características relacionadas con el sexo, como es el caso de la robustez, que también ha sido estudiada en la población aborigen de El Hierro, apoyándose en la determinación genética del sexo (A. Trujillo-Mederos et al., 2013, González-Reimers et al., 2015c).

En esta línea de investigación también es de gran importancia la determinación del sexo en restos arqueológicos infantiles. Desde el punto de vista antropológico este tipo de restos ha planteado siempre muchos problemas a la hora de determinar el sexo de forma precisa. Por ello el ADN<sub>a</sub> se ha convertido en una herramienta muy eficaz. Por una parte, ayuda a estudiar la paleodemografía de las poblaciones infantiles, algo que desde la antropología es muy difícil. Por otro lado, también permite analizar los diferentes comportamientos sociales ligados a los niños y las niñas en el pasado.

En un trabajo realizado sobre restos aborígenes de Tenerife se propuso la utilización de las falanges infantiles para este tipo de análisis, obteniéndose muy buenos resultados. La elección de esta región anatómica se hizo teniendo en cuenta las características particulares de los restos infantiles, ya que las epífisis y las diáfisis de los huesos largos aún no están fusionadas y son más propensos a la contaminación (Ordóñez, et al., 2015).

La determinación genética del sexo también permite plantear estudios más fiables, desde una perspectiva de género, para dilucidar las diferencias y similitudes entre el papel de hombres y mujeres. Un buen ejemplo sería la investigación interdisciplinar realizada en restos aborígenes de La Gomera (Arnay de la Rosa et al., 2009). En ella se utilizó una combinación de métodos antropológicos, químicos y genéticos para

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

establecer los patrones dietéticos de la población encontrada en el Pescante de Vallehermoso. Los métodos químicos, basados en el análisis de los isótopos estables o de oligoelementos como el Sr y el Ba, sirvieron para determinar el tipo de dieta. La genética permitió establecer si había diferencias de dieta y nutrición entre los hombres y las mujeres. Se concluyó que no había diferencias de género en los patrones dietéticos ni en el estado nutricional.

Además de estos estudios interdisciplinares claramente ligados a la Antropología Física, estarían aquellos en los que se pretende dar respuesta a preguntas históricas dentro de contextos muy concretos. Un primer ejemplo, que se ha mencionado en apartados anteriores, es el realizado con los restos humanos procedentes de la Iglesia de la Concepción de Santa Cruz de Tenerife que pertenecían a linajes subsaharianos, (Ordóñez et al. 2014). Se planteó la búsqueda de las correspondencias entre estos linajes y su distribución actual en el continente africano para intentar determinar un origen más preciso. Algunos de los haplotipos observados son de amplia distribución en las poblaciones actuales del norte de África, Canarias y el África subsahariana. Como esos linajes ya habían sido detectados en la población aborigen, su presencia en la población del S.XVIII probablemente tenga un origen en aquéllas.

Sin embargo, la gran mayoría de linajes del macrohaplogrupo L tenían matches exactos con el África subsahariana. Estos podrían ser considerados como haplotipos ligados a la llegada de esclavos negros a Canarias. En algunos casos no es posible determinar su origen geográfico exacto, ya que se encuentran tanto en el este como en el oeste del África subsahariana. En otros, por el contrario, indican una clara procedencia occidental, ya que presentan matches únicos y exactos en Níger y Senegal, por ejemplo. Algunos haplotipos pueden relacionarse con otros linajes presentes en Angola y Mauritania, señalando de nuevo al oeste de

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

África como lugar de origen. Curiosamente algunos haplotipos presentes en La Concepción, que no se han detectado en África, se hallan presentes en poblaciones inmersas dentro de las redes de tráfico de esclavos del siglo XVIII. Por ejemplo, algunos de los linajes se han observado en afroamericanos en Azores y Sao Tomé y Príncipe (Ordóñez et al., 2014).

Un ejemplo reciente de la aplicación del ADN en estudios interdisciplinares es el llevado a cabo con los restos excavados en la Finca Clavijo, en la isla de Gran Canaria (Santana et al., 2016). Se analizaron 14 individuos, datados entre los siglos XV y XVII, procedentes de un cementerio adyacente a una antigua plantación de azúcar, con unas prácticas funerarias que se pueden relacionar con poblaciones esclavas. Se utilizaron diferentes métodos- ADN, isótopos estables y marcadores esqueléticos de actividad física- para intentar establecer el origen y el posible lugar de nacimiento de los individuos enterrados en este cementerio, así como su identidad cultural y status social. Las prácticas funerarias indicaron una serie de rituales que no se habían descrito antes en las Islas Canarias. Los datos genéticos mostraron que algunas de las personas enterradas en este cementerio tenían linajes norteafricanos o subsaharianos. Los resultados isotópicos sugirieron que algunos de los individuos nacieron fuera de Gran Canaria y los marcadores de actividad física mostraron un patrón de actividad que implicaba altos niveles de esfuerzo. Esta información, unida a los datos de las fuentes históricas, ha permitido a los autores plantear que el cementerio de Finca Clavijo fue utilizado por una población multiétnica marginal que probablemente estuvo esclavizada. Los resultados también indican que esta población siguió practicando rituales de enterramiento no católicos hasta bien entrado el siglo XVII.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

# El Contexto

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

## II. EL CONTEXTO

### II.1. La isla de El Hierro

La realidad geográfica de la Isla de El Hierro es fundamental para comprender la configuración de las sociedades que la han habitado. En el caso particular de los Bimbapes, hay dos factores que jugaron un importante papel. El primero sería el aislamiento y el segundo la oferta de recursos naturales.

El relativo aislamiento de los primeros pobladores de la isla puede explicarse por su escaso dominio de las técnicas de navegación, que se uniría a las particulares características geográficas de El Hierro. Según M. C. Jiménez Gómez (1993) podemos hablar de la conjunción de tres tipos de circunstancias: la primera relativa a su posición geográfica, al ser la isla más alejada de las costas africanas; la segunda en relación con su configuración costera y, la tercera, con el régimen de vientos.

El Hierro ocupa la posición más occidental del Archipiélago Canario y es la isla más distante del continente africano. La tierra más próxima se encuentran a 59,320 km, en el suroeste de la Gomera y a 84,552 km, en el sur de La Palma (Jiménez Gómez, 2003).

La configuración costera viene determinada por la relativa juventud de la isla. Esto implica la escasez de puertos naturales, la práctica ausencia de playas y el predominio de escarpes y acantilados que se combinan con una reducida plataforma litoral (Fernández-Pello Martín, 1989).

El régimen de vientos y las corrientes marinas resultan fundamentales para entender las posibilidades de llegada y salida de la isla. La llegada, a pesar de verse dificultada por la configuración costera, se vería favorecida por la corriente de Canarias, que viene del

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

desdoblamiento de la corriente del Golfo, al norte de las Azores, y va descendiendo por las costas africanas. Por lo tanto la situación de la isla en el extremo occidental del Archipiélago favorece la llegada a ella desde cualquier punto al noreste y noroeste. Otra situación muy distinta es la que se refiere a las posibilidades de salida de la isla. Desde las costas nororientales, la dificultad estriba en ir contra la corriente y con los vientos enfrentados. Desde la costa sur y suroeste, la dificultad viene dada por las calmas casi permanentes que reinan allí, debido a su situación al abrigo de los Alisios (Fernández-Pello Martín, 1989).

El segundo factor, los recursos naturales, resulta de gran importancia para entender cómo se fue configurando la sociedad bimbape desde su llegada a la isla. Estamos hablando de una isla que a pesar de ser la más pequeña del Archipiélago con 287 km<sup>2</sup>, es también la más abrupta, con unas pendientes que oscilan entre el 30 % y el 45%, y con alturas que llegan a los 1501 metros sobre el nivel del mar. La ya comentada juventud de la isla también influye en el escaso desarrollo de los suelos que son pedregosos y poco profundos motivando una ocupación y explotación económica diferencial de sus territorios, siendo las medianías y las zonas altas del interior las ámbitos más fértiles y adecuadas para la vida vegetal (Fernández-Pello Martín 1989).

En la isla también existe una gran variedad climática. Las mayores diferencias se encuentran entre el norte y el sur, así como entre la franja costera y las cotas más altas (por encima de los 700 metros). Esta variedad es en parte producida por el efecto de los Alisios. Estos llegan cargados de humedad y chocan con el accidentado relieve de la vertiente noreste dando lugar a una potente condensación que forma la lluvia horizontal. El efecto de este fenómeno se produce en todas las vertientes orientadas de este a oeste. Por el contrario, las zonas orientadas al abrigo de los vientos alisios tienen un clima cálido, con frecuentes vientos muy secos de origen africano (Fernández-Pello, Martín 1989).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	vACJKdfr	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



En lo que respecta al agua, El Hierro carece de cursos continuos de aguas superficiales, aunque existen otras maneras de abastecerse de agua. Entre ellas tenemos los manantiales que brotan en las cotas más altas; las ocasionales escorrentías de los barrancos, que forman pequeños charcos en las concavidades naturales que existen en sus cauces y el aprovechamiento de la ya mencionada “lluvia horizontal”. Este aprovechamiento se ve favorecido por el desarrollo del monte de Laurisilva, que facilita la condensación. La utilización de este recurso se evidencia en la existencia de depósitos de agua, a lo largo de la zona afectada por esta dinámica climatológica, que irían desde la apertura de pocetas bajo los árboles de mayor follaje hasta huecos elaborados en las ramas más gruesas de estos árboles (Guerra de Paz y Hernández Gutiérrez,2008).

Estas condiciones, sobre todo las relacionadas con el agua, hacen que cada uno de los distintos pisos de la orografía herreña fuera una despensa estacional especializada en una gama de productos alimenticios. Desde los recursos marinos de las costas, a los vegetales de las zonas más altas, que también permitían la alimentación de las especies domésticas, hasta los nichos de distintos animales salvajes potencialmente consumibles, como pájaros y lagartos. La oferta era variada pero exigía un gran conocimiento del medio para su adecuado aprovechamiento a lo largo del año. Este conocimiento se reflejaría en la organización espacial de los bimbapes, a lo largo de los distintos territorios, y temporal, según las estaciones.

## II.2. El poblamiento de la isla de El Hierro

El primer poblamiento con intención de colonizar las islas del Archipiélago Canario se produjo a mediados del primer milenio antes de la Era (Navarro Mederos,1997; Velasco et al., 2002). Estos primeros colonizadores procedían del Norte de África y estaban emparentados con

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

los antiguos beréberes (Maca-Meyer, 2002; Fregel 2010, Ordóñez et al., 2014). Se distribuyeron por el Archipiélago quizás en varios momentos. Después quedaron aislados del continente e iniciaron la colonización de cada una de las islas. La premeditación de esta colonización queda patente en el hecho de que se desplazan personas con los medios de producción suficientes para garantizar su supervivencia en un nuevo entorno geográfico. Esto requirió, sin lugar a dudas, de un periodo previo de exploración para valorar las posibilidades del nuevo territorio.

Las dataciones radiocarbónicas más antiguas sobre la presencia bimbape en la Isla de El Hierro se han obtenido a partir de distintos tipos de materiales recuperados en la necrópolis de La Lajura (El Pinar). Esta cueva fue utilizada como sepultura colectiva desde el 195+/-145 AD hasta el 1085+/-105 (Velasco et al, 2005). Según estos autores, el hecho de haber sacralizado este espacio, utilizando un complejo ritual basado en el fuego, para dar sepultura a los muertos, hace pensar que los aborígenes estaban ya plenamente establecidos territorialmente en el año 120 AD, por lo que su llegada a la Isla tuvo que ser anterior a esa fecha. Este dato también revela que el poblamiento de El Hierro se produjo en una época similar a la del resto del Archipiélago, en contradicción con las tesis que argumentaban que su población pudo arribar en fechas más tardías (Velasco Vázquez 2005). En la figura 1 se muestran las fechas obtenidas por el procedimiento del carbono 14 en distintos yacimientos de la isla de El Hierro, estudiadas y recopiladas por M. Cruz Jiménez Gómez.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

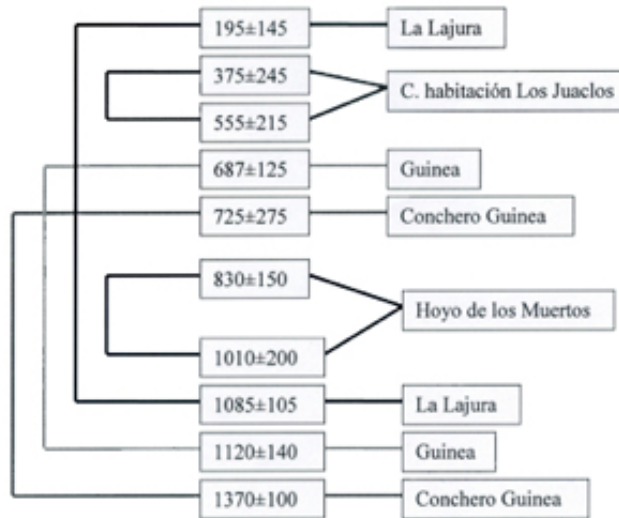


Figura 1. Fechas radiocarbónicas en la isla de El Hierro. Jiménez Gómez, M.C.

### II.3. Aislamiento y Paleodemografía

La realidad geográfica de El Hierro, descrita anteriormente, es fundamental para comprender la configuración de la sociedad Bimbape. Uno de los factores que jugó un importante papel en su desarrollo poblacional y social sería, como ya vimos, el aislamiento.

Si a las condiciones geográficas añadimos que no se han encontrado vestigios arqueológicos ni informaciones que revelen que antes de la llegada de los colonizadores europeos la población de El Hierro poseyera medios y conocimientos técnicos suficientes para controlar el medio marino, es posible plantear que el mar fue para los bimbapes un medio de vida y el límite de su universo (Jiménez Gómez 2003).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
968214	vACJKdfr	28/06/2017 11:23:41
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Este aislamiento se fraguó en la conciencia de la sociedad bimbape creando toda una mitología (Jiménez Gómez 2003). El texto del siglo XVI, que recoge la información que Gaspar Frutuoso obtuvo de María y Lucía Machín, hijas del navegante vizcaíno Juan Machín, es un buen ejemplo. Cuenta en su relato que, en 1447 estando de camino a las Indias *“llegó a la vista de la isla... y decidió reconocerla y entrarla, y estando en el puerto que vio apto para anclar saltó a tierra” con objeto de reconocerla y capturar esclavos. Sigue diciendo el relato de Machín que hallaron a Osinisa, rey de la isla, y a todos sus súbditos en torno a la celebración de un sacrificio, cosa que, dice, era común entre ellos para que: “Dios le mostrase (al rey) lo que había de ser de él y de su gente; y que éste había dicho a los suyos que unas gentes santas y buenas los habían de llevar de ahí a otras partes, donde habían de tener mayores y mejores cosas que las que allí poseían, y los tenía prevenidos para que, cuando estos santos y buenos hombres los viniesen a sacar de aquel cautiverio, los conocerían porque no les harían ningún mal y les darían buenas cosas, y que los que habían de liberarlos de aquel cercado de agua vendrían pacíficamente. Esto era entre ellos muy corrido y notorio y todos tenían la esperanza de ser pasados de allí a un lugar mejor; y así en nada se alteraron cuando Juan Machín apareció con los suyos”* (Frutuoso 1964).

Hay otras versiones de este mito como la de L. Torriani (1959), aunque ésta es menos extensa, o la de Abreu Galindo (1977) que coincide con la anterior, pero con mayor lujo de detalles. En cualquiera de los casos nos hallamos frente a una narración que, por su estructura, posee todos los ingredientes de un mito de retorno (Tejera y Montesdeoca, 2004). Contienen datos concretos que parecen estar señalando: el lugar de origen, desde dónde vinieron, y el modo en que llegaron a la isla sus primeros pobladores. A esto se añade una conciencia de abandono transmitida a lo largo de generaciones. En este tipo de mitos se materializa “la añoranza del paraíso perdido” al que no es

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

posible regresar por el impedimento infranqueable del mar (Jiménez Gómez, 2003).

El aislamiento, importante en la configuración de la sociedad herreña, se produjo desde el primer momento de su llegada a la isla, a tenor de las evidencias arqueológicas que poseemos actualmente. Sin embargo, tal como expresa T. Ruíz González (2008) *“Las prácticas sociales ingenradas para la obtención de los recursos naturales y los sistemas productivos implantados tuvieron tal éxito que garantizaron la reproducción social y económica de esta comunidad durante mas de mil años de historia en aislamiento”*.

Para entender la paleodemografía bimbape es imprescindible indagar en primer lugar sobre el contingente poblacional que podía sustentar la isla y, en segundo lugar, tener en cuenta su configuración geográfica y los recursos naturales disponibles para el desarrollo de esa población. Conocer el contingente de población que habitó la Isla en los años anteriores e inmediatos a su conquista es una tarea muy difícil. Los datos recogidos en las fuentes etnohistóricas son muchas veces contradictorios. En *Le Canarien* (crónica francesa de la conquista) se narra que después de pasar la armada Normanda por La Gomera se dirigieron a El Hierro: *“Allí llegaron de día y tomaron tierra y permanecieron allí largo tiempo, 22 días, y prendieron cuatro mujeres y un niño. Solía estar poblada por mucha gente, pero varias veces fueron presos y conducidos a cautiverio a países extraños, y hoy en día quedan pocas gentes y todavía el 1402 fueron presas, según dicen, cuatrocientas personas”* (Le Canarien, 2003).

Zurara, en 1453, indicó que en la isla sólo había 10 hombres (Zurara, 1998), número que a primera vista podría hacer pensar en una masiva reducción de la población, pero sus datos no concuerdan con los que un año después menciona A. Ca´Da Mosto (1998) *“...esta isla estaba*

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

*habitada y la mayoría de sus habitantes eran indígenas*". En 1592 J. Abreu Galindo (1977) señala *"serán los vecinos de ella como doscientos treinta y en ellos más de mil personas"*.

Estudios actuales sobre demografía antigua basados en la estimación según las cifras de guerreros proporcionadas por las crónicas, dan una población de 2.550, con una densidad de 9,5. El potencial demográfico aborígen mínimo y máximo calculado según la teoría de la capacidad de carga (c. 1400; habitantes con un consumo energético basado en la cebada en un 40%) da una estima de 2.346 habitantes, con una densidad de 8,7 (potencial mínimo) y de 4.392, con una densidad de 16,3 (potencial máximo) (Macías Hernández, 1988).

Estos datos respaldan la hipótesis planteada por T. Ruíz González (2008) de que las poblaciones Bimbapes lograron adaptarse de forma adecuada a la isla, permitiendo la existencia de un contingente poblacional considerable, que se vería afectado en los años más cercanos a la conquista por las incursiones en busca de esclavos.

#### II.4. La Sociedad de El Hierro

Uno de los elementos fundamentales en la configuración de la sociedad Bimbape es su relación con el territorio. Hay que tener en cuenta, en función de lo que ya se ha comentado sobre las condiciones geográficas, que el primer reto de los Bimbapes fue adaptarse al medio insular. Esto implicaba, entre otras cosas, la adecuación de los procesos de trabajo a las materias primas disponibles y el establecimiento de unas prácticas sociales encaminadas a la apropiación de los recursos naturales existentes. (Ruíz González 2008).

Pese a que las crónicas normandas de la conquista de la isla hacían mención expresa a la práctica agrícola *"... y tiene habas y trigo y*

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

*otros cereales en suficiencia; y sus cultivos los hacen cubrir por cerdos, atándoles la jeta, lo que al contarlos parece cosa chocante”* (Le Canarien, 2003), el resto de las fuentes etnohistóricas la desmienten haciendo especial hincapié en la utilización de la recolección vegetal, de los productos del mar y, sobre todo, de la ganadería (Jiménez Gómez, 1993).

Por esta razón se había planteado la ganadería como la base fundamental del modo de producción bimbape. Sin embargo, los datos suministrados por las últimas intervenciones arqueológicas en dos enclaves de naturaleza muy distinta, como son la necrópolis de La Lajura y la piroestructura de Hoya del Zarzal, apuntan a un sistema productivo más complejo que el defendido hasta el momento, basado casi en exclusividad en el aprovechamiento ganadero. El hallazgo de granos carbonizados, de cebada, datados en una amplia franja cronológica, que va desde el siglo II AD hasta el siglo XIV, nos obliga a plantear nuevas hipótesis para reinterpretar el territorio y por ende la organización social. La existencia de la agricultura haría necesario arbitrar toda una serie de mecanismos sociales de control, quizás más exigentes que los requeridos en una comunidad ganadera y recolectora. Por ejemplo, el ganado de suelta quedaría mediatizado por la existencia de campos de cultivo que tendrían que guarecerse (Ruíz González 2008). Los resultados arqueológicos, complementados por los antropológicos, han proporcionado también indicios de unas dietas ricas en elementos vegetales (Arnay de la Rosa, González Reimers et al. 2010).

Otro de los preceptos, planteado como característico de los bimbapes, es que se trataba de una sociedad igualitaria (Jiménez Gómez, 1993:106). Sin embargo, la interpretación del registro arqueológico y una lectura diferente de algunos textos ha hecho que se replantee la visión tradicionalmente aceptada de una sociedad no jerarquizada, igualitaria, donde se habían adoptado diversos mecanismos adaptativos conducentes a una “equitativa distribución de la riqueza” (Velasco et al,

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

2005). Entre esos textos que habría que leer de manera diferente estarían los siguientes: *“Todos eran iguales en casta y linaje si no era el rey”* *“Y a los demás según tenían más o menos ganado”* (Abreu, 1977). *“(…) entre ellos no hacían más diferencia que la de rico a pobre; el más rico de todos era el rey”* (Torriani, 1978:212)

Uno de los elementos que prueban la existencia de desigualdades está en la diferenciación de los enterramientos, relacionada según las fuentes con la mayor o menor posesión de cabezas de ganado (Velasco Vázquez et al., 2005). También sugieren desigualdad las diferencias encontradas en la alimentación de hombres y mujeres. Por ejemplo, en la necrópolis de La Lajura las mujeres presentaban un porcentaje de piezas cariadas (26,9%) que doblaba el valor observado en los hombres (12,14%), y que podía atribuirse a una mayor ingesta de carbohidratos y una menor proporción de proteína animal en la dieta de las mujeres. Estos resultados evidencian un acceso diferencial a determinados productos alimenticios según el sexo. Los estudios bioantropológicos desarrollados en muestras óseas de Punta Azul ratifican estos resultados y permiten plantear una posible generalización de estas conductas alimenticias. En efecto, los elementos traza, indicadores de consumo de vegetales, mostraban también diferencias estadísticamente significativas entre ambos sexos, siendo las mujeres las que mostraban los valores más elevados (Velasco-Vazquez et al.1997). Los posteriores estudios de isótopos estables también indicaron un mayor consumo de vegetales por parte de las mujeres (Arnay de la Rosa et al., 2010).

Algo similar sucede con los marcadores paleonutricionales valorados para este mismo grupo de Punta Azul. Las líneas de Harris se encontraron en una alta proporción en las mujeres, doblando prácticamente a las observadas en los hombres. De la misma manera, los análisis sobre la masa ósea y la prevalencia de osteopenia y osteoporosis apuntaron también a que había diferencias en el estado nutricional de los

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



individuos de Punta Azul en función del sexo (Velasco Vázquez et al. 1999). Cabe pensar, por tanto, en unas condiciones nutricionales y de salud más deficientes en las mujeres bimbapes (Arnay de la Rosa et al. 1994).

Los antiguos herreños se organizaban en distintos espacios domésticos, que conformaban las unidades sociales básicas. En ellos residían un número variable de personas que se relacionan entre sí por vínculos de parentesco (Velasco Vázquez, 2005). Según lo transmitido por Abreu Galindo (1977), se trataba de conjuntos de personas que socialmente compartían un mismo lugar de residencia y que se encontraban unidos entre si por lazos de parentesco.

Esto puede relacionarse con la existencia de familias extensas que tendrían su expresión en, por ejemplo, una residencia común, como menciona Abreu Galindo (1977): *“Su habitación era que hacían un circuito de pared de piedra seca, grande y redondo, al cual dejaban una sola entrada, por donde ser servían, y dentro de este cerco arrimaban a la pared palos a manera que quedaban anchos del suelo, como chozas, cubierto de helechos y ramas de árboles y dentro de este circuito habitaban veinte y más vecinos con sus hijos”*. Para Pérez Saavedra (1989) esto evidenciaría la existencia de familias extensas, ya que convivirían padres e hijos casados y, según él, probables matrimonios polígamos.

Estas relaciones familiares, que se evidencian en el territorio, no están limitadas a los espacios de habitación sino que incluiría también los lugares de enterramiento. Las necrópolis formaban parte del mismo espacio antropizado. Todo apunta a que, dentro de la sociedad Bimbape, hay una relación muy estrecha entre el mundo de los vivos y el de los muertos. Las cuevas sepulcrales eran utilizadas durante largos periodos de tiempo, con reordenaciones y nuevos depósitos de cadáveres, lo que

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

permite pensar en la intención de habilitarlas para la sucesiva recepción de muertos. Esto indica que se trata de lugares funerarios de carácter colectivo, que implican una concepción unitaria del enclave sepulcral. El carácter colectivo de estos espacios se ve reforzado además por la existencia de los mismos gestos funerarios a lo largo del tiempo, como veremos.

Esta concepción funeraria unitaria y persistente en el tiempo puede interpretarse como el reflejo de una comunidad cuyos integrantes están vinculados por algún nexo, a pesar de que entre tales individuos puedan existir diferencias socioeconómicas de mayor o menor magnitud, como se observó en La Lajura (Velasco et al., 2005). Se puede plantear, por tanto, la existencia de un vínculo dinámico entre los vivos y los muertos, en unas poblaciones para las que los fallecidos seguían siendo considerados como parte indisociable de la identidad grupal (Velasco Vázquez et al., 2005; Alberto y Velasco, 2007).

La prueba patente de ello sería la vinculación de áreas habitacionales y espacios funerarios. Este sería también el caso de la necrópolis de Punta Azul. En la zona más alta del abrupto acantilado, que sirve de unidad de acogida a este conjunto de cavidades sepulcrales, en la zona de más suave pendiente, se localizan evidencias claramente asociables al establecimiento allí de un lugar de hábitat estable. En este caso los restos materiales que atestiguan tal hecho no se limitan a un área de conchero sino que a éste se le suma la presencia de un juaoco de amplias dimensiones, en cuyo interior y exterior se localizan restos arqueológicos Bimbapes asociables a la actividad doméstica (Velasco Vázquez et al. 2005).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

#### II.4.1. Costumbres funerarias

El rigor metodológico aplicado a la reciente excavación en el yacimiento de La Lajura (Velasco Vázquez 2005), ha permitido una mejor interpretación de las costumbres funerarias de El Hierro. Muchos de los elementos identificados aquí, también parecen encontrarse en otros yacimientos sepulcrales, como la cueva de Punta Azul.

Uno de los primeros aspectos relacionado con las costumbres funerarias es el acondicionamiento del espacio elegido. Este acondicionamiento de carácter físico, pero también ritual y simbólico, se hace en un lugar concreto que servirá a lo largo de sucesivas generaciones como cementerio. El acondicionamiento contribuía a la definición del espacio funerario como tal. Esto quiere decir que no es la cueva el elemento que define el ámbito sepulcral sino el conjunto de prácticas sociales desarrolladas en este recinto las que otorgan una naturaleza especial al lugar escogido para el depósito de los difuntos.

Dentro del ritual previo de acondicionamiento del espacio se contempla también la presencia de restos de fauna. La representación diferencial de ciertas partes anatómicas ha permitido pensar en ofrendas alimenticias, conjuntamente con los restos de cebada y malacológicos. Se identificaron además distintos focos de combustión que parecen estar también relacionados con ofrendas de carácter ritual. Todo esto lleva a Velasco et al. (2005) a pensar en una intencionalidad en la adecuación, tanto conceptual como física, del espacio funerario para su uso como tal.

El uso del fuego como práctica ritual es otra de las constantes que presentan las sepulturas herreñas conocidas. Las intervenciones de urgencia que se realizaron en diferentes necrópolis colectivas, altamente alteradas por el expolio: Echedo en Valverde, Punta Azul y El Julan, en El Pinar, revelaron la presencia de un nivel afectado por la combustión que

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

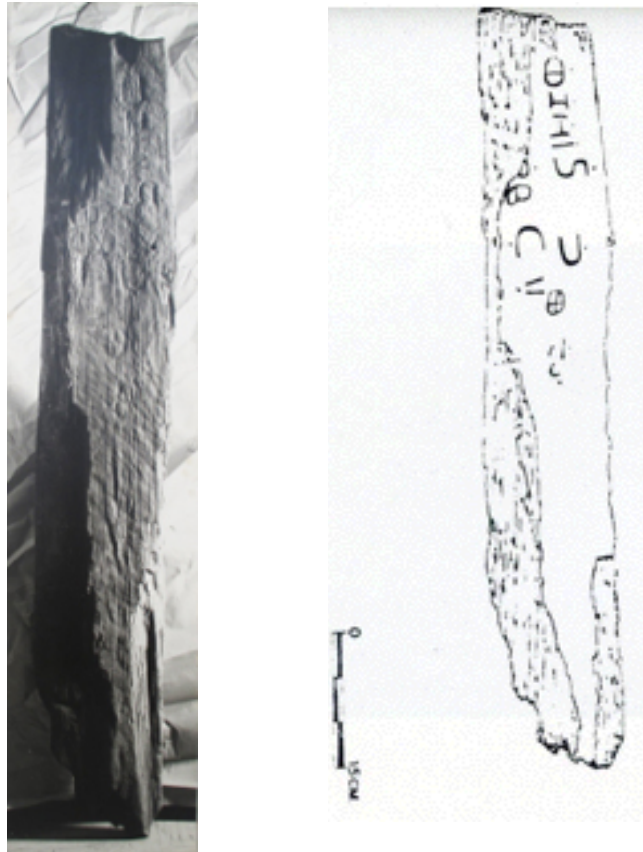
subyacía a los restos antropológicos que se esparcían sin orden por la superficie (Jiménez Gómez, 1991, Jiménez Gómez, 1993).

Todos los indicios parecen manifestar un uso continuado de las cuevas por diversas generaciones de un mismo grupo humano a través de siglos, evidenciando la reiteración de ciertos comportamientos sepulcrales. El dilatado periodo de tiempo que permaneció activo el espacio sepulcral de La Lajura, al menos entre el 120+/- 60 y el 1080+/- 50 AD, expone claramente la continuidad del uso de este emplazamiento sepulcral.

Otras necrópolis herreñas estudiadas en el pasado muestran comportamientos similares a los vistos en La Lajura. Entre ellos estaría, por ejemplo, el uso de tablonces de madera sobre los que se colocaban a ciertos difuntos, posiblemente de especial significado entre el grupo de pertenencia. Esto se ha visto en La Lajura y en la necrópolis de El Hoyo de los Muertos, otra sepultura cerca del yacimiento de Punta Azul (Diego y Galand, 1975). Uno de los tablonces es singular debido a que es la única pieza de carácter mueble que porta en una de sus caras una inscripción alfabética líbico beréber (Figura 2).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



**Figura 2. Tablón funerario de El Hoyo de los Muertos.**

Sus características son similares a las estelas funerarias conocidas en otras culturas africanas (Tejera Gaspar, 1993). Si diésemos como válidas las fechas absolutas publicadas sobre el Hoyo de los Muertos tendríamos que la necrópolis y su contenido arqueológico estuvo en uso desde el 830+/- 150 AD (con posibilidad de retrotraer esta fecha 150 años antes, es decir, al 750) y el 1010\*/- 150 AD, es decir desde el siglo IX hasta el siglo XI. En este periodo temporal estaría aún en uso la práctica de un tipo de escritura que algunos autores adscriben al denominado alfabeto canario occidental, cuyo desarrollo en la isla parece posterior al de la escritura

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

lítica, en los siglos III ó II a.C. (Belmonte et al. 1998; Springer, 2001; Hernández Pérez,1982; 2002). Con respecto al uso de tablones, las fuentes etnohistóricas recogen que *“la forma de entierros era, que si el difunto tenía mucho ganado, los metían con sus vestidos en cuevas, y lo arrimaban a un lado, a los pies de un tablón, y su bordón arrimado a un lado, y cerraban la cueva con piedras para que los cuervos no lo comiesen”* (Abreu Galindo, 1977).

Otra característica de los enclaves sepulcrales Bimbapes es la gran acumulación de individuos en el mismo espacio. El depósito de los muertos en un determinado lugar parece ser la condición que prevalece. No hay una disposición homogénea de los cuerpos, por lo que se ha planteado que la posición y la orientación no era fundamental en el rito funerario como para supeditarlo al soporte físico que los acoge y a la propia ordenación del enclave mortuario (Velasco Vázquez et al., 2005). Todo apunta a que los cuerpos se colocan en cualquier dirección con el fin de adecuarlos a un máximo aprovechamiento del limitado espacio sepulcral.

El uso colectivo de las cuevas funerarias a lo largo de un dilatado periodo de tiempo hace necesaria la readecuación del lugar para poder colocar nuevos individuos. Al parecer estas prácticas incluían momentos de incendio generalizado, lo que explicaría la presencia de restos quemados que no han sido sometidos a prácticas de cremación.

Por último, encontramos que hay algunos individuos con un tratamiento diferenciado, lo que podría entenderse como el reconocimiento social que el grupo hace sobre algunos de sus componentes. Pero este reconocimiento también sería un elemento indisociable de la colectividad, como un elemento consustancial a su ordenación y, por ello, básico para garantizar su reproducción (Velasco Vázquez et al., 2005).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

# Material y Métodos

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

### III. MATERIAL Y MÉTODOS

#### III.1. Punta Azul (La Restinga, Frontera)

El yacimiento de Punta azul es uno de los espacios sepulcrales aborígenes conocidos más importantes de la isla de El Hierro. Se encuentra situado en la costa de Taibique, en el término municipal de El Pinar, en el sureste de la isla, en la zona superior del acantilado que se extiende entre el escarpe sur del área de Las Playas y La Restinga, a una altitud aproximada de 375 metros sobre el nivel del mar (figura 3).

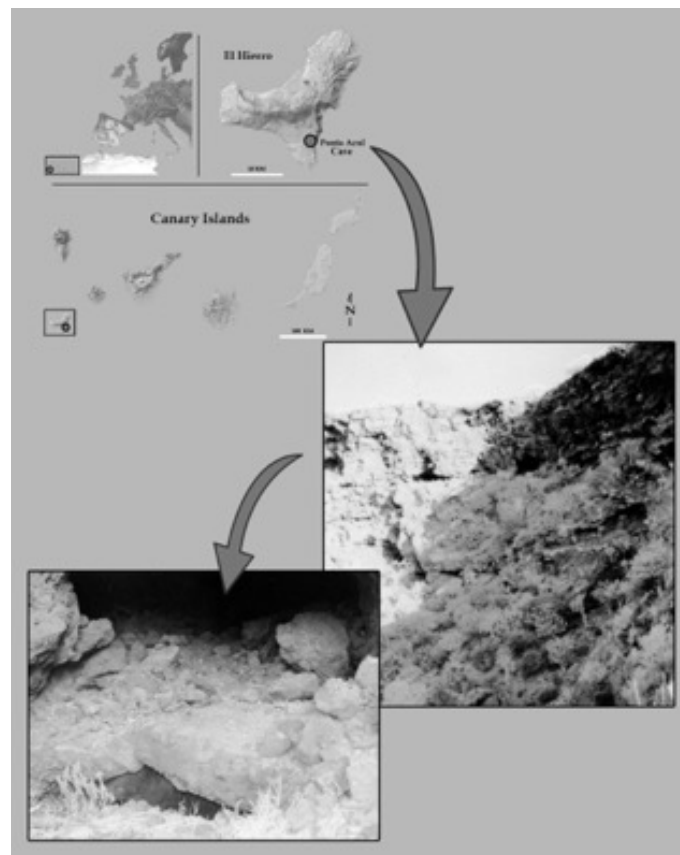


Figura 3. Localización yacimiento de Punta Azul.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



Los primeros trabajos arqueológicos se llevaron a cabo en los años cuarenta del siglo pasado poniendo ya de manifiesto su importancia como enclave sepulcral. La primera campaña arqueológica se llevó a cabo en 1946 bajo la dirección de J. Álvarez Delgado y L. Diego Cuscoy. Al año siguiente se publicó la obra titulada “Excavaciones arqueológicas en Tenerife (Canarias). Plan nacional 1944-1945. Informes y memorias” (1947). En este texto se recoge por primera vez la actual denominación del yacimiento, el plano de la cueva y la información sobre la intervención arqueológica. Durante estas excavaciones se localizaron seis esqueletos adultos en posición primaria. Sin embargo, no se realizó un levantamiento completo, sino que sólo se extrajeron los huesos que, según las perspectivas metodológicas de la época, resultaban más interesantes. Se guardaron 5 cráneos completos y 5 fragmentados, 18 mandíbulas y 10 fémures, así como varios fragmentos de huesos largos y varios huesos cortos. En cuanto al ajuar, se recogieron restos de piel agamuzada, proveniente de la mortaja de algunos individuos, un trozo de basalto y un cuerno de cabra (Álvarez Delgado, 1947).

Las excavaciones realizadas en los años 90 del siglo pasado fueron llevadas a cabo bajo la dirección de la Prof. M<sup>o</sup>.C. Jiménez Gómez. En la memoria de excavación se expone que el estado de conservación del yacimiento había empeorado considerablemente en comparación a lo registrado en la excavación de los años 40. El espacio funerario estaba alterado por numerosos huecos y zanjas que eran consecuencia de los expolios, de la continua utilización de la cueva como redil y de las labores arqueológicas previas. La ausencia de excavaciones sistemáticas y la imposibilidad de asociar los diferentes huesos a un individuo concreto, hicieron que se optara por la recogida del material humano por unidades anatómicas. En total se recogieron más de 4000 piezas, entre huesos, fragmentos y dientes.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

El material antropológico recuperado se depositó para su estudio en el Laboratorio del Departamento de Prehistoria, Arqueología, Antropología e Historia Antigua de la ULL. Aunque el yacimiento estaba alterado y los restos humanos aparecieron desarticulados y revueltos, su buen estado de conservación ha permitido comprobar que el espacio sepulcral pudo albergar restos de más de un centenar de sujetos, estimándose una cifra de al menos 100 individuos adultos y 17 inmaduros (Trujillo Mederos, información oral).

El espacio sepulcral se ubica a escasos metros de la zona superior del escarpe, en un tubo volcánico que ha sido cortado por la erosión del acantilado y que se orienta al Este. La cavidad utilizada tiene unos 15 metros de profundidad y una anchura que varía entre 2,5 y 4 metros. El final de la cavidad se encontraba obstruida como consecuencia del derrumbe del techo y las paredes (Figura 4).



Figura 4. Yacimiento de Punta Azul. Jiménez Gómez M. C.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Debido a las alteraciones que había sufrido antes de la excavación, el ritual funerario en la necrópolis de Punta Azul debe reconstruirse a partir de la comparación con otros yacimientos sepulcrales de características similares. Un yacimiento que nos puede servir de modelo por su buena conservación, su meticuloso proceso de excavación es La Lajura, explicado en detalle con anterioridad, y que nos ha permitido una mejor conocimiento de las costumbres funerarias de El Hierro, convirtiéndose en el mejor referente que tenemos en la actualidad (Velasco Vázquez et al., 2005)( Figura 5).



**Figura 5. Yacimiento de La Lajura. Velasco Vázquez et al. 2005.**

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

### III.2 El material

En el yacimiento de Punta Azul había un total de 169 fragmentos de tibias. Para este estudio se seleccionaron 61 tibias adultas, que eran las que estaban completas y bien conservadas. De las tibias escogidas 29 son derechas y 32 son izquierdas (Tabla 1).

Tabla 1. Tibias analizadas y su lateralidad			
Muestra	Lateralidad	Muestra	Lateralidad
PA-100	Derecha	PA-201	Izquierda
PA-102	Derecha	PA-202	Izquierda
PA-103	Derecha	PA-203	Izquierda
PA-108	Derecha	PA-204	Izquierda
PA-112	Derecha	PA-207	Izquierda
PA-118	Derecha	PA-208	Izquierda
PA-121	Derecha	PA-210	Izquierda
PA-122	Derecha	PA-212	Izquierda
PA-123	Derecha	PA-213	Izquierda
PA-125	Derecha	PA-216	Izquierda
PA-128	Derecha	PA-217	Izquierda
PA-129	Derecha	PA-222	Izquierda
PA-130	Derecha	PA-222.1	Derecha
PA-132	Derecha	PA-223	Izquierda
PA-137	Derecha	PA-225	Izquierda
PA-139	Derecha	PA-227	Izquierda
PA-140	Derecha	PA-229	Izquierda
PA-141	Derecha	PA-235	Izquierda
PA-164	Derecha	PA-236	Izquierda

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Tabla 1. Tibias analizadas y su lateralidad			
Muestra	Lateralidad	Muestra	Lateralidad
PA-171	Derecha	PA-237	Izquierda
PA-172	Derecha	PA-241	Izquierda
PA-173	Derecha	PA-249	Izquierda
PA-174	Derecha	PA-253	Izquierda
PA-176	Derecha	PA-257	Izquierda
PA-177	Derecha	PA-258	Izquierda
PA-182	Derecha	PA-262	Izquierda
PA-193	Izquierda	PA-265	Izquierda
PA-196	Izquierda	PA-268	Izquierda
PA-197	Izquierda	PA-3732	Derecha
PA-198	Izquierda	PA-3734	Derecha
PA-199	Izquierda		

Gracias a la buena conservación de las tibias fue posible realizar una serie de estudios antropológicos previos a esta tesis. Entre ellos ha sido fundamental para este trabajo la determinación del sexo por métodos genéticos en 54 individuos, identificando 36 hombres y 18 mujeres (Ordóñez et al., 2013).

La edad fue estimada siguiendo los criterios antropológicos habituales, que atienden al grado de osificación de las epífisis de los huesos largos (Ubelaker, 1989; Brothwell, 1993; Buikstra, 1994).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Se procedió a datar dos muestras de tibia por el procedimiento del C14, a fin de constatar el rango cronológico de los depósitos funerarios incluidos en este estudio (tabla 2)

TABLA 2. Análisis de fechas radiocarbónicas				
Muestra	Edad radiocarbónica medida	Ratio 13C/12C	Edad radiocarbónica convencional	Calibración 2 Sigma
PA-535	870 +/- 30 BP	-18.8 o/oo	970 +/- 30 BP	Cal AD 1015 to 1155 (Cal BP 935 to 795)
PA-3753	790 +/- 30 BP	-17.9 o/oo	910 +/- 30 BP	Cal AD 1030 to 1210 (Cal BP 920 to 740)

Estudios previos realizados con este mismo material, tanto de tipo paleopatológico (Mas Pascual et al., 2000, Arnay de la Rosa et al., 2010), como de paleodieta y paleonutrición (Arnay de la Rosa et al., 1994; Velasco Vázquez et al., 1997) han permitido comprobar el buen estado de conservación del material, tanto a nivel macroscópico como microscópico. En la tesis doctoral en curso “Estudio bioantropológico de la población bimbape de la isla de El Hierro: el caso de la cueva funeraria de la Punta Azul” (Trujillo-Mederos, A.) se aborda un análisis antropológico completo que incluye el estudio morfológico y morfométrico completo (estatura, índices de robustez, determinación de paleopatologías), corroborando el excepcional estado de conservación de este material óseo

### III.3 Selección y toma de muestras

Las tibias escogidas se encontraban íntegras y con un mínimo de fisuras o de alteraciones del tejido óseo cortical. La manipulación previa de las muestras arqueológicas se realizó utilizando guantes y bajo

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

estrictas condiciones de esterilidad, para evitar la contaminación con ADN moderno (Cooper y Poinar, 2000, Pääbo et al. 2004).

Para eliminar el posible ADN contaminante, las tibias fueron expuestas a luz ultravioleta durante 10 minutos. Luego se cubrió la totalidad del hueso con papel aluminio, dejando expuesta únicamente una pequeña superficie para la extracción de la muestra. La parte expuesta del hueso fue lijada mecánicamente para eliminar al menos 1mm de la superficie del hueso. La descontaminación inicial con HCl, normalmente utilizada en las muestras dentales, no fue aplicada en este caso, ya que al ser el hueso más poroso que el esmalte del diente, este paso podía tener un efecto negativo en la integridad del ADN endógeno.

A continuación se utilizó un taladro de dentista para obtener polvo de hueso de la parte cortical de los huesos largos, una vez retirada la parte más superficial de la misma.



**Figura 6. Tibia después del proceso de extracción del polvo de hueso**

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

### III.4 Extracción del ADN

El ADN fue extraído a partir del polvo de hueso utilizando el método PrepFiler™ BTA en un equipo AutoMate Express™ (Applied Biosystems). Se ha probado que la extracción PrepFiler™ BTA, basada en el uso de cuentas magnéticas cubiertas de sílica, es altamente eficiente para la recuperación de ADN degradado (Betancor et al. 2011). Además, la extracción automatizada de las muestras reduce el tiempo de manipulación y la exposición a ADN moderno contaminante. El ADN fue aislado a partir del polvo de hueso utilizando un protocolo basado en el tiocianato de guanidina y columnas de sílica (Maca Meyer et al., 2001; Maca Meyer et al., 2005; Casas et al. 2006). Todos los análisis se hicieron de acuerdo con los criterios de autenticidad requeridos para estudios de ADN<sub>a</sub> (ver detalles en capítulo I.1.2.4).

### III.5 Cuantificación en tiempo real

El primer análisis que se hizo de las muestras fue una cuantificación mediante qPCR con el objetivo de estimar el número de copias de ADN<sub>mt</sub> y de ADN nuclear presente en las muestras. A partir de los valores obtenidos para cada muestra, se estimó su estado de conservación y qué tipo de análisis era posible realizar. La cuantificación de ADN humano nuclear y mitocondrial se realizó con el sistema 7500 Real Time PCR de Applied Biosystems. La detección del ADN nuclear se basó en la amplificación independiente de unos pequeños fragmentos del cromosoma X e Y del locus de la amelogenina (71 pb), lo que además permite identificar el sexo genético de los individuos. La qPCR en multiplex también incluyó un control interno de PCR (IPC) para identificar problemas de inhibición (Fregel y Delgado, 2011). La cuantificación del ADN<sub>mt</sub> se llevó a cabo siguiendo los protocolos previamente publicados (Almeida et al. 2011; Fregel et al., 2011). Los análisis fueron optimizados

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. <i>Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a></i>		
Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



para la utilización del equipo de Applied Biosystems. La mezcla de PCR incluyó 10 µl de Taqman, Universal Master Mix, no UNG (Applied Biosystems), 1 µl de el set de primers, 0,5 µl de AmpliTaq Gold, 0,32 µl de BSA y 2 µl de muestra. Las condiciones de PCR fueron de 10 minutos a 95°C y 45 ciclos de 15 segundos a 95°C y 60 segundos a 60°C.

### III.6 Estudio del ADNmt

Para la secuenciación del fragmento de la HVRI (posiciones 16.000 - 16.400) del ADNmt de las muestras de la cueva de Punta Azul, se utilizaron las parejas de primers y las condiciones de PCR previamente publicadas (Maca-Meyer et al., 2004a), usando siete fragmentos solapantes con una longitud de entre 100 y 150 pares de bases. Los fragmentos de PCR fueron directamente secuenciados, utilizando tanto los primers “forward” como los “reverse” usados en las amplificaciones. Las reacciones de secuenciación se hicieron con el kit igDye v3.1 Terminator Cycle Sequencing de Applied Biosystems y se hicieron correr en un ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems) siguiendo las indicaciones del fabricante. Las secuencias de ADN se analizaron utilizando el BioEdit Software v.7.0.9.0 (Hall 1999), los haplotipos se obtuvieron por medio del software HaploSearch (Fregel y Delgado, 2011), y fueron luego confirmados por medio de la inspección manual de los electroferogramas. Los análisis de RFLP para la asignación de haplogrupos (H, H1, H3, U, JT y L1'2'5'6) se llevaron a cabo como en Fregel et al. (2009c). La nomenclatura de los haplogrupos se hizo siguiendo el árbol filogenético más actualizado (Build 16) (Van Oven y Kayser, 2009).

Diez muestras (PA-128, PA-141, PA-173, PA-174, PA-202, PA-203, PA-213, PA-229, PA-241, PA-244 and PA-268) fueron replicadas en la universidad del País Vasco (UPV/EHU) y secuenciadas para la HVRI

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

(posiciones 15.998 - 16.400) y la región hipervariable II (HVRII) (16.504-429).

### III.7. Tipaje del cromosoma Y

Para el análisis del cromosoma Y, se utilizó el protocolo propuesto por Fregel et al. (2009b). Se amplificaron dieciséis marcadores bialélicos en tres ensayos diferentes de multiplex-SNaPshot. Estos marcadores caracterizan los linajes prevalentes en el Noroeste de África, en el África sub-sahariana y en Europa (M2, M9, M33, M34, M45, M60, M78, M81, M89, M96, M170, M172, M173, M201, M267, M269). Los productos del SNaPshot se hicieron correr en un ABI PRISM 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) y los resultados fueron analizados utilizando el software GeneMapper 4.0 (Applied Biosystems).

### III.8. Tipaje del ADN nuclear autosómico.

Para el tipaje de los STRs se amplificó entre 0,5 y 1 mg de ADN utilizando el ampF $\ell$ STR $\text{\textcircled{R}}$  Minifiler $\text{\textsuperscript{TM}}$  PCR Amplification Kit (Applied Biosystems) en un termociclador GeneAmp 9700 (Applied Biosystems), siguiendo las recomendaciones del fabricante, pero añadiendo mayor cantidad de AmpliTaq Gold (2.5 U), de BSA (con una concentración final de 40 ng/ $\mu$ l) y un aumento de los ciclos de PCR (35 ciclos). Algunos de los extractos de ADN que no llegaban a la mínima cantidad de ADN recomendada para la amplificación (0,5 ng), fueron concentrados usando los filtros Amicon Ultra 0,5 ml 10K centrifugal filters (Milipore). También se incluyeron controles de concentración para detectar posibles problemas de contaminación durante este proceso. Con anterioridad a la electroforesis, los productos de PCR de las amplificaciones de ADN se precipitaron para mejorar la detección del producto amplificado, al eliminar los primers marcados con fluorescentes que sobraron en la reacción (Fregel et al, 2010; van Oorschot et al., 2011). Las amplificaciones

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

purificadas se sometieron a la electroforesis en un ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems) y los perfiles de STRs fueron analizados utilizando el GeneMapper® ID software v3.2.1 (Applied Biosystems). Los módulos de carrera, las condiciones y el análisis de los datos se realizaron conforme a las instrucciones del protocolo del MiniFiler™ PCR Kit, excepto para la amplificación del ADN que se hizo con una carrera con diez segundos adicionales de tiempo de inyección. Todo el resto del tipaje autosómico de STR se hizo de acuerdo con las recomendaciones de la ISFG (Bar et al., 1997).

### III.9. Criterios de autenticación

De acuerdo con las recomendaciones para el trabajo con ADN (Cooper y Poinar, 2000; Fulton, 2012), se tomaron medidas estrictas para evitar la contaminación. Todos los procesos de pre-PCR se realizaron en dos laboratorios independientes dedicados exclusivamente al ADN. En el primero se descontaminaron y pulverizaron las muestras. En el segundo laboratorio, se realizó la extracción de ADN y la amplificación por PCR. Finalmente, los análisis de post-PCR se realizaron en un laboratorio diferente y distante físicamente. Todo el personal involucrado en el trabajo con ADN utilizó monos de laboratorio, gorros y guantes durante todo el proceso. Todas las manipulaciones de las muestras fueron realizadas en una cabina de flujo laminar, con pipetas y puntas con filtro exclusivas. Todo el equipo y las áreas de trabajo fueron constantemente irradiadas con luz UV (Tamariz et al., 2006) y frecuentemente limpiados con lejía (Kemp y Smith, 2005). En la medida de lo posible se compraron reactivos y plásticos certificados como libres de ADN, en caso contrario se autoclavaron y se trataron con luz UV. Todos los materiales metálicos se esterilizaron en un horno a 200°C por al menos 4 horas.

Se hizo un control de extracción y tres controles de PCR por cada extracción para monitorizar la contaminación. Para facilitar la amplificación

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

del ADN<sub>a</sub>, los amplicones de ADN<sub>mt</sub> y del cromosoma Y fueron de pequeño tamaño, entre 150 y 100 pares de bases, respectivamente. Los STR autosómicos se amplificaron con el AmpF $\ell$ STR $\circledR$  Minifiler<sup>TM</sup> PCR Amplification Kit (Applied Biosystems), que está diseñado para el genotipado de muestras severamente degradadas (con amplicones entre 70 y 283 pares de bases). Para minimizar los problemas debidos al daño del ADN<sub>a</sub>, el número total de copias de ADN<sub>mt</sub> fue determinado en los extractos de ADN<sub>a</sub> por medio de la PCR a tiempo real, y entre 1000 y 3000 copias por muestra fueron sometidas a la PCR. Con el objetivo de evitar el fenómeno de allelic-dropout, la cantidad de ADN utilizada para la amplificación autosómica fue, en la medida de lo posible, la recomendada por el fabricante del AmpF $\ell$ STR $\circledR$  Minifiler<sup>TM</sup> ( $\approx$ 1 ng). En unos pocos casos, la cantidad de ADN era menor de la recomendada pero siempre fue superior a 200 pg, que es el límite para las PCR de bajo número de copias (Budowle et al. 2009). Para evitar los fenómenos de drop-in y/o drop-out durante el genotipado nuclear de las muestras, todos los perfiles de Minifiler fueron inspeccionados cuidadosamente, y se realizaron amplificaciones dobles o triples cuando los picos bajos resultaban dudosos.

Los haplotipos de ADN<sub>mt</sub> obtenidos de las muestras antiguas fueron comparados con el panel de haplotipos de todos los investigadores involucrados, para detectar la posible contaminación debida a la manipulación de las muestras. Además, los análisis de ADN<sub>mt</sub> de diez muestras fueron duplicados en un segundo laboratorio independiente (Departamento de Genética, Universidad del País Vasco).

### III.10. Análisis de datos

Con un objetivo comparativo se obtuvieron de la bibliografía los datos publicados para el ADN<sub>mt</sub> y el cromosoma Y de los aborígenes de

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

las Islas Canarias (Maca-Meyer et al. 2004 b; Fregel et al., 2009b, Fregel et al. 2009c, Fregel et al., 2015), así como los datos de STRs de la Península Ibérica (Camacho et al., 2007) y de los beréberes marroquíes (Gaibar et al., 2012). Los haplogrupos del mitocondrial así como los del cromosoma Y se clasificaron utilizando los árboles filogenéticos más actualizados (Karafet et al., 2008; Van Oven y Kayser, 2009) como se encuentran en <http://www.phylotree.org> (Build 16) y en <http://www.isogg.org> (ver. 9.71), respectivamente. El valor de  $F_{st}$  linearizado de Slatkin, la diversidad nucleotídica y la heterocigosidad esperada según el principio de Hardy-Weinberg, se calcularon utilizando el software Arlequín en su versión 3,5 (Excoffier y Lischer, 2010). Los gráficos de comparación de concentraciones del ADNmt y del nuclear, así como los valores de IPC fueron realizados usando el R software (R Development Core Team, 2008).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

# Resultados

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

#### IV. RESULTADOS

En la tabla 3 se muestran los resultados de la qPCR en multiplex, incluyendo los valores obtenidos para el ADNmt (en número de copias por microlitro) y para el ADN nuclear (en nanogramos por microlitro), así como el resultado para el control de amplificación o IPC (en números de ciclos). El primer valor muestra la concentración de ADNmt, el segundo y tercer campo describen la concentración del cromosoma X (AMGX) en dos análisis independientes, y el cuarto y quinto muestran la concentración del cromosoma Y (AMGY) también por duplicado. El AMGX y el AMGY nos permiten estimar la concentración de ADN nuclear, así como identificar el sexo molecular. En las últimas dos columnas, se muestran los valores de IPC, que se utilizan para detectar la presencia de inhibidores, y que se expresan en términos de Ct (*threshold cycle* en inglés), o ciclo de umbral, que es el número de ciclos necesarios para detectar la amplificación del IPC.

**Tabla 3. Cuantificación de ADNmt, nuclear y valores de IPC**

Identificación de la muestra	Concentración ADNmt (copias/ $\mu$ l)	Concentración AMG X (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGX _2 (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGY (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGY_2 (ng/ $\mu$ l)	IPC (Ct)	IPC_2 (Ct)
PA-100	2,02E+03	3,95E-02	4,82E-02	0,00E+00	0,00E+00	30,2	30,2
PA-102	4,73E+03	2,44E-01	2,35E-01	2,66E-01	2,33E-01	30,1	30,0

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 3. Cuantificación de ADNmt, nuclear y valores de IPC**

Identificación de la muestra	Concentración ADNmt (copias/ $\mu$ l)	Concentración AMG X (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGX <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	IPC (Ct)	IPC <sub>-2</sub> (Ct)
PA-103	2,79E+02	1,27E-02	2,65E-02	8,18E-04	0,00E+00	23,8	22,4
PA-108	9,07E+01	-	-	-	-	-	-
PA-112	5,08E+01	-	-	-	-	-	-
PA-118	3,27E+03	8,45E-02	7,71E-02	0,00E+00	0,00E+00	30,8	30,9
PA-121	1,56E+03	4,50E-03	0,00E+00	5,04E-03	1,35E-02	24,0	22,4
PA-122	4,94E+01	-	-	-	-	-	-
PA-123	5,48E+02	1,86E-03	4,34E-04	0,00E+00	0,00E+00	24,1	22,9
PA-125	2,30E+03	1,21E-01	8,38E-02	1,10E-01	1,17E-01	30,6	30,6
PA-128	3,65E+03	5,24E-02	5,35E-02	6,16E-02	7,48E-02	24,0	22,8
PA-129	1,93E+03	4,11E-02	7,81E-02	0,00E+00	0,00E+00	31,2	31,3
PA-130	7,14E+03	3,53E-02	4,03E-02	1,84E-01	2,66E-01	24,1	23,0

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



**Tabla 3. Cuantificación de ADNmt, nuclear y valores de IPC**

Identificación de la muestra	Concentración ADNmt (copias/ $\mu$ l)	Concentración AMG X (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGX <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	IPC (Ct)	IPC <sub>-2</sub> (Ct)
PA-132	1,41E+03	3,84E-02	3,36E-02	4,22E-02	4,55E-02	23,9	22,3
PA-137	1,25E+03	2,48E-02	2,57E-02	3,77E-02	2,61E-02	24,2	22,9
PA-139	5,68E+02	3,64E-02	2,63E-02	1,87E-02	1,66E-02	24,0	22,4
PA-140	1,51E+03	4,59E-03	1,21E-02	8,98E-03	0,00E+00	24,7	23,3
PA-141	1,98E+03	2,59E-02	2,87E-02	4,17E-02	4,05E-02	23,9	22,5
PA-164	9,08E+02	2,16E-03	1,44E-03	0,00E+00	2,19E-03	24,1	22,5
PA-171	1,58E+03	6,14E-02	3,61E-02	4,88E-02	2,03E-02	30,0	30,1
PA-172	6,63E+02	1,98E-02	1,91E-02	3,62E-02	3,75E-02	24,0	22,5
PA-173	2,23E+02	1,04E-02	1,69E-02	0,00E+00	0,00E+00	23,9	22,5
PA-174	2,69E+03	1,72E-02	1,64E-02	1,64E-02	1,40E-02	24,2	22,8
PA-176	4,56E+02	2,10E-02	2,29E-02	0,00E+00	0,00E+00	30,2	30,2

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 3. Cuantificación de ADNmt, nuclear y valores de IPC**

Identificación de la muestra	Concentración ADNmt (copias/ $\mu$ l)	Concentración AMG X (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGX <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	IPC (Ct)	IPC <sub>-2</sub> (Ct)
PA-177	5,39E+03	9,54E-02	1,01E-01	0,00E+00	0,00E+00	31,5	31,6
PA-182	1,83E+00	-	-	-	-	-	-
PA-193	1,61E+03	2,58E-02	3,37E-02	3,13E-02	3,17E-02	24,1	22,6
PA-196	2,77E+02	1,81E-02	1,60E-02	0,00E+00	0,00E+00	24,0	22,8
PA-197	5,76E+02	7,09E-03	1,72E-02	0,00E+00	0,00E+00	24,2	22,8
PA-198	1,70E+03	5,88E-02	4,12E-02	0,00E+00	0,00E+00	24,2	22,9
PA-199	6,36E+03	2,23E-01	1,46E-01	2,46E-01	2,13E-01	24,0	22,6
PA-201	1,10E+02	-	-	-	-	-	-
PA-202	3,07E+03	3,68E-03	1,71E-02	6,00E-02	4,16E-02	24,1	22,5
PA-203	1,40E+04	4,39E-02	3,93E-02	1,14E-01	1,41E-01	24,0	22,5
PA-204	1,07E+02	1,54E-02	9,20E-03	1,05E-01	2,80E-02	24,1	22,7

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 3. Cuantificación de ADNmt, nuclear y valores de IPC**

Identificación de la muestra	Concentración ADNmt (copias/ $\mu$ l)	Concentración AMG X (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGX -2 (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y -2 (ng/ $\mu$ l)	IPC (Ct)	IPC_2 (Ct)
PA-207	5,37E+03	5,42E-03	6,29E-03	1,05E-02	1,92E-02	24,3	22,8
PA-208	1,24E+03	3,91E-02	2,33E-02	3,75E-02	2,95E-02	24,3	22,9
PA-210	2,14E+03	4,47E-03	7,37E-03	0,00E+00	0,00E+00	24,5	23,1
PA-212	1,35E+03	8,80E-04	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	24,3	23,0
PA-213	2,92E+03	7,20E-03	8,13E-03	9,38E-03	1,10E-02	24,1	22,7
PA-216	8,42E+02	2,91E-02	2,01E-02	1,03E-01	1,23E-01	23,8	22,4
PA-217	1,50E+04	3,87E-01	3,30E-01	0,00E+00	0,00E+00	24,4	23,0
PA-222	5,86E+02	5,20E-02	3,13E-02	0,00E+00	0,00E+00	24,0	22,4
PA-222.1	2,77E+03	0,00E+00	8,68E-03	9,82E-03	7,30E-03	24,0	22,7
PA-223	3,66E+03	2,03E-02	1,81E-02	5,28E-02	2,85E-02	23,9	22,7
PA-225	2,44E+01	1,83E-03	1,55E-03	0,00E+00	2,03E-03	24,2	22,9

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 3. Cuantificación de ADNmt, nuclear y valores de IPC**

Identificación de la muestra	Concentración ADNmt (copias/ $\mu$ l)	Concentración AMG X (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMGX <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y (ng/ $\mu$ l)	Concentración AMG Y <sub>-2</sub> (ng/ $\mu$ l)	IPC (Ct)	IPC <sub>-2</sub> (Ct)
PA-227	1,86E+03	1,73E-02	8,26E-03	0,00E+00	0,00E+00	24,2	22,8
PA-229	8,26E+03	8,62E-03	4,38E-03	0,00E+00	0,00E+00	24,1	24,2
PA-235	6,66E+02	1,20E-02	2,15E-02	1,50E-02	3,22E-02	24,0	22,4
PA-236	1,85E+03	7,14E-03	4,03E-03	0,00E+00	0,00E+00	25,3	23,8
PA-237	1,20E+04	2,40E-02	2,80E-02	8,42E-02	5,57E-02	26,1	24,4
PA-241	1,88E+03	1,55E-02	7,95E-03	2,37E-02	2,65E-03	24,1	22,7
PA-249	5,09E+02	5,21E-02	4,46E-02	1,35E-01	1,14E-01	24,2	22,9
PA-253	5,77E+03	1,04E-01	5,75E-02	7,89E-02	8,79E-02	24,1	22,8
PA-257	9,03E+00	-	-	-	-	-	-
PA-258	3,77E+03	3,89E-02	2,83E-02	9,69E-02	1,35E-01	24,2	23,0
PA-262	4,78E+02	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	25,2	24,2

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 3. Cuantificación de ADNmt, nuclear y valores de IPC**

Identificación de la muestra	Concentración ADNmt (copias/μl)	Concentración AMG X (ng/μl)	Concentración AMG X <sub>-2</sub> (ng/μl)	Concentración AMG Y (ng/μl)	Concentración AMG Y <sub>-2</sub> (ng/μl)	IPC (Ct)	IPC <sub>-2</sub> (Ct)
PA-265	3,04E+03	1,76E-03	1,88E-03	1,40E-03	2,47E-03	24,3	23,0
PA-268	2,17E+02	1,29E-03	0,00E+00	2,24E-03	0,00E+00	24,9	23,8
PA-3732	9,75E+03	4,75E-02	4,89E-02	0,00E+00	0,00E+00	30,0	30,0
PA-3734	3,58E+03	8,63E-03	4,78E-03	2,49E-02	2,11E-02	24,0	22,5

Los resultados de la qPCR indican que las muestras de la Cueva de Punta Azul tienen un contenido medio de ~3000 copias/μl (3015,0 ± 459,8 copias/μl) de ADNmt. Para el ADN nuclear la media fue de 47 pg/μl (47,3 ± 8,8 pg/μl). El valor medio de IPC es de 24,7 (24,7 ± 0,4). Según la cuantificación del ADNmt y del nuclear, así como los valores de IPC, seis muestras (9,8%) fueron descartados de los análisis subsiguientes, debido a la excesiva degradación del ADN.

Por ello sólo se analizó el sexo en 55 individuos, como se muestra en la tabla 4. Si se detectó sólo el cromosoma X se clasifica como mujer, si también se detectó el Y se clasifica como hombre.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 4. Sexo genético de las muestras**

Identificación de la muestra	Sexo	Identificación de la muestra	Sexo
PA-100	Mujer	PA-203	Hombre
PA-102	Hombre	PA-204	Hombre
PA-103	Hombre	PA-207	Hombre
PA-118	Mujer	PA-208	Hombre
PA-121	Hombre	PA-210	Mujer
PA-123	Mujer	PA-212	Mujer
PA-125	Hombre	PA-213	Hombre
PA-128	Hombre	PA-216	Hombre
PA-129	Mujer	PA-217	Mujer
PA-130	Hombre	PA-222	Mujer
PA-132	Hombre	PA-222.1	Hombre
PA-137	Hombre	PA-223	Hombre
PA-139	Hombre	PA-225	Hombre
PA-140	Hombre	PA-227	Mujer
PA-141	Hombre	PA-229	Mujer
PA-164	Hombre	PA-235	Hombre
PA-171	Hombre	PA-236	Mujer
PA-172	Hombre	PA-237	Hombre
PA-173	Mujer	PA-241	Hombre
PA-174	Hombre	PA-249	Hombre
PA-176	Mujer	PA-253	Hombre
PA-177	Mujer	PA-258	Hombre

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

<b>Tabla 4. Sexo genético de las muestras</b>			
<b>Identificación de la muestra</b>	<b>Sexo</b>	<b>Identificación de la muestra</b>	<b>Sexo</b>
PA-193	Hombre	PA-262	No amplificado
PA-196	Mujer	PA-265	Hombre
PA-197	Mujer	PA-268	Hombre
PA-198	Mujer	PA-3732	Mujer
PA-199	Hombre	PA-3734	Hombre
PA-202	Hombre		

Para las 55 muestras incluidas en el estudio de la amelogenina en tiempo real, no se pudieron obtener resultados en una muestra, teniendo por tanto un ratio de éxito general de un 88,5% para el sexaje molecular. Se identificaron 36 muestras como hombres (66,7%) y 18 como mujeres (33,3%).

Para el ADNmt se obtuvo un ratio de éxito de amplificación de 90,16% (55 muestras)(tabla 3). Sin embargo, la amplificación y secuenciación de la HVRI fue posible solamente en 54 muestras. Para la muestra PA-262 no pudo determinarse su haplotipo ni su sexo genético, como consecuencia de la poca cantidad de ADN endógeno presente.

La tabla 5 presenta los resultados del ADNmt, incluyendo el haplotipo (posiciones 16056 - 16400), el RFLP analizado y el haplogrupo al que pertenece cada muestra. Como se observa claramente en la tabla, la composición del ADNmt en las muestras de Punta Azul se caracteriza por la completa fijación del linaje H1-16260.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 5. Haplogrupos del ADNmt**

Identificación de la muestra	Haplotipo mtDNA (16056 - 16400)	RFLP	Haplogrupo
PA-100	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-102	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-103	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-118	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-121	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-123	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-125	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-128	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-129	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-130	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-132	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-137	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-139	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-140	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-141	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-164	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-171	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-172	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-173	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-174	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-176	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-177	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
 Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



Tabla 5. Haplogrupos del ADNmt

Identificación de la muestra	Haplotipo mtDNA (16056 - 16400)	RFLP	Haplogrupo
PA-193	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-196	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-197	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-198	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-199	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-202	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-203	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-204	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-207	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-208	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-210	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-212	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-213	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-216	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-217	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-222	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-222.1	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-223	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-225	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-227	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-229	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-235	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
 Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 5. Haplogrupos del ADNmt**

Identificación de la muestra	Haplotipo mtDNA (16056 - 16400)	RFLP	Haplogrupo
PA-236	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-237	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-241	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-249	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-253	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-258	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-265	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-268	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-3732	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1
PA-3734	16260T	3010 Tsp509I(+)	H1

Para el cromosoma Y se obtuvo un ratio de éxito del 24,6% (15 muestras). Los resultados del cromosoma Y indican la presencia de tres haplogrupos diferentes en la cueva de Punta Azul: E-M81, R-M269 y E-M33 (Tabla 6).

Además, en la tabla 6 se hace una comparación entre los datos del cromosoma Y en Punta Azul y aquellos previamente publicados, procedentes de una muestra compuesta por aborígenes de diferentes yacimientos del archipiélago (Fregel et al., 2009b). En esta tabla se incluyen los haplogrupos, sus respectivos marcadores y el número de individuos, primero en El Hierro y luego en el conjunto del Archipiélago, así como el cálculo de diversidad genética para ambas poblaciones. Se

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

observa que los resultados obtenidos en Punta Azul concuerdan con los linajes obtenidos en el resto del archipiélago.

**Tabla 6. Haplogrupos del cromosoma Y observados en la población aborigen de El Hierro, y en datos anteriormente publicados sobre la población aborigen del Archipiélago (Fregel et al. 2009b).**

Haplogupo	Marcador	El Hierro	Canary Islands
E1a	M33	1	1
E1b1b1a1	M78	0	7
E1b1b1b1a	M81	7	8
I*	M170	0	2
J1	M267	0	5
K*	M9	0	3
P*	M45	0	1
R1b1a2	M269	7	3
<b>n</b>		<b>15</b>	<b>30</b>
<b>Diversidad Genética</b>		<b>65.00% ± 7.46%</b>	<b>84.14% ± 3.18%</b>

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Para confirmar que los resultados de la Cueva de Punta Azul, en especial los del ADNmt, no son el resultado de una contaminación moderna, se hizo una replicación de los resultados del ADNmt en la Universidad del País Vasco (n=10).

En la tabla 7 se observan los resultados de la replicación, indicando las muestras analizadas, el haplotipo (16056 - 16400), los RFLPs analizados y el haplogrupo asignado.

<b>Tabla 7. Resultados de la replicación, incluyendo el haplotipo de la HVRI y los SNPs</b>			
	<b>Haplotipo HVRI (16000-16350)</b>	<b>RFLPs typed</b>	<b>HG</b>
PA-12 8	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1
PA-14 1	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1
PA-17 3	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1
PA-17 4	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1
PA-20 2	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1
PA-20 3	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1
PA-21 3	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 7. Resultados de la replicación, incluyendo el haplotipo de la HVRI y los SNPs**

	Haplotipo HVRI (16000-16350)	RFLPs typed	HG
PA-22 9	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025; Tsp809I 3010;	H1
PA-24 1	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025;	H
PA-26 8*	16260T	Msel14766;-Ddel10394; AluI7025;	H

\*Sólo se pudieron amplificar 200 pb que incluyeron la posición 16260

Estos resultados confirman la fijación del haplotipo 16260 en la Cueva de Punta Azul. Para todas las muestras se confirmó la clasificación del ADNmt en el haplogrupo H1, con excepción de la PA-241 y la PA-268, que no pudieron ser amplificadas.

Con la intención de confirmar la autenticidad de nuestros resultados, se analizaron STRs nucleares para determinar si los perfiles obtenidos pertenecían a individuos diferentes, o si al contrario procedían de una misma fuente de contaminación. Sólo las muestras mejor conservadas fueron utilizadas para el análisis de STR, siguiendo las recomendaciones del fabricante para el kit de Minifiler. Finalmente se obtuvieron perfiles de STR para 28 muestras (45,9%) correspondientes con 21 hombres y 7 mujeres. En la tabla 8 se presentan los resultados de las muestras analizadas, incluyendo los distintos loci que se analizaron y los alelos que presenta cada muestra para esos loci.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 8. Perfiles de Minifiler para las muestras de Punta Azul.**  
Los signos de interrogación indican loci en los que el fenómeno de allelic-dropout no pudo ser descartado.

	A M E L	D2S 133 8	D7S 820	D13 S31 7	D16 S53 9	D18 S51	D21 S11	CSF1 PO	FGA
PA-100	X	17	10	11	9	16	29	11	21
	X	17	13	11	12	16	30	12	26
PA-102	X	17	8	12	11	13	31	11	25
	Y	18	12	13	11	14	31	12	25
PA-118	X	17	10	8	12	14	33.2	10	21
	X	17	13	13	12	18	?	12	24
PA-125	X	23	9	11	9	14	27	12	22
	Y	23	13	11	12	16	28	12	23
PA-128	X	17	10	8	13	12	29	10	25
	Y	23	13	11	13	16	31.2	12	26

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 8. Perfiles de Minifiler para las muestras de Punta Azul.**  
 Los signos de interrogación indican loci en los que el fenómeno de allelic-dropout no pudo ser descartado.

	A M E L	D2S 133 8	D7S 820	D13 S31 7	D16 S53 9	D18 S51	D21 S11	CSF1 PO	FGA
PA-129	X	18	10	11	9	14	28	10	22
	Y	18	14	12	13	14	31	11	25
PA-130	X	17	10	11	13	12	28	11	24
	Y	23	13	13	13	14	28	12	25
PA-132	X	17	9	11	11	13	28	10	25
	Y	18	12	11	13	14	29	12	25
PA-137	X	17	11	11	11	14	29	12	22
	Y	17	13	12	12	16	30	12	24
PA-139	X	17	11	11	10	13	29	12	24
	Y	17	13	11	11	14	30	12	25

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
 Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 8. Perfiles de Minifiler para las muestras de Punta Azul.**  
Los signos de interrogación indican loci en los que el fenómeno de allelic-dropout no pudo ser descartado.

	A M E L	D2S 133 8	D7S 820	D13 S31 7	D16 S53 9	D18 S51	D21 S11	CSF1 PO	FGA
PA-141	X	17	13	12	11	12	29	12	21
	Y	18	13	12	12	14	31	12	25
PA-171	X	18	13	11	11	12	28	10	23
	Y	23	13	12	13	13	29	12	25
PA-172	X	17	11	11	11	14	27	12	21
	Y	17	14	12	12	16	29	12	22
PA-177	X	17	8	8	13	14	30	10	23
	X	24	11	11	13	16	33.2	11	24
PA-193	X	17	11	11	10	13	29	12	24
	Y	17	13	11	11	14	30	12	25

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



**Tabla 8. Perfiles de Minifiler para las muestras de Punta Azul.**  
Los signos de interrogación indican loci en los que el fenómeno de allelic-dropout no pudo ser descartado.

	A M E L	D2S 133 8	D7S 820	D13 S31 7	D16 S53 9	D18 S51	D21 S11	CSF1 PO	FGA
PA-198	X	17	10	11	9	13	31	11	23
	X	18	11	13	13	15	?	11	25
PA-199	X	17	12	11	11	14	31	12	24
	Y	18	13	12	13	16	31	12	25
PA-203	X	17	10	11	13	12	28	11	24
	Y	23	13	13	13	14	28	12	25
PA-208	X	17	13	12	11	12	29	12	21
	Y	18	13	12	12	14	31	12	25
PA-216	X	17	10	8	13	12	29	10	25
	Y	23	13	11	13	16	31.2	12	26

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 8. Perfiles de Minifiler para las muestras de Punta Azul.**  
 Los signos de interrogación indican loci en los que el fenómeno de allelic-dropout no pudo ser descartado.

	A M E L	D2S 133 8	D7S 820	D13 S31 7	D16 S53 9	D18 S51	D21 S11	CSF1 PO	FGA
PA-217	X	17	13	11	11	14	28	11	22
	X	17	14	12	13	18	30	12	25
PA-222	X	18	8	11	11	14	31	11	24
	X	20	13	13	13	21	31.2	12	25
PA-228	X	17	11	11	8	14	28	12	21
	Y	17	13	11	8	18	29	12	24
PA-237	X	17	8	10	13	12	31	10	25
	Y	17	10	11	14	16	31	11	25
PA-249	X	17	11	11	9	12	31	10	22
	Y	23	13	13	13	14	31	11	25

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
 Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 8. Perfiles de Minifiler para las muestras de Punta Azul.**  
Los signos de interrogación indican loci en los que el fenómeno de allelic-dropout no pudo ser descartado.

	A M E L	D2S 133 8	D7S 820	D13 S31 7	D16 S53 9	D18 S51	D21 S11	CSF1 PO	FGA
PA-253	X	17	8	12	11	14	31	11	25
	Y	18	12	13	11	14	31	12	25
PA-258	X	17	12	11	12	14	31	11	20
	Y	17	13	12	12	20	33.2	11	25
PA-373 2	X	17	10	11	11	12	28	11	24
	X	23	14	11	13	13	31.2	12	26

Todos los perfiles obtenidos son distintos, confirmando que proceden de individuos diferentes. Además el ADN amplificado se comportó como corresponde al ADN en lo que respecta al fenómeno de allelic dropout y a la disminución de la señal en relación con los fragmentos más grandes. Además, los resultados de la amelogenina fueron consistentes entre los de la PCR a tiempo real y los análisis del Minifiler.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

La tabla 9 presenta la comparación entre la heterocigosidad observada y la esperada para cada uno de los locus analizados con el Minifiler.

<b>Tabla 9. Heterocigosidad observada y esperada para los datos autosómicos de Punta Azul.</b>		
<b>Locus</b>	<b>Heterocigosidad observada</b>	<b>Heterocigosidad esperada</b>
D13S317	0,679	0,645
D7S820	0,893	0,785
D2S1338	0,571	0,577
D21S11	0,731	0,814
D16S539	0,643	0,762
D18S51	0,893	0,762
CSF1PO	0,607	0,597
FGA	0,857	0,758
<b>Total</b>	<b>0,734</b>	<b>0,712</b>

Los resultados de la tabla 9 permiten observar si la población se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg. En este caso vemos que la heterocigosidad observada (73,4%) no es significativamente diferente de la heterocigosidad esperada (71,2%,  $p=0,91$ ). Si nos centramos en la

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

heterocigosidad de locus individuales, sólo el locus D16S539 alcanza significación ( $p=0,013$ ), y el D21S11 está cerca de ella ( $p=0,088$ ). El resultado obtenido para el D21S11 puede ser explicado por el hecho de que en dos muestras fuimos incapaces de determinar si estaban afectadas por *allelic-dropout*. En el caso del D16S539, también puede haber una relación con el fenómeno de *allelic-dropout* debido una menor eficiencia la amplificación para este marcador. Sin embargo, en general, las frecuencias genotípicas están de acuerdo con el equilibrio Hardy-Weinberg.

Los p values asociados a los cálculos del  $F_{ST}$  para los datos de los STRs de la Cueva de Punta Azul ( $n=28$ ), las poblaciones modernas del Norte de África ( $n=75$ ) y de la Península Ibérica ( $n=335$ ) (tabla 10), indican que la población aborígen no es significativamente diferente de beréberes marroquíes ( $p=0,676$ ), pero lo son de la Península Ibérica ( $p=0,036$ ). Finalmente, la diversidad autosómica de la Cueva de Punta Azul ( $66,40 \pm 7,60$ ) es inferior a la de la Península Ibérica ( $78,65 \pm 1,10$ ), pero similar a la de los beréberes marroquíes ( $68,42 \pm 3,91$ ).

**Tabla 10. Valores de  $F_{ST}$  de Slatkin linealizados (debajo de la diagonal) y sus correspondientes P-values (por encima de la diagonal), calculado a partir de las frecuencias de STRs autosómicos.**

	Punta Azul	Península Ibérica	Beréberes Marroquíes
Punta Azul	-	0,0360 ± 0,0201	0,6757 ± 0,0595
Península Ibérica	0,0307	-	0,0180 ± 0,0121
Beréberes Marroquíes	0,0000	0,0198	-

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Por último la tabla número 11 muestra los haplotipos de los investigadores en contacto con las muestras, donde se observa que ninguno de los investigadores involucrados en los análisis antropológicos o genéticos presentaron el haplotipo H1-16260. Sólo se hizo el ADNmt porque los tres investigadores son mujeres.

<b>Tabla 11. Panel de investigadores involucrados en el análisis</b>			
<b>Investigador</b>	<b>Haplogrupo</b>	<b>Haplotipo</b>	<b>Tareas asignadas</b>
A. C.	H	CRS	Antropóloga/genetista
M. A. R.	K	093 189 224 311	Antropóloga
R. F.	L3	223 278 311 362	Genetista

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

# Discusión

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

## V. DISCUSIÓN

### V.1. Autenticidad de los resultados

Como se puede observar en los resultados, los restos antropológicos de la Cueva de Punta Azul se encontraban en un excelente estado de conservación. Las condiciones del depósito sepulcral favorecieron que los procesos tafonómicos no tuvieran un impacto profundo sobre las moléculas de ADN. En el material antropológico de Punta Azul analizado, los factores tafonómicos y diagenéticos están prácticamente ausentes. No se documentó ningún tipo de afectación por concreciones calcáreas o causas químicas, ni se registraron alteraciones producidas por los agentes orgánicos más comunes, como las raíces u hongos, algo que está en relación con las características físicas de la propia cavidad sepulcral y la costumbre de depositar los muertos en superficie, sin inhumarlos (Trujillo Mederos, 2010:105). Este buen estado de conservación ya se había confirmado en análisis químicos anteriores, como los de oligoelementos e isótopos estables, e incluso en estudios genéticos previos (Velasco Vázquez et al., 1997; Arnay de la Rosa, et al., 2010; Ordóñez et al., 2013) . Esto también se evidencia en el ADNmt que muestra un contenido medio de ~3000 copias/ $\mu$ l y con una ratio de éxito del 90,16%. De manera congruente con estos resultados también se pudo obtener ADN nuclear con unas concentraciones bastante altas, con una media de 47 pg/ $\mu$ l y una ratio de éxito de un 88,5 %. Estos resultados no son comunes en los estudios de ADN ya que la degradación hace que, sobre todo el ADN nuclear, no se encuentre en cantidades suficientes como para ser amplificado (Pääbo et al. 2004; Higgins et al., 2015).

Igualmente, la buena conservación de las muestras óseas y los buenos resultados obtenidos en la PCR a tiempo real del ADN nuclear, nos permitieron hacer estudios de STRs. El kit más adecuado era el Minifiler, que se utiliza en estudios forenses de muestras de LCN (*Low*

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



*Copy Number* en inglés), que tienen un comportamiento similar a las muestras de ADN<sub>a</sub> (Capelli et al., 2003). Los resultados de estos análisis confirmaron una vez más la buena conservación de las muestras al poder obtener resultados para 28 de ellas, con una ratio de éxito del 56,9%.

La buena conservación y el alto índice de éxito permitieron determinar el haplogrupo mitocondrial de un elevado porcentaje de las muestras analizadas (tabla 5). Sin duda, llama la atención que el haplotipo H1-16260 haya sido identificado en la totalidad de las muestras con resultados positivos. Este hecho hizo que nos planteáramos el posible papel que pudo haber jugado la contaminación en este resultado tan homogéneo. Existen varios argumentos que indican que los resultados no se deben a la contaminación. En primer lugar la toma de muestras y su procesamiento se realizó siguiendo todos los protocolos establecidos (Cooper y Poinar, 2000). En segundo lugar se estableció el perfil genético de los investigadores (tabla 11) y se comprobó que el haplotipo observado no correspondía con ninguno de ellos, descartando así una posible contaminación por manejo inadecuado. A pesar de estas precauciones es posible que la contaminación tuviera otros orígenes, como los reactivos o el material plástico. Sin embargo hay otros argumentos más concluyentes que nos permiten descartarla. En primer lugar encontramos que en los resultados de la amelogenina, realizada en la PCR a tiempo real existen individuos de ambos sexos, lo que sería imposible si todos los resultados del ADN<sub>mt</sub> se debieran al ADN contaminante de un solo individuo.

En segundo lugar, el análisis de STRs en 28 muestras ha demostrado que el ADN obtenido procede de individuos diferentes (Tabla 8). Ello indica que aunque el haplotipo de ADN<sub>mt</sub> es el mismo en todas las muestras, esto no es una consecuencia de la contaminación.

Hay que destacar igualmente que el comportamiento del ADN de las muestras es congruente con lo esperado para el ADN<sub>a</sub>, donde suele haber una mayor dificultad de amplificación al aumentar el tamaño de

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

fragmento de PCR. Aunque esto en sí mismo no es concluyente ya que se ha demostrado que en algunos casos el ADN contaminante, si no es reciente, puede mostrar comportamientos similares al ADN, si se suma a los demás argumentos que avalan la autenticidad de nuestros resultados (Sampietro et al. 2006; Fulton, 2012).

Finalmente, la replicación del análisis del ADNmt llevada a cabo en un laboratorio independiente produjo los mismos resultados, por lo que podemos confiar una vez más en la fiabilidad de los resultados presentados en este trabajo.

## V.2 ADNmt

El linaje mitocondrial H1-16260 presente en todas las muestras de Punta Azul ha sido definido como uno de los linajes fundadores de las poblaciones aborígenes canarias. Cuando se realizaron los primeros estudios de ADNmt en poblaciones actuales, Rando et al. (1999) realizaron una primera propuesta de los linajes fundadores de la población aborigen. Las condiciones que establecieron para considerar un linaje como fundador fueron: que no se encontrara en la otra población parental, es decir la Península Ibérica, o que sus frecuencias en ésta fueran muy inferiores a las encontradas en la población canaria actual. De esta forma se determinó que los linajes H1-16260 y el U6b1 (tanto en su motivo básico como en los que tienen la mutación 16092) tenían una alta probabilidad de ser linajes fundadores. El U6c1 y el T2c (en su motivo básico y con la mutación 16220) era probable que fueran también linajes fundadores, mientras que el H-CRS y el J tenían una poca probabilidad de serlo (Rando et al. ,1999, Fregel, 2010). Todos estos linajes fueron identificados en estudios posteriores de ADN en poblaciones aborígenes del Archipiélago, confirmando la hipótesis inicial de Rando y col., sobre la presencia de estos linajes antes de la llegada de los europeos a las Islas Canarias (Maca-Meyer, 2002; Fregel et al., 2009c, Fregel et al., 2015).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

El linaje H1-16260 tiene una frecuencia en la población actual de un 1,78% (Santos et al., 2010). En las poblaciones aborígenes está presente en todas las Islas estudiadas con anterioridad incluyendo Tenerife (Maca-Meyer et al., 2004), La Palma (Fregel et al. 2009c) y La Gomera (Fregel et al., 2015). La consideración del H1-16260 como linaje fundador se fortalecería con los resultados obtenidos en Punta Azul, ya que no sólo confirma su presencia en El Hierro desde épocas aborígenes, sino que además muestra un peso específico importante al menos en la población herreña estudiada hasta el momento.

El haplotipo H1-16260 sólo ha sido detectado una vez en el Norte de África central, más concretamente en Argelia (Fregel et al., 2009c). En el Archipiélago Canario también ha aparecido este linaje y algunos haplogrupos derivados, que no se han encontrado aún en el Norte de África (Maca-Meyer et al., 2004; Fregel et al. 2009 b). Teniendo en cuenta las fechas que se han propuesto para la colonización aborígen del Archipiélago, primera mitad del I milenio antes de la Era para las dataciones más antiguas (Navarro Mederos, 1997; Velasco y Alberto, 2002), parece improbable que todos los tipos derivados del H1-16260 se originaran en las islas en un momento posterior a su colonización. Su ausencia o rareza en el Norte de África, que se asemeja también a la del motivo U6b1a (Maca-Meyer et al., 2003; Secher, Fregel et al., 2015), tendría entonces que ser explicada bien porque el lugar preciso de donde venían los ancestros de los aborígenes canarios aún no ha sido estudiado, o porque éstos han sido reemplazados por migraciones humanas posteriores (Maca-Meyer et al., 2004, Fregel et al. 2009c).

La edad de coalescencia para los linajes autóctonos del H1-16260 se ha calculado en  $6263 \pm 2869$  años (Fregel et al., 2009c). Estas fechas son claramente anteriores al momento de la colonización aborígen. En

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

concreto, en la isla de El Hierro, la datación más antigua que tenemos es del 195+/-145 AD ( Velasco Vázquez et al., 2005).

Para poder interpretar correctamente los resultados obtenidos para el ADNmt en los restos humanos de la cueva de Punta Azul, es imprescindible saber si la fijación del H1-16260 es común en otras muestras poblacionales Bimbapes o si es sólo una característica de este yacimiento. Para ello hay que considerar los resultados de ADN a obtenidos en otros yacimientos de la isla. Los únicos yacimientos arqueológicos estudiados hasta el momento son El Julán y la Lajura (tabla 13) (Maca-Meyer et al. ;2004). Aunque estos resultados deben ser manejados con cierta cautela, debido a su pequeño tamaño muestral, pueden ser de ayuda para entender la distribución de los linajes de ADNmt a nivel insular. A pesar de esta limitación, los resultados de El Julán y la Lajura confirman que el haplotipo H1-16260 no era exclusivo de Punta Azul, sino que también se encontraba en otros enclaves de la isla. Parece ser que en otros depósitos funerarios también existe el predominio de un mismo haplotipo. Tal sería el caso de La Lajura donde nueve de las trece muestras fueron clasificadas como CRS, como se observa en la tabla 12. Es de especial importancia profundizar en estos análisis en los distintos depósitos funerarios, a fin de comprobar si este comportamiento se repite en todos los contextos funerarios Bimbapes.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

<b>Tabla 12 -Haplotipos de ADNmt observados en diferentes yacimientos arqueológicos de El Hierro (Maca-Meyer et al. 2004; este estudio)</b>				
<b>HAPLOGRUPO</b>	<b>Haplotipo HVRI (065 - 365)</b>	<b>Punta Azul</b>	<b>La Lajura</b>	<b>El Julan</b>
H/HV*/U*/R*	CRS	-	9	-
H/HV*/U*/R*	260	56	-	1
H/HV*/U*/R*	292	-	1	-
H/HV*/U*/R*	311	-	1	-
H/HV*/U*/R*	093 192	-	1	-
U7	309 318T	-	1	-
<b>Total de Muestras</b>		56	13	1

Los resultados obtenidos añaden una mayor complejidad a lo reconocido hasta ahora en el uso de los espacios funerarios descritos en la introducción. Como ya se mencionó, estos comportamientos se han estudiado con detalle en el yacimiento de La Lajura, pero sus elementos también se podrían reconocer en otros depósitos sepulcrales, incluido Punta Azul (Jiménez Gómez, 1991; Jiménez Gómez, 1993; Velásco Vázquez 2005). Entre los elementos funerarios más destacados estaría el uso de grandes cementerios colectivos, utilizados durante largos periodos de tiempo. La importancia de estos lugares de carácter colectivo, que se

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

convierten en especiales debido a las prácticas sociales que allí se desarrollan, hace que se plantee un gran sentido de la colectividad, donde parece primar la relación familiar en un sentido amplio (Velasco Vázquez, 2005). Los resultados de este trabajo incorporan un elemento más a esta posible relación entre los individuos enterrados en un mismo lugar ya que, como vemos en Punta Azul, parece existir una relación de parentesco ligada al linaje materno. Como también se mencionó anteriormente, el estudio genético de los restos óseos de La Lajura sería fundamental para poder comparar estos comportamientos funerarios en distintos enclaves de la isla. A pesar de que se han obtenido algunos resultados (Maca-Meyer, 2002), el estado de conservación de las muestras de La Lajura no ha permitido realizar un análisis tan exhaustivo como el de Punta Azul. Sería deseable en el futuro que, con los nuevos procedimientos y técnicas, se pueda analizar esta importante necrópolis para poder obtener una visión más amplia de la composición genética de la población bimbape, así como de sus costumbres funerarias.

La diversidad genética de los linajes maternos Bimbapes es bastante baja, incluso cuando se tienen en cuenta los otros yacimientos de la isla (Tabla 13). La diversidad en la isla de El Hierro es sólo de un 32,42% (Tabla 13), un valor mucho menor que el obtenido para La Palma, 95,17%, y para Tenerife, 92,4% (Maca-Meyer et al., 2004; Fregel et al. 2009c). En La Gomera la diversidad es también bastante baja (55,9%), aunque es mayor que la detectada actualmente en El Hierro. Sin embargo, cabe destacar que en La Gomera se han analizado muestras procedentes de un mayor número de yacimientos distribuidos por distintas áreas de la isla (Fregel et al., 2015). En el caso de La Gomera se observa una alta frecuencia del haplogrupo U6b1a, que en algunas áreas alcanza valores del 70% (Fregel, et al., 2015).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

**Tabla 13 - Haplotipos de ADNmt observados en El Hierro (Maca-Meyer et al. 2004; este estudio), y datos previamente publicados de poblaciones aborígenes de Tenerife (Maca-Meter et al. 2004), La Palma (Fregel et al. 2009) y La Gomera (Fregel et al. 2014).**

HAPLOGRUPO	Haplotipo HVRI (065 - 365)	El Hierro	Tenerife	La Palma	La Gomera
H/HV*/U*/R*	CRS	9	8	4	2
H/HV*/U*/R*	189	-	1	1	-
H/HV*/U*/R*	260	57	2	5	2
H/HV*/U*/R*	278	-	1	-	-
H/HV*/U*/R*	290	-	-	1	-
H/HV*/U*/R*	291	-	1	-	-
H/HV*/U*/R*	292	1	1	1	-
H/HV*/U*/R*	311	1	2	1	-
H/HV*/U*/R*	218	-	-	1	-

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 13 - Haplotipos de ADNmt observados en El Hierro (Maca-Meyer et al. 2004; este estudio), y datos previamente publicados de poblaciones aborígenes de Tenerife (Maca-Meter et al. 2004), La Palma (Fregel et al. 2009) y La Gomera (Fregel et al. 2014).**

HAPLOGRUPO	Haplotipo HVRI (065 - 365)	El Hierro	Tenerife	La Palma	La Gomera
H/HV*/U*/R*	316	-	-	<b>1</b>	-
H/HV*/U*/R*	093 192	<b>1</b>	-	-	-
H/HV*/U*/R*	189 316	-	<b>1</b>	-	-
H/HV*/U*/R*	192 260	-	-	<b>1</b>	-
H/HV*/U*/R*	260 278	-	-	<b>1</b>	-
HV0	298	-	<b>1</b>	-	-
U6a	172 189 219 278	-	<b>1</b>	-	-
U6b1 a	048 163 172 219 311	-	-	-	<b>1</b>
U6b1 a	092 163 172 219 311	-	-	-	<b>3</b>
U6b1a	163 172 219 311	-	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>30</b>

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



**Tabla 13 - Haplotipos de ADNmt observados en El Hierro (Maca-Meyer et al. 2004; este estudio), y datos previamente publicados de poblaciones aborígenes de Tenerife (Maca-Meter et al. 2004), La Palma (Fregel et al. 2009) y La Gomera (Fregel et al. 2014).**

HAPLOGRUPO	Haplotipo HVRI (065 - 365)	El Hierro	Tenerife	La Palma	La Gomera
U7	309 318T	1	-	-	-
K	189 224 311	-	1	1	-
K	224 311	-	-	-	1
J	069 126	-	3	1	4
T1a	126 163 186 189 294	-	-	1	-
T2c1	126 224 292 294	-	1	-	-
T2c1	126 292 294	-	4	3	-
W1e1	223 292 295	-	-	1	-
X	189 223 278	-	-	2	4
L3d	124 223 256 311	-	-	-	4
L3d	124 223 257	-	1	-	-
L3e2	081 093 175 223 278 320	-	1	-	-

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

**Tabla 13 - Haplotipos de ADNmt observados en El Hierro (Maca-Meyer et al. 2004; este estudio), y datos previamente publicados de poblaciones aborígenes de Tenerife (Maca-Meter et al. 2004), La Palma (Fregel et al. 2009) y La Gomera (Fregel et al. 2014).**

HAPLOGRUPO	Haplotipo HVRI (065 - 365)	El Hierro	Tenerife	La Palma	La Gomera
L2/L2c	223 278	-	1	1	-
L2e	223 239 278 292	-	1	-	-
L1b	126 183C 187 189 223 264 270 278 293 311	-	-	-	1
L1b	126 187 189 223 264 270 278 311	-	-	1	-
<b>Diversidad Genética</b>		<b>32.42% ± 6.74%</b>	<b>92.86% ± 2.70%</b>	<b>95.17% ± 2.28%</b>	<b>55.88 ± 7.75%</b>
<b>Total de muestras</b>		<b>70</b>	<b>36</b>	<b>30</b>	<b>52</b>

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

La baja diversidad del ADNmt en El Hierro y en La Gomera, comparada con la detectada en Tenerife y en La Palma, nos indica que posiblemente las islas han tenido una historia de poblamiento diferente y por lo tanto resulta muy difícil hacer generalizaciones sobre las dinámicas de la población de las diferentes islas. Esto significa que considerar a la población del Archipiélago como un todo homogéneo puede conducir a interpretaciones erradas (Maca-Meyer et al., 2004; Fregel et al., 2009c; Fregel et al., 2015).

Basándose en la distribución actual de los haplogroups del ADNmt en el Archipiélago, ha sido posible plantear un poblamiento en dos oleadas distintas (Santos et al., 2010). La identificación de estas dos oleadas se fundamenta en la distribución de ciertos linajes. Los haplogrupos U6b1a y H1-16260 se encuentran presentes en todas las islas, con frecuencias relativamente homogéneas (exceptuando La Gomera). Otros haplogrupos, como el T2c1 y el U6c1, aparecen con mayor frecuencia en las islas orientales. Esta distribución asimétrica del T2c1 y U6c1, y homogénea del U6b1a y H1-16260, podría ser el resultado de una colonización en al menos dos oleadas, la primera afectando a todo el Archipiélago, y la segunda alcanzando mayoritariamente a las islas cercanas al continente. La identificación de estos marcadores no implica que esa población no llevara otros tipos mitocondriales, sino que estos son los que nos han permitido identificarlas. Hasta el momento se han detectado éstas dos, pero puede que hubiera más y, o bien no tenemos resolución para verlas, o bien fueron similares en origen a las anteriores y son indistinguibles .

Es probable que El Hierro sólo se haya visto afectada por la primera llegada de pobladores. Esta hipótesis se sustentaría en la ausencia de los haplogrupos T2c1 y el U6c1 en Punta Azul. Estos dos linajes también están ausentes en la población aborigen de La Gomera,

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. <i>Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a></i>		
Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

pero están presentes en otras islas teniendo el T2c1 una frecuencia del 14% en Tenerife y del 10% en La Palma (Fregel et al., 2015).

El Hierro, además de verse afectado sólo por una única oleada de poblamiento, probablemente vio como la población allí establecida quedó totalmente aislada hasta la conquista y colonización castellana. Esta hipótesis sería consistente con las condiciones geográficas que hemos mencionado en apartados anteriores, que incluyen entre otras su localización geográfica respecto al continente, la configuración costera, el régimen de vientos y las corrientes, y que hacen que sea mucho más fácil llegar a la isla que salir de ella. Todo ello implicaría unos condicionantes geográficos, sobre todo si estamos hablando de una población que no controlaba técnicas avanzadas de navegación. Este aislamiento ha sido un tema bien estudiado desde diversas perspectivas como la geografía (Fernández-Pello Martín, 1989), y la historia (Jiménez Gómez, 2003). Desde esta última, y como ya se ha explicado en la introducción, se ha podido constatar que este aislamiento también tuvo un reflejo en la mitología Bimbape que nos habla de la conciencia de esta sociedad sobre este aspecto, al que se añade una conciencia de abandono, como se transmite en sus mitos (Torriani, 1978; Frutuoso, 1964; Abreu Galindo 1977). La fijación de un solo linaje mitocondrial en la población enterrada en Punta Azul y la poca diversidad genética presente en la isla probablemente sea consecuencia de diferentes factores tanto de índole genético como histórico.

### V.3. Cromosoma Y

Los resultados del cromosoma Y mostraron que la mayoría de las muestras pertenecen a los haplogrupos E-M81 y R-M269 (tabla 6). El primero tiene un claro origen en el Norte de África. Las mayores frecuencias del haplogrupo E-M81 se observan en el noroeste africano (64%), con especial importancia en el Sahara Occidental, donde alcanzan

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

el 76% (Fregel et al., 2009 a). La presencia del E-M81 en la Península Ibérica se considera el resultado de las relaciones con el norte de África en épocas históricas (Fregel et al., 2009b). Este marcador ya se había identificado tanto en las poblaciones canarias actuales como en los restos humanos arqueológicos analizados en otras islas (Flores et al., 2003; Fregel et al., 2009b). Su presencia en Punta Azul, en una proporción importante, viene a fortalecer la hipótesis del origen norteafricano de las poblaciones aborígenes, lo que es coherente tanto con los estudios anteriores realizados con el cromosoma Y, así como los realizados con otros marcadores (Rando et al., 1999; Maca-Meyer et al., 2004; Fregel, et al. 2009 a; Fregel et al. 2009b; Fregel et al., 2015).

El otro haplogrupo encontrado en una proporción importante, el R-M269, suele considerarse como un marcador europeo, que en lugares como la Península Ibérica puede llegar a tener frecuencias de hasta el 60% (Flores et al., 2004). Sin embargo, es un marcador que también está presente en el Noroeste de África, con unas frecuencias que oscilan entre el 4 y el 6%. Este marcador también se ha identificado en otras poblaciones aborígenes del Archipiélago, con una frecuencia moderada en torno al 10% (Fregel et al. 2009b).

Una de las hipótesis planteadas para entender la presencia en Canarias del R-M269 es que, a pesar de sus bajas frecuencias en el Norte de África, este marcador pudo haber llegado en la misma oleada de población norteafricana que trajo otros marcadores como el E-M81. La elevada frecuencia de este marcador en la población de Punta Azul estaría en concordancia con lo planteado para el ADNmt, en lo que se refiere a efectos de deriva y disminución de la diversidad genética. Si el R-M269 ya estaba presente en el Norte de África en el momento que se produjo la colonización aborigen de las Islas Canarias, la presencia de estos marcadores en la región norteafricana sería más antigua de lo que se ha propuesto en otros estudios como el de Bosch et al. (2001).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Otro de los haplogrupos encontrado fue el E-M33, aunque en una proporción mucho más baja que la de los dos anteriores. De momento este es el único marcador subsahariano que se ha detectado en restos aborígenes, no sólo en El Hierro sino también en otras islas (Fregel et al., 2009b). En poblaciones actuales de África, las mayores frecuencias del E-M33 aparecen en el sur (51%) y en el centro del continente (57%) (Bosch et al., 2001). Sin embargo, también está presente en Beréberes de Marruecos (3,2%) y en poblaciones del Sahara (3,5%) (Arredi et al., 2004). Estas frecuencias son similares a las detectadas en Punta Azul por lo que es coherente pensar que la presencia de este marcador en la población aborígen es consecuencia del mismo proceso colonizador que trajo el marcador E-M81 (Fregel et al., 2009).

Podríamos por tanto plantear que la presencia de marcadores que no son autóctonos del norte de África puede explicarse teniendo en cuenta los procesos migratorios que tuvieron lugar en el propio continente africano, en especial en la parte norte, antes de la llegada de las primeras poblaciones al Archipiélago. Estos movimientos migratorios implicarían relaciones tanto con grupos humanos del norte del Mediterráneo como con poblaciones subsaharianas.

La determinación precisa de las cronologías más antiguas de estos marcadores en el norte de África, resulta fundamental para comprender mejor los complejos procesos migratorios que acaecieron en el norte del continente, que incluirían también el poblamiento de las Islas Canarias. La historia de este Archipiélago tiene que entenderse como parte del poblamiento protohistórico norteafricano desarrollado en un medio insular. Una vez colonizadas las islas, su posterior aislamiento las hace extremadamente interesantes desde el punto de vista histórico y genético. Parte de este interés radica en que no se vieron afectadas por movimientos migratorios de alto impacto como los que tuvieron lugar en el

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

continente en épocas posteriores, por ejemplo la colonización árabe y bizantina (Camps, 1980,1996).

Teniendo en cuenta el planteamiento que se hace para el ADNmt, según el cual el poblamiento de la isla de El Hierro se habría producido sólo en la primera oleada migratoria, cabría pensar que los marcadores del cromosoma Y provenientes del África subsahariana y de el ámbito europeo habrían llegado al norte de África antes de la colonización aborigen de las Islas Canarias. La otra hipótesis que se ha planteado es que la presencia del marcador R-M269 en la población aborigen sería la consecuencia de una flujo genético de origen europeo en el archipiélago en época prehispanica. Esta segunda hipótesis se basaría en la suposición de que los STRs del R-M269 encontrados en el Norte de África tienen similitudes con los de la Península Ibérica, por lo que la presencia de este marcador Norte de África se debería a migraciones recientes, y no explicarían su presencia en los aborígenes de las islas Canarias (Fregel et al., 2009b). Sin embargo, las ultimas evidencias parecen indicar que la presencia del R-M269 en el norte de África es más antiguo de lo que se pensaba, ya que las edades de coalescencia generales del cromosoma Y se han retrasado considerablemente (Mendez et al., 2013; Poznik et al., 2013). Además, hay que recordar que el flujo de población desde la Península Ibérica hacia el norte de África (y en general entre el norte y sur del Mediterráneo) se ha constatado arqueológicamente desde el neolítico antiguo, incrementándose en etapas cronológicas posteriores (Camps, 1974; Bernal, 2006). La llegada de marcadores europeos como el R-M269 al Norte de África en épocas anteriores a la colonización del Archipiélago parece una hipótesis mucho más probable, que se ve reforzada por los resultados obtenidos en este estudio.

Esta mayor antigüedad del R-M269 en el norte de África es congruente con lo que han revelado estudios más recientes sobre el ADNmt, en especial lo que sucede con el haplogrupo H1. Tradicionalmente este haplogrupo se ha caracterizado como un

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

haplogrupo europeo, que se originó en el denominado refugio Franco-Cantábrico y que, después del último máximo glacial (*LGM* por sus siglas en inglés), se expandió por toda Europa cuando mejoró el clima (Achilli et al., 2004). Las últimas investigaciones han demostrado que esta expansión poblacional también afectó al continente africano, por lo que la llegada del haplogrupo H1 a este continente sería más antigua de lo que se pensaba (Achilli et al., 2005; Cherni et al., 2009). Además, esta expansión de los linajes mitocondriales se ha equiparado con la correspondiente a linajes del cromosoma Y, por lo que el planteamiento que se ha hecho sobre la antigüedad del R-M269 en el norte de África sería congruente con estas nuevas aportaciones (Pereira et al., 2010).

En algunos estudios recientes se ha calculado el momento de llegada del haplogrupo H1 desde la Península Ibérica hasta el norte de África. Se ha propuesto que esto sucedió a principios del Holoceno. Ottoni et al. (2010) utilizan las ratios de mutación de Soares et al. (2009) para calcular la edad de coalescencia del grupo H1 en el norte de África. Sus resultados indican que el H1 alcanzó el Norte de Africa hace unos 8.000 - 9.000 años, como consecuencia de esa expansión durante el post-glacial desde la Península Ibérica (Ottoni et al., 2010). Esta es una razón más para proponer que la presencia del R-M269 en los aborígenes canarios tiene un origen en las poblaciones norteafricanas que llegaron a las islas, como en el caso del H1.

#### V.4. Marcadores STRs

El buen estado de conservación de los restos óseos de la Cueva de Punta Azul permitió que por primera vez se analizaran marcadores STRs nucleares en restos aborígenes de las Islas Canarias, un procedimiento que se ha empezado a proponer como aplicable a restos antiguos (Oh et al., 2012). Los resultados de estos marcadores STRs confirmaron que la población estudiada estaba compuesta por al menos

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



28 individuos diferentes, que además no tienen una relación de padre/madre/hijo entre ellos. Sin embargo, no podemos descartar otras relaciones como hermanos o primos en primer grado (tabla 9). Estos marcadores también nos permitieron comprobar que los resultados obtenidos no son significativamente diferentes de los encontrados en las poblaciones actuales de Marruecos (Tabla 8)(Gaibar et al., 2012). Esto confirma, una vez mas, la cercana relación existente entre los aborígenes y las poblaciones del norte de África.

La similitud de estos marcadores con las poblaciones de Marruecos (tabla 10), contrasta con los resultados obtenidos para el ADNmt, en lo que respecta a la fijación del H1-16260. Esto implica que los procesos de deriva genética o efecto fundador que afectaron al ADNmt, no fueron lo suficientemente acusados como para afectar al ADN nuclear. Esto se debe a que el ADNmt, dada su naturaleza uniparental, es más propenso a sufrir procesos estocásticos.

Una de las herramientas más utilizadas para determinar si existen procesos de endogamia que afecten al comportamiento de las frecuencias de los alelos y de los genotipos es el cálculo del equilibrio Hardy-Weinberg (Guo y Thompson, 1992). Éste se mantendrá constante, de generación en generación, en ausencia de influencias evolutivas o culturales. Como ya se mencionó en los resultados, la población de Punta Azul se encuentra en equilibrio, lo que significa que era lo suficientemente numerosa como para evitar la endogamia. Esto a su vez ratificaría lo que plantean otras fuentes, arqueológicas e históricas ya mencionadas, sobre el éxito de la adaptación a la situación insular que consiguieron Los Bimbapes, y que permitió sustentar a un contingente poblacional lo suficientemente grande como para que la diversidad genética de los marcadores nucleares no se viera afectada de manera clara (Ruíz González, 2008).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

El hecho de que la población esté en equilibrio Hardy-Weinberg nos indica que en el momento en que los Bimbapes enterraban a sus muertos en la Cueva de Punta Azul, eran ya una población bien establecida y con un tamaño considerable. Y aunque es posible que en algún momento puntual la población pudo haberse visto mermada, ya se había recuperado. Lo anterior estaría en concordancia con la hipótesis planteada para La Lajura, que habla de la utilización de este tipo de enterramientos colectivos en un momento en el que la población ya estaba bien establecida en la isla y se habían conformado los rituales funerarios en los distintos territorios (Velásco Vázquez et al., 2005).

### V.5. Origen, llegada y aislamiento de las poblaciones Bimbapes

Los resultados del análisis genético de las muestras de Punta Azul parecen confirmar algunas de las cuestiones que ya se habían planteado desde otras disciplinas con respecto al origen, llegada y posterior aislamiento de los primeros habitantes de la Isla de El Hierro.

En relación al origen, nos servimos de los resultados obtenidos para los STRs autosómicos. Las distancias Slatkin-linearized Fst, que miden la proporción de variación entre poblaciones (Slatkin, 1995), indican una gran similitud entre los Bimbapes y los beréberes de Marruecos, y una diferencia significativa con las poblaciones europeas (tabla 10). Estos resultados de los marcadores autosómicos respaldan los de los marcadores uniparentales y también son compatibles con las hipótesis planteadas desde la arqueología y la lingüística, que apuntan al indiscutible origen beréber de las poblaciones bimbapes (Navarro Mederos ,1997; Springer 2001). Uno de los elementos del registro arqueológico que expresa un fuerte vínculo entre las poblaciones herreñas y las beréberes son las denominadas inscripciones líbico beréberes, claramente relacionadas con las grafías antiguas de los

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

beréberes norteafricanos (Springer, 2001; Belmonte et al., 2010; Springer 2010).

En un principio no se consideró posible que estas inscripciones hubieran sido realizadas por los aborígenes, ya que no parecía viable que un pueblo considerado “prehistórico” conociera y utilizara la escritura. Por ello se planteó que las inscripciones habían sido realizadas probablemente por viajeros norteafricanos en momentos posteriores a la conquista (Mora Aguiar, 2011-2012). Sin embargo, el descubrimiento del tablón de madera con una inscripción alfabética, que ya hemos mencionado, con un carácter funerario y que estaba claramente asociado al yacimiento del Hoyo de los Muertos, permitió corroborar el carácter autóctono de esta escritura, lo que implicó un punto de inflexión para la investigación, además de clarificar la planteada relación entre los aborígenes canarios y las poblaciones del norte de África (Mora Aguiar, 2011-2012).

Una vez llegados a la isla, los Bimbapes tuvieron que enfrentarse a un proceso de adaptación importante en relación con los recursos disponibles. Como ya se mencionó en la introducción, no es una cuestión exclusiva de escasez de recursos, sino que su aprovechamiento hace necesario un conocimiento profundo del territorio para poder aprovecharlos. El conocimiento de los distintos nichos ecológicos y climáticos toma un cierto tiempo. Un ejemplo de esto sería el aprovechamiento de la “lluvia horizontal”, por condensación de humedad en los árboles, como es el caso del denominado árbol santo o Garoé, que permitió el acceso a un recurso tan importante como el agua (Jiménez Gómez, 2001).

Como ya se ha explicado, las fuentes etnohistóricas hablan del aprovechamiento que hacían los Bimbapes de diversos recursos. Por ejemplo en la crónicas Francesas de la conquista (Le Canarien, 2003), se

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

mencionan las prácticas agrícolas de los Bimbapes, así como el aprovechamiento de la lluvia horizontal. Otras fuentes etnohistóricas proporcionan información acerca del aprovechamiento de recursos como la ganadería menor (cabras, ovejas de pelo corto y cerdos), los recursos marinos, así como la recolección de diversas especies vegetales (Abreu Galindo ,1977).

Las fuentes arqueológicas han respaldado lo que aparece en las fuentes escritas. El registro arqueológico muestra el aprovechamiento de los recursos marinos, plasmado en la existencia de importantes concheros que reflejan una explotación intensiva de este tipo de recursos (Alberto, 2002b:165; Mesa, 2006). En el registro arqueológico, tanto el proveniente de contextos de habitación como de contextos funerarios, encontramos restos de ganadería menor, en especial ovicápridos (Alberto, 2002a:125).

La cuestión de la agricultura y su reflejo en el registro arqueológico también se explicó con detalle en apartados anteriores. Ésta tuvo un importante impacto en la configuración de la sociedad Bimbape, y su presencia fue bastante más que algo anecdótico en la realidad social y económica de estas poblaciones. Esto también está soportado por los resultados relacionados con la dieta y nutrición obtenidos en los estudios antropológicos, y que también se han explicado en otros apartados (Velasco Vázquez, 1997; González Reimers et al., 2004; Arnay de laRosa et al., 2010). La adaptación a un medio como el herreño probablemente no se produjo repentinamente, sino que fue un largo proceso, incluso con cambios a lo largo del tiempo en función de las circunstancias particulares de los diferentes momentos. Sin embargo, lo importante es resaltar que en definitiva consiguieron ser una población bien alimentada y adaptada al territorio con capacidad para reproducirse socialmente durante un dilatado periodo temporal.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Es evidente que los primeros habitantes tuvieron dificultades para controlar el nuevo medio en los momentos iniciales de la colonización. Incluso en los inicios el ambiente pudo resultarles lo suficientemente hostil como para producir una merma en la población que condujera a un fenómeno de cuello de botella. Éste y otro tipo de fenómenos, como se verá a continuación, pudieron haber influido en la disminución de la diversidad genética, sobre todo mitocondrial.

Sin embargo, los resultados genéticos también parecen apoyar la hipótesis de que a pesar de estas condiciones aparentemente hostiles, la sociedad Bimbape fue capaz de adaptarse de manera exitosa. Los valores de diversidad observados para los marcadores STR, muestran que el contingente poblacional que existía en la época en que se enterraban los muertos en Punta Azul era lo suficientemente importante como para poder evitar esa disminución radical de la diversidad genética.

Los resultados genéticos obtenidos en este estudio vendrían a corroborar el aislamiento de la población herreña, al que otras fuentes y estudios también hacen referencia y que ya hemos expuesto al hablar del el ADNmt (Torriani, 1978, Frutuoso, 1964; Fernández-Pello Martín, 1989; Jiménez Gómez, 2003). Este aislamiento vendría determinado, en primer lugar, porque la colonización de El Hierro podría haberse producido sólo en la primera oleada de poblamiento del Archipiélago, no siendo afectada por migraciones posteriores.

#### **V.6. La fijación del haplogrupo H1-16260 y la reducción de la diversidad genética**

Uno de los resultados más llamativos de este trabajo es la fijación del haplogrupo mitocondrial H1-16260 en la población de Punta Azul. Para intentar comprender los procesos que condujeron a esta situación,

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

hay que tener en cuenta no sólo las condiciones geográficas y la manera en la que se produjo el poblamiento de la isla, sino también la organización social de los Bimbapes.

Desde un punto de vista genético, hay varios fenómenos que podrían explicar este fenómeno. Uno de los fenómenos que pueden causar esta importante disminución de la diversidad y, por tanto, la sobre representación de un linaje mitocondrial, sería la existencia de un cuello de botella. Este tipo de episodios se caracteriza por un importante descenso en el número de miembros de una población en un momento concreto. Estos eventos hacen que los individuos de las generaciones posteriores tengan una menor variabilidad genética y que se alteren las proporciones de los alelos en el conjunto de la población (Fontdevila y Moya, 2000). Teniendo en cuenta las posibles dificultades con las que se encontraron los primeros pobladores de El Hierro, es posible plantear que se hubiera producido algún episodio de esta naturaleza, que se habría superado posteriormente, en la medida en que los Bimbapes empezaran a conocer y aprovechar adecuadamente los recursos de la isla (Ruíz González, 2008).

Otro factor que habría que considerar es la deriva genética, un efecto estocástico que se produce como consecuencia del muestreo aleatorio en la reproducción y de la pérdida de unos alelos por azar y no por selección natural (Fontdevila y Moya 2000). La deriva genética conduce a la reducción de la diversidad cuando se trata de una población aislada y con un tamaño poblacional bajo, como es el caso de El Hierro.

Por último tendríamos la posibilidad de algún tipo de efecto fundador durante el proceso de colonización aborígen. Este fenómeno consiste en la reducción en la diversidad genética cuando un subconjunto de una población determinada se utiliza para establecer una nueva

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr	
Firmado por:	ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha:	28/06/2017 11:23:41
	AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
	MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
	ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
	ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

colonia (Fontdevila y Moya, 2000), lo que sería lo esperado en el caso del poblamiento del Archipiélago.

Sin embargo, es probable que ninguno de estos factores sea responsable en exclusiva de la reducción de la diversidad genética observada, sino que más bien se deba a una mezcla de ellos en proporciones que son difíciles de determinar con exactitud.

Estos factores genéticos deberían afectar también a otros marcadores uniparentales, como el cromosoma Y. En efecto, nuestros resultados también muestran una reducción de la diversidad genética de este marcador aunque, en este caso, su impacto es mucho menos acusado que en los linajes mitocondriales. El distinto comportamiento de los dos marcadores debe ser explicado por otro tipo de mecanismos que van más allá de lo estrictamente biológico y, por ello, hay que indagar en factores de tipo cultural para encontrar posibles respuestas.

Es aquí donde la configuración social de los Bimbapes puede ayudar a explicar los resultados obtenidos en la Cueva de Punta Azul, sobre todo en lo concerniente a la herencia matrilineal. Este tipo de relaciones de parentesco no son extrañas ni en las poblaciones beréberes del norte de África (Camps, 1980), de donde provienen las poblaciones canarias, ni en otras poblaciones aborígenes del Archipiélago. En el ámbito africano, la filiación uterina está presente entre los Tuareg del Ahaggar. También en varias tribus beréberes de Marruecos, poco islamizadas, existen indicios de su antiguo arraigo (Cabrera, 1993:84). Dada la importancia que parecen tener en las islas las relaciones matrilineales en la configuración social de los indígenas, creemos necesario insistir en estos aspectos para entender adecuadamente lo que ocurre en el yacimiento sepulcral de Punta Azul.

A tenor de la información contenida en las fuentes narrativas se ha admitido que en la mayor parte de las islas existía un sistema de

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

descendencia matrilineal. La herencia era por vía femenina y los componentes de cada linaje o familia extensa estaban ligados por vía materna. Parece que esto fue así en La Gomera, en las islas orientales y en La Palma. Los datos de Tenerife son más confusos, y carecemos totalmente de noticias etnohistóricas para la isla de El Hierro en estos aspectos.

Entre las referencias recogidas para las otras islas del Archipiélago, destacan las menciones que se hacen sobre los gomeros. En ellas se habla de una clara herencia matrilineal, en la que era la mujer quien transmitía el linaje, y probablemente también el rango social y los bienes materiales, aunque el poder lo detentaba el varón. Los hombres disfrutaban, por tanto, de los bienes, pero al morir no heredaban sus hijos, sino los sobrinos, hijos de sus hermanas, que probablemente irían a vivir con el tío al alcanzar cierta edad. Una pareja, por tanto, no traspasaba sus bienes a su descendencia, sino a la de la hermana del varón. Esta descendencia sólo sería depositaria de unos bienes transmitidos a través de su madre, que a su vez deberá devolver a los hijos de su hermano. Lo anterior ha llevado a proponer que quizás el tío ejerciera algún tipo de tutela o tuviera alguna responsabilidad sobre sus sobrinos, los hijos de su hermana. Este modelo de transmisión y de relaciones puede conducir también a sistemas de residencia como la matrilocalidad o la avunculocalidad. (Navarro Mederos, 1992 : 202-206).

Las relaciones de parentesco y las estrategias matrimoniales tienen el fin primordial de procurar los medios para asegurar la perpetuación del linaje. Tenemos un gran desconocimiento de las taxonomías de parentesco de los aborígenes, contando tan solo con los datos recogidos en las fuentes narrativas. Se sabe que estas fuentes introducen indudables distorsiones derivadas de la mentalidad de los colonizadores y de aplicar “*el filtro del patrón de los sistemas de filiación y descendencia europeos*” (Onrubia Pintado, 2003:428) a unos comportamientos sociales

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



muy diferentes. Aún así, tal como expone J. Onrubia Pintado (2003) las fuentes escritas ofrecen datos, que analizados con rigor, permiten tener una idea, aunque grosera, de los sistemas de filiación y de la transmisión de derechos indígenas. Es el caso de Eannes de Zurara que percibe claramente, como hemos indicado, la existencia de un régimen matrilineal de transmisión del patrimonio doméstico en La Gomera (Zurara, 1998:355-356).

De la misma forma los colonizadores han transmitido noticias que han permitido plantear a diversos investigadores la existencia de pautas de filiación matrilineal para otras islas. Así, para Fuerteventura, J.C. Cabrera, al referirse a los modelos de matrimonio y filiación, indica que muchos autores no han dudado en atribuir patrones de descendencia matrilineal a la sociedad mayorera, basándose sobre todo en la supuesta influencia y prestigio de las mujeres. Esta afirmación se apoya en la autoridad de dos de ellas, según las fuentes narrativas- Tibiabin y Tamonante- dotadas de funciones políticas y rituales en el marco social de la isla. Sin embargo, el mismo autor matiza esta afirmación, indicando que al tratarse de una sociedad de naturaleza eminentemente pastoril o sometida a fenómenos de hostilidad interna, como es el caso de Fuerteventura, ésta sería más propensa a desarrollar patrones de descendencia patrilineal, que agruparan a los varones que controlan el ganado fomentando la cooperación militar entre parientes (Cabrera, 1993:76).

La hipótesis de un sistema de filiación matrilineal como eje organizativo del conjunto de linajes lanzaroteños también ha sido defendida. En este caso la existencia del “avunculado” puede hallarse en la base del llamado Episodio de Avendaño, contenido en la obra de Abreu Galindo (Abreu Galindo, 1977). Se trata de un fragmento difícil de interpretar en el que se alude a la exigencia de que la hija de Zonzamas, llamada Ico, fruto de las relaciones de la “reina” Fayna y el navegante

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

vizcaíno Martín Ruiz de Avendaño, demostrase su pertenencia al linaje “real” para que su hijo Guadarfía pudiese acceder al “trono” de la isla (Pérez Saavedra, 1995). Para algunos autores, como indica J.C. Cabrera, Guadarfía sería hermano y no hijo de Ico. En cualquier caso, la importancia del relato reside en la supuesta transmisión de la autoridad por línea femenina o matrilineal, pues el acceso del varón al poder está mediatizado por la pertenencia de la mujer al linaje gobernante (Cabrera, 1992:85).

En La Palma se ha planteado igualmente la posibilidad de una herencia matrilineal basándose en la relevancia social que se da a las mujeres. En las fuentes etnohistóricas se habla del poder físico y moral del que disfrutaba la mujer palmera hasta el punto que Abreu Galindo nos dice que “*hacían ellas cabeza de gobierno de la guerra y a ellos de la paz*” (Martín Rodríguez, 1992:22).

Las numerosas fuentes narrativas que existen sobre la sociedad indígena de Gran Canaria permiten contar con toda una serie de indicios indirectos que han hecho pensar también en el matrilineaje como la forma de vinculación característica para el parentesco aborigen. Se alude en este caso a mitos sociogónicos, como el de Atidamana, vinculados a la mujer, al carácter materno del linaje guanartémico o a la importancia social del papel de determinadas mujeres indígenas, sobre todo en el ámbito religioso y simbólico, como el colegio de las maguadas (Martín de Guzmán, 1980, 1982 ; Pérez Saavedra,1989:79-108). Sin embargo, J. Onrubia ha cuestionado algunas de estas interpretaciones, valorando también los indicadores que sugieren que el rango estatutario entre los linajes aristocráticos, incluido el de los propios guanartemes, se transmitía por línea masculina. Lo mismo ocurre con los patrones de residencia, que invariablemente, según consta en las fuentes narrativas, son de carácter patrilocal. Por ejemplo, las fuentes portuguesas insisten en que las mujeres vivían en casa de su padre, y Sedeño dice que la novia era

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

conducida, una vez concertado el matrimonio, a casa del marido (Onrubia Pintado, 2003:435). No obstante, siempre se destaca el importante papel de la mujer en el campo mítico-ritual y religioso (Onrubia Pintado, 2003:436).

Como hemos visto, el patrón de los sistemas de filiación aborígenes sigue siendo un tema muy discutido y de difícil abordaje a partir exclusivamente de la documentación escrita. Una parte importante de las aseveraciones que se han hecho sobre la transmisión de los linajes por vía matrilineal descansa en la relevancia que las fuentes narrativas dan a algunas mujeres en el organigrama social de las distintas islas, así como la importancia y veracidad dada a esos relatos en el seno de determinadas corrientes historiográficas canarias (Wölfel,1953; Martín de Guzman, 1980, 1982; Pérez Saavedra,1989), que han reforzado y destacado el papel de las mujeres aborígenes, otorgándoles un poder que en realidad no tuvieron (Rodríguez Rodríguez, 2006)

También en la isla de El Hierro se destaca el papel religioso y simbólico de algunas mujeres, como es el caso de la hija del “rey”, a quien se atribuían dotes especiales, ya que servía de actuante y de intermediaria en celebraciones muy señaladas (Tejera y Montesdeoca, 2004:49; Frutuoso, 1964:132-134).

Sin embargo, los resultados obtenidos en el yacimiento de Punta Azul son los primeros que nos permiten aportar datos empíricos para afirmar la posible existencia de una relación matrilineal entre los aborígenes del Archipiélago, al menos en este caso en lo que concierne a determinados comportamientos funerarios. El hecho de que todos los individuos analizados tengan el mismo haplogrupo mitocondrial, nos indica que todos los individuos estaban relacionados y compartían un ancestro femenino común, lo que podría implicar un comportamiento matrilineal, por lo menos en lo que respecta a la selección del lugar de

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

enterramiento, es decir, que todos los individuos pertenecientes a un mismo linaje materno fueron enterrados en Punta Azul. Es indudable que estos resultados deben ser contrastados con los obtenidos en otros espacios sepulcrales de la isla, aspecto que aún no se ha abordado. Es necesario hacer estudios similares en otros depósitos sepulcrales, como La Lajura o Letime, por ejemplo, para ver si este comportamiento también se reproduce allí y si estas relaciones de parentesco matrilineal se mantuvieron a lo largo de los diferentes momentos de la historia de la sociedad Bimbape. En cualquier caso, existe un cementerio, el de Punta Azul, que rige su funcionamiento probablemente atendiendo a la vinculación al linaje materno, es decir, siguiendo unos criterios de matrilocidad funeraria.

Sabemos que la importancia de las relaciones de parentesco y el culto a los antepasados, especialmente reflejado en las prácticas funerarias, está presente en todas las islas del Archipiélago. Sirva como ejemplo la mención que hace Abreu Galindo a la sepultura de los menceyes en Tenerife *“pero el rey donde quiera que moría lo habían de llevar a su sepultura donde tenía sus antepasados a los cuales ponían por su orden para que los conociesen”* (Abreu Galindo, 1977: 300 ). En la introducción de este trabajo ya aludimos al importante yacimiento sepulcral de La Lajura, donde se ha destacado también ese vínculo con los ancestros, que implica un énfasis en el carácter colectivo del enterramiento y la importancia que tenía enterrarse en el mismo lugar de los antepasados, idea apoyada además por las dataciones obtenidas que indican un largo periodo de utilización del espacio sepulcral, desde el 265 AD hasta el 1080 AD (Velasco Vázquez et al., 2005).

Los resultados genéticos de Punta Azul vendrían a reforzar la idea de ese vínculo con los antepasados, y aportarían una mayor definición a esa relación, ya que no estamos hablando de todos los antepasados sino en este caso de aquellos que tienen relación por vía materna. También

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

podemos sugerir la hipótesis de un comportamiento funerario matrilocal, es decir, que los miembros de esta sociedad depositarían a sus difuntos preferiblemente allí donde se encontraban enterrados sus ancestros maternos.

### V.7. Baja diversidad genética

Uno de los elementos que siempre ha despertado gran interés dentro del estudio de la sociedad Bimbape es lo relacionado con la consanguinidad y su papel dentro de las relaciones de parentesco. A partir de los estudios de Antropología Física se han podido determinar, por ejemplo, anomalías congénitas muy poco frecuentes que nos indican que la consanguinidad ha podido jugar un papel importante en su presencia. Es el caso del síndrome de Klippel-Feil, una enfermedad congénita con fuerte carga genética (Clarke et al., 1998), muy infrecuente (aproximadamente un caso entre 40.000 nacimientos), caracterizada por presentar un cuello corto, una baja implantación del cabello en la nuca y una movilidad restringida del cuello, debida a la fusión de un número variable de cuerpos vertebrales de la columna cervical (Thomsen et al., 1997). A veces esta anomalía se acompaña de otras alteraciones del desarrollo de las vértebras cervicales, como la reducción del número de vértebras, hendiduras vertebrales, espina bífida cervical, y alteraciones de los arcos anteriores del atlas y axis. En el material antropológico de Punta Azul se constató la presencia de al menos dos individuos con anomalías de desarrollo cervical consistentes, en primer lugar, en un bloque constituido por la fusión de la segunda y tercera vértebras cervicales (C2 y C3) y, en segundo lugar, en otro bloque formado por la fusión de C5 y C6. Se constató además la presencia de dos atlas con anomalías descritas en el Klippel-Feil: un hemiatlas con hipoplasia del arco posterior, y otra pieza con hipoplasia del arco posterior izquierdo (Mas Pascual et al., 2001). Curiosamente, también en La Gomera se ha descrito esta anomalía tan infrecuente (González Reimers et al., 2005), lo que

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

además concuerda con que tanto El Hierro como La Gomera son las islas que presentan una menor diversidad genética.

Otro aspecto estudiado que incide en la diversidad genética de una población como la Bimbape tiene que ver con la presencia de espina bífida en sus diversos grados (Campillo, 2001: 383). Éste es el más frecuente de los desordenes congénitos que afectan a la columna vertebral, y consiste en la fusión incompleta o nula de los arcos vertebrales, lo que da lugar a la falta de cierre del canal neural. Existen varios grados: desde la simple fisura hasta la ausencia completa de los arcos vertebrales. La que tiene una mayor incidencia es la que se produce en la región sacra. En los huesos sacros bien conservados del yacimiento de Punta Azul (28), se observó raquisquisis de diverso grado en 8 casos (28,57%), lo que indica que la prevalencia es elevada (Mas-Pascual, Gonzalez Reimers et al. 1999).

Los resultados obtenidos con los marcadores uniparentales, el ADNmt y el cromosoma Y, parecerían ser congruentes con prácticas endogámicas. Si sólo nos basáramos en los resultados obtenidos del ADNmt, podríamos hablar de endogamia, como hacen otros autores en estudios similares (Simón et al., 2017). Este estudio consistió en el análisis de los restos de 50 individuos provenientes de la Cova des Pas en Menorca, de los que se obtuvieron resultados genéticos para el ADNmt en 19 individuos. En esta población se encontró una diversidad genética bastante baja, observándose únicamente 4 haplogrupos diferentes. Para los autores, esta baja diversidad combinada con el elevado porcentaje de haplotipos basales hace que se plantee un alto nivel de endogamia. Esta posible endogamia se propone únicamente desde el punto de vista de los linajes maternos, ya que sólo se basa en el análisis del ADNmt, probablemente por el bajo grado de conservación bioquímica y molecular de los restos.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Sin embargo, en Punta Azul los resultados de los STRs nos permiten matizar los resultados de los marcadores uniparentales, en los aspectos relacionados con posibles prácticas endogámicas, ya que éstos indican una diversidad que está casi al mismo nivel que la observada en las poblaciones actuales del Norte de África.

Estos resultados se oponen a una reducción drástica de la diversidad, así como a un fuerte comportamiento endogámico, a pesar de que esto sería lo esperado por el tamaño de la isla y la población que ésta puede soportar. La inexistencia de una señal fuerte de endogamia, tendría que ser explicada entonces, una vez más, teniendo en cuenta los comportamientos sociales de los Bimbapes. Tenemos que acudir otra vez a las fuentes etnohistóricas para buscar los indicios que nos expliquen qué prácticas sociales ayudaron a mantener la diversidad genética.

Para el caso concreto del El Hierro no hay muchas en este sentido. Abreu Galindo (1977) menciona que los Bimbapes casaban con la mujer que querían sin tener respeto a parentesco, excepto a las madres y hermanas. Torriani también hace una mención a la exclusión de la madre como posible esposa (1959). A pesar de esta escasez de información, podemos recurrir a los datos que las fuentes narrativas han proporcionado para otras islas menores, como La Gomera, donde la situación podría ser similar en lo que respecta a la necesidad de mantener la diversidad genética. Hemos visto, además, que la población gomera y bimbape tienen ciertas similitudes en cuanto a su configuración genética. En el caso de La Gomera se conoce bien la implantación de prácticas exogámicas de obligado cumplimiento. Se sabe que, al menos desde la primera mitad del siglo XV y hasta la conquista, los gomeros tenían una organización social dualista, de tal manera que la población estaba dividida en cuatro bandos o secciones (Agana, Mulagua, Hupalán y Orone), que a su vez se unían de dos en dos. Los dos bandos coaligados se obligaban a contraprestaciones económicas, sociales y ceremoniales.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

En el terreno social destacaba la obligatoriedad del intercambio de parejas, de tal manera que una mujer que perteneciera por nacimiento a un bando, debería recibir como pareja a un hombre del bando aliado. Este mecanismo también se da en poblaciones beréberes de Marruecos y tiene como uno de sus objetivos institucionalizar la exogamia (Tejera, 1989; Navarro, 1992).

La situación parece haber sido diferente en islas como Tenerife o Gran Canaria con sociedades mucho más jerarquizadas, donde existía endogamia de clase o de linaje (Espinosa 1980; Morales Padrón, 1978).

En resumen, en el caso de Punta Azul estaríamos hablando de una población en la que la disminución de la diversidad genética afectaría en especial a los marcadores uniparentales, por razones tanto de carácter genético como social. Estas últimas explicarían porqué el ADNmt se vio afectado en mayor medida que el cromosoma Y, como consecuencia de una posible práctica de “matrilocalidad” funeraria que hace que sólo se identifique un linaje mitocondrial en las muestras analizadas. Sin embargo, los efectos sobre la diversidad genética de los factores genéticos y sociales no serían lo suficientemente acusados o se verían contrarrestados por otro tipo de prácticas sociales, evitando que los marcadores autosómicos se vieran afectados en su equilibrio, y que pudiéramos hablar de una endogamia en el sentido estricto de la palabra.

Muy pocos estudios genéticos se han hecho sobre restos humanos procedentes de yacimientos funerarios concretos en el Archipiélago Canario. Cabe destacar el del Pescante de Vallehermoso, donde se analizaron 20 dientes correspondientes a 10 individuos diferentes. En este caso 5 individuos tenían el mismo linaje mitocondrial U6b1a, un haplogrupo que tiene una alta frecuencia en la población aborigen y actual de La Gomera (Fregel et al., 2015). En este caso también se planteó la posibilidad de que la alta proporción de ese haplogrupo fuera debida a

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



una relación de parentesco entre los individuos. Sin embargo, este aspecto no pudo ser confirmado mediante análisis de STRs. Además, las conclusiones desde el punto de vista de la población en general tampoco son concluyentes debido al escaso número de individuos (Arnay de la Ross et al. 2009).

Otro trabajo realizado sobre individuos provenientes de un mismo yacimiento sería el estudio de los restos del yacimiento de Montaña Mina en Lanzarote (Ordóñez et al., 2011). En este caso se trata también de una muestra reducida, 6 individuos. Sin embargo, su aportación radicó en ser el primer estudio sobre restos aborígenes de esta isla. En ellos se encontraron linajes que concuerdan con lo que aparece en otras islas, y existen también individuos que comparten un mismo linaje mitocondrial. Sin embargo, al igual que en el Pescante de Vallehermoso, la relación de parentesco tampoco pudo ser confirmada o descartada.

Un trabajo más reciente ofrece los resultados genéticos de los restos humanos inhumados en un cementerio en Finca Clavijo (Santana et al., 2016), que como ya mencionamos se trata probablemente de una población esclavizada de entre los siglos XV y XVII. Evidentemente esto queda al margen de lo discutido en este trabajo por la configuración y cronología del yacimiento.

Por lo tanto, el estudio realizado en Punta Azul aborda por primera vez en el Archipiélago Canario el estudio genético de un importante colectivo humano aborígen procedente de un único enclave sepulcral. Estamos hablando de un número significativo de restos humanos que como consecuencia de su buena conservación, han podido ser estudiados en profundidad, informándonos de su composición genética y de los comportamientos funerarios y sociales de este colectivo.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <a href="https://sede.ull.es/validacion/">https://sede.ull.es/validacion/</a>		
Identificador del documento:	Código de verificación:	
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Consideramos, por tanto, que el caso de Punta Azul significa un avance en los estudios genéticos de las poblaciones aborígenes canarias, ya que intenta comprender no sólo las particularidades de los habitantes de las distintas islas, sino también aportar datos para conocer lo que ocurre a nivel insular, entre los distintos grupos que las habitaron, a lo largo del tiempo. Estos estudios constituyen hoy en día una herramienta fundamental para explicar muchos aspectos sociales que aún permanecen en discusión, como la matrilinealidad o patrilinealidad, y que son claves para conocer la historia de los primeros habitantes del Archipiélago Canario.

El trabajo incluye una metodología basada en el análisis por PCR de distintos marcadores. Los nuevos procedimientos genómicos no invalidan los resultados anteriores sino que, por el contrario, nos pueden ayudar a confirmarlos y a completarlos. En el caso del Archipiélago ya se han obtenido los primeros resultados basados en NGS (Fregel et al, 2017). Los datos de secuenciación obtenidos para El Hierro son hasta el momento congruentes, ya que 4 muestras de Punta Azul analizadas para el ADNmt, han sido clasificadas dentro del haplogrupo H1-16260, confirmando que las conclusiones que presentamos son rigurosas.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

# Resumen

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:		Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

## VI. RESUMEN

Este trabajo es el primero que se enfrenta al análisis de un número importante de individuos pertenecientes a un mismo yacimiento y marca el inicio de la profundización en el conocimiento de las particularidades de cada una de las islas, e incluso de los diferentes yacimientos de forma individual.

1. La buena conservación de las 62 tibias analizadas ha permitido alcanzar un grado de efectividad inusualmente elevado.
2. El estudio de ADNmt revela la presencia del linaje H1-16260 en todas las muestras
3. Los linajes paternos detectados son E-M81, R-M269 y E-M33.
4. Existe una mayor diversidad genética en los linajes paternos que en los maternos
5. La diversidad genética en la población aborigen de El Hierro es relativamente baja.
6. La presencia en todas las demás islas de estos linajes y la ausencia, en cambio, en El Hierro de otros hallados en otras islas, permite inferir que los encontrados en El Hierro forman parte de los linajes que llegaron a Canarias procedentes del Norte de África en una primera oleada.
  - a) los datos de este estudio (ADNmt, cromosoma Y) refuerzan la hipótesis del poblamiento norteafricano en distintas oleadas, siendo El Hierro afectado sólo por la primera.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

- b) después de la llegada de esta población a El Hierro, ésta quedó aislada hasta la conquista y colonización europea en el siglo XV.

7. La presencia del haplogrupo R-M269 indicaría que éste llegó en la misma oleada de poblamiento proveniente del norte de África, lo que significa que su presencia en dicho continente sería más antigua de lo que se ha planteado hasta ahora.

- a) Este resultado está en concordancia con el retraso de las fechas de los marcadores del Cromosoma Y planteado en las investigaciones más recientes.
- b) También es congruente con las nuevas hipótesis que retrasan la presencia en el Norte de África, de marcadores mitocondriales tradicionalmente caracterizados como europeos.

8. La fijación de un único haplogrupo (H1-16260) en el ADNmt de toda la población estudiada indica una posible relación matrilineal entre los aborígenes depositados en la cueva sepulcral de Punta Azul, lo que refuerza la hipótesis de la importancia de la matrilinealidad en determinados comportamientos de las sociedades aborígenes canarias.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

# Conclusiones

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

## VII. CONCLUSIONES

- Los resultados genéticos del yacimiento de Punta Azul confirman el origen norteafricano de los Bimbapes. Asimismo, son coherentes con la hipótesis de diversas oleadas de poblamiento, del que islas como El Hierro o La Gomera sólo serían afectadas por la primera.
- El aislamiento de la población de El Hierro después de su llegada a la isla, también se ve confirmado por los resultados genéticos. Estos además nos hablan de la existencia de fenómenos genéticos que afectaron la diversidad genética de la población, aunque de manera diferenciada en los distintos marcadores estudiados.
- También se confirma que a pesar del aislamiento y de los fenómenos de disminución de la diversidad genética, la población de El Hierro consiguió adaptarse a las condiciones de la isla de manera exitosa.
- Este trabajo también muestra que los procesos biológicos no son suficientes para explicar los resultados de este estudio y que los comportamientos sociales tienen un impacto en la composición genética de esta población.
- Dentro de esos comportamientos sociales la posible matrilocalidad funeraria sería un elemento clave para entender los comportamientos diferenciales de los distintos marcadores. Esto profundizaría en nuestro conocimiento de las prácticas funerarias. Además de ser la primera prueba empírica que apunta hacia la existencia de relaciones matrilineales en las poblaciones aborígenes.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

- La inexistencia de una endogamia en sentido estricto también nos habla de prácticas sociales que ayudan a evitarla, y nos demuestra la importancia del análisis de marcadores autosómicos para matizar la visión que puedan ofrecer los marcadores uniparentales.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
 Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



# Bibliografía

---

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

## VIII. BIBLIOGRAFÍA

Abreu Galindo, J. de (1977): *Historia de la conquista de las siete islas de Canarias*. Santa Cruz de Tenerife. Goya Ediciones.

Achilli, A., Rengo, C., Battaglia, V., Pala, M., Olivieri, A., Fornarino, S., Magri, C., Scozzari, R., Babudri, N., Santachiara-Benerecetti, A. S., Bandelt, H. J., Semino, O. y Torroni, A. (2005). Saami and Berbers - An unexpected mitochondrial DNA link. *American Journal of Human Genetics*, 76(5), 883-886.

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. y 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. *American Journal of Human Genetics*, 75(5), 910-918.

Alberto Barroso, V. (2002a): Los animales en el ritual. A propósito de un ara de sacrificio en El Julan (La Frontera, El Hierro). En M. S. Hernández Pérez *El Julan*. Dirección General de Patrimonio Histórico. Gobierno de Canarias, pp.125-145.

Alberto Barroso, V. (2002b): La malacofauna del Conchero de El Julan. En M. S. Hernández Pérez *El Julan*. (pp.165-173). Dirección General de Patrimonio Histórico. Gobierno de Canarias.

Alberto Barroso, V. y Velasco Vázquez (2007): Espacios funerarios colectivos y colectivos en los espacios funerarios. *Tabona*, 16, 219-249

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Almeida, M., Betancor, E., Fregel, R., Suárez, N. M. y Pestano, J. (2011). Efficient DNA extraction from hair shafts. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 3(1), e319 - e320.

Álvarez Delgado, J. (1947). Excavaciones arqueológicas en Tenerife (Canarias). Plan Nacional 1944-1945. *Informes y Memorias*, 14. Madrid.

Álvarez J. C., Lorente, M., Fernández Rosado, F. J., Martínez-Espín, E., Rodríguez, E. y Villanueva, E. (2001). Análisis de ADNmt. *Forensica, Revista Iberoamericana de Criminalística, Criminología, Medicina y Ciencias Forenses*, 1(1), 20.

Anastasiou, E. y Mitchell, P. D. (2013a). Evolutionary anthropology and genes: Investigating the genetics of human evolution from excavated skeletal remains. *Gene*, 528(1), 27-32.

Anastasiou, E. y Mitchell, P. D. (2013b). Paleopathology and genes: Investigating the genetics of infectious diseases in excavated human skeletal remains and mummies from past populations. *Gene*, 528(1), 33-40.

Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., de Bruijn, M. H., Coulson, A. R., Drouin, J., Eperon, I. C., Nierlich, D. P., Roe, B. A., Sanger, F., Schreier, P. H., Smith, A. J., Staden, R. y Young, I. G. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806), 457-465.

Arnay de la Rosa, M. (2009). La Arqueología Histórica en Canarias. El yacimiento sepulcral de la Iglesia de Nuestra Señora

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	vACJKdfr	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

de la Concepción de Santa Cruz de Tenerife, *Arqueología Iberoamericana*, 3, 21-36.

Arnay de la Rosa, M. (2011). Darwin y las investigaciones sobre el origen del hombre. *Nuevas formas de entender a Darwin (1809-2009)* (pp. 11-24). Universidad de Las Palmas de Gran Canaria.

Arnay de la Rosa, M., Gonzalez Reimers, E., Fregel, R., Velasco Vázquez, J., Delgado Darías, T., Gonzalez, A. M., y Larruga, J. M. (2007). Canary islands aborigine sex determination based on mandible parameters contrasted by amelogenin analysis. *Journal of Archaeological Science*, 34(9), 1515-1522.

Arnay de la Rosa, M., Gamez Mendoza, A., Navarro Mederos, J. F., Hernandez Marrero, J. C., Fregel, R., Yanes, Y., Galindo Martin, L., Romanek, C. S. y Gonzalez-Reimers, E. (2009). Dietary patterns during the early prehispanic settlement in La Gomera (Canary Islands). *Journal of Archaeological Science*. 36(9), 1972-1981.

Arnay de la Rosa, M., Gonzalez Reimers, E., Castilla Garcia, A. y Santolaria Fernandez, A. (1994). Radiopaque transverse lines (Harris lines) in the prehispanic population of El Hierro (Canary Islands). *Anthropol Anz*, 52(1), 53-57.

Arnay de la Rosa, M., González Reimers, E., Yanes, Y., Velásco Vázquez, J., Romanek, C. S. y Noakes, J. E. (2010). Paleodietary analysis of the prehistoric population of the Canary Islands inferred from stable isotopes (carbon, nitrogen and hydrogen) in bone collagen. *Journal of Archaeological Science*, 37(7), 1490-1501.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Arredi, B., Poloni, E. S., Paracchini, S., Zerjal, T., Fathallah, D. M., Makrelouf, M., Pascali, V. L., Novelletto, A. y Tyler-Smith, C. (2004). A predominantly neolithic origin for Y-chromosomal DNA variation in North Africa. *American Journal of Human Genetics*, 75(2), 338-345.

Audic, S. y Beraud Colomb, E. (1997). Ancient DNA is thirteen years old. *Nature Biotechnology*, 15(9), 855-858.

Bar, W., Brinkmann, B., Budowle, B., Carracedo, A., Gill, P., Lincoln, P., Mayr, W. y Olaisen, B. (1997). DNA recommendations. Further report of the DNA Commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems. International Society for Forensic Haemogenetics. *International Journal of Legal Medicine*, 110(4), 175-176.

Barreda López de la, J. (1985). *Paleopatología de la tibia de la población prehispanica de la provincia de Santa Cruz de Tenerife*. Tesina inédita, Universidad de La Laguna.

Barta, J. L., Monroe, C. y Kemp, B. M. (2013). Further evaluation of the efficacy of contamination removal from bone surfaces. *Forensic Science International*, 231(1-3), 340-348.

Belmonte, A., Perera Betancort, A., y González García, C. (2010). Análisis estadístico y de grupos de las escrituras líbico-beréberes de Canarias y el norte de África. En *VII Congreso de Patrimonio Histórico de Lanzarote. Inscripciones rupestres y doblamiento del Archipiélago Canario*, Lanzarote.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Belmonte, J. A., Springer, R. A., y Perera Betancort, M. A. (1998). Análisis estadístico y comparativo de las escrituras líbico-beréberes de Canarias, el norte de Africa y el Sahara. *Revista de la Academia Canaria de Ciencias*, X(2-3), 9-33.

Bernal, D. (2006): *Actas del I Seminario Hispano.Marroquí de Especialización en Arqueología*. Universidad de Cádiz. Cádiz.

Betancor, E., Fregel, R., Suárez, N. M., Cabrera, V. M., y Pestano, J. (2011). An Efficient Method of Extracting DNA from Bone Remains from the Spanish Civil War—A Comparative Study of Two Methods: PrepFiler BTATM and DNAzol®. *Forensic News*. 6-8.

Bolnick, D. A., Bonine, H. M., Mata Miguez, J., Kemp, B. M., Snow, M. H., y LeBlanc, S. A. (2012). Nondestructive sampling of human skeletal remains yields ancient nuclear and mitochondrial DNA. *American Journal of Physical Anthropology*, 147(2), 293-300.

Bosch, E., Calafell, F., Comas, D., Oefner, P. J., Underhill, P. A., y Bertranpetit, J. (2001). High-resolution analysis of human Y-chromosome variation shows a sharp discontinuity and limited gene flow between northwestern Africa and the Iberian Peninsula. *American Journal of Human Genetics*, 68(4), 1019-1029.

Bouwman, A. S., Chilvers, E. R., Brown, K. A. y Brown, T. A. (2006). Brief communication: Identification of the authentic ancient DNA sequence in a human bone contaminated with modern DNA. *American Journal of Physical Anthropology*, 131(3), 428-431.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Bravo, A. M., y De las Casas, M. T. (1958). Distribución de grupos sanguíneos en los habitantes de la Isla de La Palma. *Acta Médica de Tenerife*, (10), 114-117.

Briggs, A. W., Stenzel, U., Johnson, P. L. F., Green, R. E., Kelso, J., Prüfer, K., Meyer, M., Krause, J., Ronan, M. T., Lachmann, M. y Pääbo, S. (2007). Patterns of damage in genomic DNA sequences from a Neanderthal. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(37), 14616-14621.

Brothwell, D. (1993). *Desenterrando huesos. La excavación, tratamiento y estudio de restos del esqueleto humano*. Madrid: Fondo de Cultura Económica de España S.L.

Buikstra, J. E. y Ubelaker D. (1994). *Standards. For data collection from human skeletal remains*. Arkansas: Arkansas Archaeological Survey Research Series.

Budowle, B., Eisenberg, A. J., & van Daal, A. (2009). Validity of low copy number typing and applications to forensic science. *Croatian Medical Journal*, 50(3), 207-217.

Bunce, M., C. L. Oskam y M. E. Allentoft (2012). Quantitative Real-Time PCR in aDNA Research. *Methods in molecular biology*, 840, 121-132.

Cabrera, V. M., Gonzalez, P., y Salo, W. L. (1996). Human enzyme polymorphism in the Canary Islands .7. G6PD Seattle in Canarians and North African Berbers. *Human Heredity*, 46(4), 197-200.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Cabrera Pérez, J. C. (1992): *Lanzarote y los Majos*. Centro de la Cultura Popular de Canarias. Santa Cruz de Tenerife.

Cabrera Pérez, J. C. (1993): *Fuerteventura y los majos*. Centro de la Cultura Popular de Canarias. Santa Cruz de Tenerife.

Ca'DaMosto, A. (1998): Relación de los viajes a la costa occidental de África. En Zurara. *Crónica del descubrimiento y conquista de Guinea*. (pp.93-133). Ayuntamiento de Puerto de la Cruz-Ayuntamiento de la Orotava.

Camacho, M. V., Benito, C., y Figueiras, A. M. (2007). Allelic frequencies of the 15 STR loci included in the AmpFISTR Identifier PCR Amplification Kit in an autochthonous sample from Spain. *Forensic Science International*, 173(2-3), 241-245.

Campillo, D. (2001). *Introducción a la paleopatología*. Barcelona: Bellaterra Arqueología.

Camps, G. (1974). *Les civilisations préhistoriques de l'Afrique du Nord et du Sahara*. Paris: Doin.

Camps, G. (1980): *Berbères. Aux marges de l'histoire*. Toulouse: Éditions des Hespérides. Archéologie, horizons neufs.

Camps, G. (1996): *Des rives de la Méditerranée aux margens meridionales du Sahara, Les Berbères*. Túnez: Alif. Encyclopédie de la Méditerranée.

Campos, P. F. y Gilbert, T. M. (2012). DNA extraction from keratin and chitin. *Methods in Molecular Biology*, 840, 43-49.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



Campos, P. F., Craig, O. E., Turner-Walker, G., Peacock, E., Willerslev, E. y Gilbert, M. T. (2012). DNA in ancient bone - where is it located and how should we extract it? *Annals of Anatomy* 194(1): 7-16.

Cann, R. L., Stoneking, M. y Wilson, A. C. (1987). Mitochondrial DNA and Human Evolution. *Nature*, 325(6099), 31-36.

Capelli, C., Tschentscher F. y Pascali, V. L. (2003). "Ancient" protocols for the crime scene? Similarities and differences between forensic genetics and ancient DNA analysis. *Forensic Science International*, 131(1), 59-64.

Casas, M. J., Hagelberg, E., Fregel, R., Larruga, J. M., y Gonzalez, A. M. (2006). Human mitochondrial DNA diversity in an archaeological site in Al-Andalus: Genetic impact of migrations from North Africa in medieval Spain. *American Journal of Physical Anthropology*, 131(4), 539-551.

Castañeyra Ruíz, M., Trujillo Mederos, A., Arnay de la Rosa, M. y González Reimers (2015). Osteoarthritis among the prehispanic population from La Gomera and El Hierro (Canary Islands): a comparative study. *Anthropol Anz*, 72(3), 347-358.

Cherni, L., Fernandes, V., Pereira, J. B., Costa, M. D., Goios, A., Frigi, S., Yacoubi-Loueslati, B., Ben Amor, M., Slama, A., Amorim, A., El Gaaied, A. B. y Pereira, L. (2009). Post-Last Glacial Maximum Expansion From Iberia to North Africa Revealed by Fine Characterization of mtDNA H Haplogroup in Tunisia. *American Journal of Physical Anthropology*, 139 (2), 253-260.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Chil y Naranjo, G. (1876). *Estudios históricos, climatológicos y patológicos de las Islas Canarias. Tomo I.* Las Palmas de Gran Canaria: Imprenta Miranda.

Chil y Naranjo, G. (1880). *Estudios históricos, climatológicos y patológicos de las Islas Canarias. Tomo II.* Las Palmas de Gran Canaria: Imprenta Miranda.

Cipollaro, M., Galderisi, U. y Di Bernardo, G. (2005). Ancient DNA as a multidisciplinary experience. *Journal of Cellular Physiology.* 202 (2), 315-322.

Clarke, R. A., Catalan, G., Diwan, A. D., Kearsley, J. H. (1998). Heterogeneity in Klippel-Feil syndrome: a new classification. *Pediatric Radiology*, 28, 967-74.

Coble, M. D. (2011). The identification of the Romanovs: Can we (finally) put the controversies to rest? *Investigative Genetics*, 2, 20.

Cooper, A. y Poinar, H. N. (2000). Ancient DNA: Do it right or not at ALL. *Science*, 289 (5482), 1139-1139.

Cruciani, F., La Fratta, R., Santolamazza, P., Sellitto, D., Pascone, R., Moral, P., Watson, E., Guida, V., Colomb, E. B., Zaharova, B., Lavinha, J., Vona, G., Aman, R., Cali, F., Akar, N., Richards, M., Torroni, A., Novelletto, A. y Scozzari, R. (2004). Phylogeographic analysis of haplogroup E3b (E-M215) Y chromosomes reveals multiple migratory events within and out of Africa. *American Journal of Human Genetics*, 74(5), 1014-1022.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Daniels, G. (1995). *Human Blood Groups*. Oxford: Blackwell Science.

De La Cruz, I., Gonzalez-Oliver, A., Kemp, B. M., Roman, J. A., Smith, D. G., y Torre-Blanco, A. (2008). Sex identification of children sacrificed to the ancient Aztec rain gods in Tlatelolco. *Current Anthropology*, 49(3), 519-526.

Delgado Darías, T. (2001). *Los antiguos canarios a través de sus dientes*. Las Palmas de Gran Canaria: El Museo Canario.

Destro-Bisol, G., Maviglia, R., Caglia, A., Boschi, I., Spedini, G., Pascali, V., Clark, A. y Tishkoff, S. (1999). Estimating European admixture in African Americans by using micro-satellites and a micro-satellite haplotype (CD4/Alu). *Human Genetics*, 104(2), 149-157.

Di Bernardo, G., Del Gaudio, S., Galderisi, U., Cascino, A., y Cipollaro, M. (2009). Ancient DNA and Family Relationships in a Pompeian House. *Annals of Human Genetics*, 73, 429-437.

Diego Cuscoy, L. (1977). Notas para una historia de la Antropología canaria. En A. Millarea Torres, *Historia General de las Islas Canarias* (Tomo I:267-290). Santa Cruz de Tenerife: Edirca.

Diego Cuscoy, L., y Galand, L. (1975). Nouveaux Documents des îles Canaries. La nécropole del Hoyo de los Muertos (Guarazoca, Île de Fer). *L'Anthropologie*, t.79, n°1. Paris, 5-37.

Donoghue, H. D., Spigelman, M., O'Grady, J., Szikossy, I., Pap, I., Lee, O. Y., Wu, H. H., Besra, G. S. y Minnikin, D. E. (2015). Ancient DNA analysis - An established technique in charting the

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

evolution of tuberculosis and leprosy. *Tuberculosis (Edinb)*, 95 Suppl 1, S140-144.

Espinosa, A. (1980). *Del origen y milagros de la Santa Imagen de Nuestra Señora de Candelaria, que apareció en la isla de Tenerife con la descripción de esta isla*. Introducción y notas de Alejandro Cioranescu. Santa Cruz de Tenerife: Goya Ediciones.

Estévez González, F. (1987). *Indigenismo, raza y evolución. El pensamiento antropológico canario (1750-1900)*. Santa Cruz de Tenerife: Cabildo Insular de Tenerife.

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

Faerman, M., Bar-Gal, G. K., Filon, D., Greenblatt, C. L., Stager, L., Oppenheim, A., y Smith, P. (1998). Determining the sex of infanticide victims from the late Roman era through ancient DNA analysis. *Journal of Archaeological Science*, 25(9), 861-865.

Faerman, M., Filon, D., Kahila, G., Greenblatt, C. L., Smith, P. y Oppenheim, A. (1995). Sex identification of archaeological human remains based on amplification of the X and Y amelogenin alleles. *Gene*, 167(1-2), 327-332.

Farrujia de la Rosa, A. J. (2004). *Ab Initio (1342-1969). Análisis Historiográfico y arqueológico del primitivo poblamiento de Canarias*. La Laguna: Artemisa Ediciones.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Farrujia de la Rosa, A. J. (2009). Ilse Schwidetzky-Rösing. En M. Díaz-Andreu, G.Mora y J. Cortadella (coords.), *Diccionario Histórico de la Arqueología en España* (pp.237-238). Madrid: Marcial Pons.

Farrujia de la Rosa, A. J. (2010). *En busca del pasado guanche. Historia de la Arqueología en Canarias (1868-1968)*. Santa Cruz de Tenerife: Edición K.

Fernández Pello Martín, L. (1989). *Los paisajes naturales de la Isla de El Hierro*. El Hierro : Cabildo Insular, Centro de la Cultura Popular Canaria.

Flores, C. (2001). *Composición Genética y posible origen paterno de las poblaciones humanas canarias, deducidos de su polimorfismo en el cromosoma Y*. Tesis doctoral inédita. Departamento de Parasitología, Ecología y Genética. Universidad de la Laguna.

Flores, C., Maca-Meyer, N., Gonzalez, A. M., y Cabrera, V. M. (2000). Northwest African distribution of the CD4/Alu micro-satellite haplotypes. *Annals of Human Genetics*, 64, 321-327.

Flores, C., Maca-Meyer, N., Gonzalez, A. M., Oefner, P. J., Shen, P. D., Perez, J. A., Rojas, A., Larruga, J. M. y Underhill, P. A. (2004). Reduced genetic structure of the Iberian peninsula revealed by Y-chromosome analysis: implications for population demography. *European Journal of Human Genetics*, 12(10), 855-863.

Flores, C., Maca-Meyer, N., Perez, J. A., y Cabrera, V. M. (2001). The peopling of the Canary Islands: A CD4/Alu micro-

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

satellite haplotype perspective. *Human Immunology*, 62(9), 949-953.

Flores, C., Maca-Meyer, N., Perez, J. A., Gonzalez, A. M., Larruga, J. M., y Cabrera, V. M. (2003). A predominant European ancestry of paternal lineages from Canary Islanders. *Annals of Human Genetics*, 67, 138-152.

Fontdevila, A., & Moya, A. (2000). Introducción a la genética de poblaciones: Síntesis.

Fregel, R. (2010). *La evolución genética de las poblaciones humanas canarias: determinación mediante marcadores autosómicos y uniparentales*. Tesis doctoral inédita. Departamento de Parasitología, Ecología y Genética. Universidad de La Laguna.

Fregel, R., Almeida, M., Betancor, E., Suárez, N. M. y Pestano, J. (2011). Reliable nuclear and mitochondrial DNA quantification for low copy number and degraded forensic samples. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 3(1), e303-e304.

Fregel, R., Betancor, E. Suárez, N.M. Cabrera, V. Pestano, J. Larruga, J.M. y González, A.M. (2009a). Temporal evolution of the ABO allele frequencies in the Canary islands: The impact of the European colonization. *Immunogenetics*, 1-8.

Fregel, R., Cabrera, V., Larruga, J., Hernandez, J., Gamez, A., Pestano, J., Arnay, M. y Gonzalez, A. M. (2015). Isolation and prominent aboriginal maternal legacy in the present-day population of La Gomera (Canary Islands). *Journal of Human Genetics*, 23(9), 1236-43.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Fregel, R., y Delgado, S. (2011). HaploSearch: a tool for haplotype-sequence two-way transformation. *Mitochondrion*, 11(2), 366-367.

Fregel, R., Gomes, V., Gusmao, L., Gonzalez, A. M., Cabrera, V. M., Amorim, A. y Larruga J. M. (2009b). Demographic history of Canary Islands male gene-pool: replacement of native lineages by European. *Bmc Evolutionary Biology*, 9, 181.

Fregel, R., Gonzalez, A., y Cabrera, V. M. (2010). Improved ethanol precipitation of DNA. *Electrophoresis*, 31(8), 1350-1352.

Fregel, R., Maca-Meyer, N., Cabrera, V. M., Gonzalez, A. M., y Larruga, J. M. (2005). Description of a simple multiplex PCR-SSCP method for ABO genotyping and its application to the peopling of the Canary Islands. *Immunogenetics*, 57(8), 572-578.

Fregel, R., Ordóñez, A. C., Soares, A., Santana, J., Arnay de la Rosa, M., Shapiro, B. y Bustamante, C. (2017). Complete mitochondrial genomes provide additional evidence on the geographical origin of the indigenous people of the Canary Islands. En el *Society for Molecular Biology and Evolution Meeting, Austin, EEUU*.

Fregel, R., Pestano, J. Arnay de la Rosa, M., Cabrera, V.M., Larruga, J.M. y Gonzalez A.M. (2009c). The maternal aborigine colonization of La Palma (Canary Islands). *European Journal of Human Genetics*, 17(10), 1314-1324.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Frutuoso, G de (1964): *Las Islas Canarias (de "Saudades da Terra")*. Fontes Rerum Canariarum, XII. La Laguna: Instituto de Estudios Canarios.

Fulton, T.L. (2012). Setting up an ancient DNA laboratory. *Methods in molecular biology*, 840, 1-11.

Gaibar, M., Esteban, M. E., Via, M., Harich, N., Kandil, M., & Fernandez-Santander, A. (2012). Usefulness of autosomal STR polymorphisms beyond forensic purposes: data on Arabic- and Berber-speaking populations from central Morocco. *Ann Hum Biol*, 39(4), 297-304.

Gamba, C., Jones, E. R., Teasdale, M. D., McLaughlin, R. L., Gonzalez Fortes, G., Mattiangeli, V., Domboroczki, L., Kovari, I., Pap, I., Anders, A., Whittle, A., Dani, J., Raczky, P., Higham, T. F., Hofreiter, M., Bradley, D. G. y Pinhasi, R. (2014). Genome flux and stasis in a five millennium transect of European prehistory. *Nature Communications*, 5, 5257.

Garcia Garcera, M., Gigli, E., Sánchez Quinto, F., Ramirez, O., Calafell, F., Civit, S. y Lalueza Fox, S. (2011). Fragmentation of contaminant and endogenous DNA in ancient samples determined by shotgun sequencing; prospects for human palaeogenomics. *Plos One*, 6(8), e24161.

García García, C. (1984). *Morfopaleopatología ósea del aborigen canario: estudio de huesos fémures*. Tesis doctoral inédita, Universidad de La Laguna.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23



Gaud, J. (1942). Contribution à l'étude ethnographique du Maroc. Répartition des groupes sanguins parmi les tribus des environs de Meknès. *Bull. Inst. Hyg Maroc*, 2, 37-52.

Geigl, E. M. (2008). Palaeogenetics of cattle domestication: Methodological challenges for the study of fossil bones preserved in the domestication centre in Southwest Asia. *Comptes Rendus Palevolution*, 7(2-3), 99-112.

Gilbert, M. T. P., Rudbeck, L., Willerslev, E., Hansen, A. J., Smith, C., Penkman, K. E. H., Prangenberg, K., Nielsen-Marsh, C. M., Jans, M. E., Arthur, P., Lynnerup, N., Turner-Walker, G., Biddle, M., Kjolbye-Biddle, B. y Collins, M. J. (2005). Biochemical and physical correlates of DNA contamination in archaeological human bones and teeth excavated at Matera, Italy. *Journal of Archaeological Science*, 32(5), 785-793.

Gilbert, M. T., Tomsho, L. P., Rendulic, S., Packard, M., Drautz, D. I., Sher, A., Tikhonov, A., Dalen, L., Kuznetsova, T., Kosintsev, P., Campos, P. F., Higham, T., Collins, M. J., Wilson, A. S., Shidlovskiy, F., Buigues, B., Ericson, P. G., Germonpre, M., Gotherstrom, A., Iacumin, P., Nikolaev, V., Nowak Kemp, M., Willerslev, E., Knight, J. R., Irzyk, G. P., Perbost, C. S., Fredrikson, K. M., Harkins, T. T., Sheridan, S., Miller, W. y Schuster, S. C. (2007). Whole-genome shotgun sequencing of mitochondria from ancient hair shafts. *Science*, 317(5846), 1927-1930.

Gilbert, M. T. P. y Willerslev, E. (2007). Rescuing ancient DNA. *Nature Biotechnology*, 25(8), 872-874.

Gonçaves, D., Granja, R., Alves-Cardoso, F. y Carvalho, A. F. (2016) All different, all equal: evidence of a heterogeneous

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Neolithic population at the Bom Santo Cave necropolis (Portugal). *Homo. Journal of Comparative Human Biology*, 67, 203–215.

González Reimers, E., Arnay de la Rosa, M. y Velasco Vázquez, J. (2005). Casos de síndrome de Klippel Feil en la población prehistórica de las islas de La Gomera y El Hierro. *Tabona*, 15, 195-205.

González Reimers, E., Mas Pascual, A., Arnay de la Rosa, M, Velásco Vázquez, J. y Jiménez Gómez, M. C. (2001). Klippel-Feil syndrome in the prehispanic population of El Hierro (Canary Islands). *Annals of the Rheumatic Diseases*, 60(2), 173.

Gonzalez-Reimers, E., Mas Pascual, M. A., Arnay de la Rosa, M., Velasco Vázquez, J., Santolaria Fernandez, F., y Machado Calvo, M. (2004). Noninvasive estimation of bone mass in ancient vertebrae. *American Journal of Physical Anthropology*, 125(2), 121-131.

González Reimers, E., Trujillo Mederos, A., Machado Calvo, M., Castañeyra Ruiz, M., Ordóñez, A.C. y Arnay de la Rosa (2015a). A skeletal case of hypertrophic osteoarthropathy from the Canary Islands dating from 1000 BP. *International Journal of Paleopathology*, 11, 1-6.

González Reimers, E., Trujillo Mederos, A., Ordóñez, A. C. y Arnay de la Rosa, M. (2015b). A case of calcaneal osteomyelitis from the prehispanic population of El Hierro (Canary Islands). *International Journal of Paleopathology*, 8(0), 36-41.

González Reimers, E., Trujillo Mederos, A., Ordóñez, A. C., Castañeyra Ruiz, M. y Arnay de la Rosa, M. (2015c). Sexual

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

dimorphism: a comparative study between the prehispanic inhabitants from El Hierro and other populations of the world. *European Journal of Anatomy*. 19. 57-64.

Guasch, J., Florensa, A., Díaz de Yraola, G., Gavilanes, C., Del Rio, R., Tabuenca, J., y Raichs, A. (1952). Los factores hemáticos en España, excepto en el País Vasco. *Med Clin*. (18), 268-271.

Guerra de Paz, F. y Sebastián Hernández Gutiérrez, A. (2008). *La cultura del agua en El Hierro. Gobierno de Canarias*. Tenerife: Consejería de Infraestructura, Transportes y Vivienda.

Guo, S. W., y Thompson, E. A. (1992). Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 48 (2), 361-372.

Hagelberg, E., Sykes, B. y Hedges, R. (1989). Ancient bone DNA amplified. *Nature*, 342(6249), 485-485.

Haile, J. (2012). Ancient DNA extraction from soils and sediments. *Methods in Molecular Biology*, 840, 57-63.

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

Handt, O., Hoss, M., Krings, M. y Pääbo, S.(1994). Ancient DNA - Methodological Challenges. *Experientia*, 50(6), 524-529.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Hänni, C., Begue, A., Laudet, V., Stéhelin, D., Brousseau, T., Amouyel, P. y Duday, H. (1995). Molecular typing of neolithic human bones. *Journal of Archaeological Science*, 22(5), 649-658.

Hansen, H. B., Damgaard, P. B., Margaryan, A., Stenderup, J., Lynnerup, N., Willerslev, E. y Allentoft, M. E. (2017). Comparing Ancient DNA Preservation in Petrous Bone and Tooth Cementum. *PLoS ONE*, 12(1), e0170940.

Harkins, K. M., Buikstra, J. E., Campbell, T., Bos, K. I., Johnson, E. D., Krause, J., y Stone, A. C. (2015). Screening ancient tuberculosis with qPCR: challenges and opportunities. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 370(1660).

Harper, K. N., y Armelagos, G. J. (2013). Genomics, the origins of agriculture, and our changing microbe-scape: time to revisit some old tales and tell some new ones. *American Journal of Physical Anthropology*, 152 Suppl 57, 135-152.

Harris, H. (1966). Enzyme Polymorphisms in Man. *Proceedings of the Royal Society Series B-Biological Sciences*, 164(995), 298.

Hernández Pérez, M.S. (1982). Consideraciones sobre el conjunto arqueológico de El Julan (El Hierro, Islas Canarias). *Instituto de Estudios Canarios. 50 Aniversario (1932-1982)*, 185-223.

Hernández Pérez, M. S. (2002). *El Julan (La Frontera, El Hierro, Islas Canarias). Estudios Prehispánicos, 10*. Dirección General de Patrimonio Histórico, Gobierno de Canarias.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Hervella, M., Svensson, E. M., Alberdi, A., Gunther, T., Izagirre, N., Munters, A. R., Alonso, S., Ioana, M., Ridiche, F., Soficaru, A., Jakobsson, M., Netea, M. G. y de-la-Rua, C. (2016). The mitogenome of a 35,000-year-old Homo sapiens from Europe supports a Paleolithic back-migration to Africa. *Scientific Reports*, 6, 25501.

Higgins, D., Rohrlach, A. B., Kaidonis, J., Townsend, G., y Austin, J. J. (2015). Differential nuclear and mitochondrial DNA preservation in post-mortem teeth with implications for forensic and ancient DNA studies. *Plos One*, 10(5), e0126935.

Higuchi, R., Bowman, B., Freiberger, M., Ryder, O. A. y Wilson, A. C. (1984). DNA- Sequences from the Quagga, an Extinct Member of the Horse Family. *Nature*, 312(5991), 282-284.

Hiller, J. C. y Wess, T. J. (2006). The use of small-angle X-ray scattering to study archaeological and experimentally altered bone. *Journal of Archaeological Science*, 33(4), 560-572.

Hofreiter, M. (2012). Nondestructive DNA extraction from museum specimens. *Methods in Molecular Biology*, 840, 93-100.

Hofreiter, M., Jaenicke, V., Serre, D., Haeseler A.V. y Pääbo, S. (2001a). DNA sequences from multiple amplifications reveal artifacts induced by cytosine deamination in ancient DNA. *Nucleic Acids Research*, 29(23), 4793-4799.

Hofreiter, M., Mead, J. I., Martin, P. y Poinar, H. N. (2003). Molecular Caving. *Current Biology*, 13(18), R693-R695.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Hofreiter, M., Serre, D., Poinar, H. N., Kuch, M., y Pääbo, S. (2001b). Ancient DNA. *Nature Reviews Genetics*, 2(5), 353-359.

Hooton, E.A. (2005). *Los primitivos habitantes de las Islas Canarias*. Traducción y notas de Emilio Abad Ripoll. Santa Cruz de Tenerife: Ediciones Idea.

Hubby, J. L., y Lewontin, R. C. (1966). A Molecular Approach to Study of Genic Heterozygosity in Natural Populations .I. Number of Alleles at Different Loci in *Drosophila Pseudoobscura*. *Genetics*, 54(2), 577.

Hurles, M. E., Veitia, R., Arroyo, E., Armenteros, M., Bertranpetit, J., Pérez-Lezaun, A., Bosch, E., Shlumukova, M., Cambon-Thomsen, A., McElreavey, K., de Munain, A. L., Rohl, A., Wilson, I. J., Singh, L. J., Pandya, A., Santos, F. R., Tyler-Smith, C. y Jobling, M. A. (1999). Recent male-mediated gene flow over a linguistic barrier in Iberia, suggested by analysis of a Y-chromosomal DNA polymorphism. *American Journal of Human Genetics*, 65(5), 1437-1448.

Jiménez Gómez, M. C. (1982). *Aproximación de la Prehistoria de El Hierro*. Madrid.

Jiménez Gómez, M. C. (1985). *Prehistoria de El Hierro*. Santa Cruz de Tenerife: Catálogo Exposición.

Jiménez Gómez, MC (1991): Magia y ritual en la prehistoria de El Hierro. *Tabona*, VII :159-177.

Jiménez Gómez, M. C. (1993). *El Hierro y los Bimbaches*. Santa Cruz de Tenerife: Centro de la Cultura Popular Canaria.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Jiménez Gómez, M. C. (2001). Los grabados rupestres del Barranco de Tejeleita, Valverde, El Hierro, Islas Canarias. *SPal*, 10, 343-362.

Jiménez Gómez, M.C.(2003): El mar en la mitología de los bimbaches. *Tabona* 12:137-158.

Jobling, M. A. y Tyler-Smith, C. (1995). Fathers and Sons - The Y-Chromosome and Human Evolution. *Trends in Genetics*, 11(11), 449-456.

Jobling, M. A. y Tyler-Smith, C. (2003). The human Y chromosome: An evolutionary marker comes of age. *Nature Reviews Genetics*, 4(8), 598-612.

Karafet, T. M., Mendez, F. L., Meilerman, M. B., Underhill, P. A., Zegura, S. L. y Hammer, M. F. (2008). New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Research*, 18(5), 830-838.

Kéfi, R., Stevanovitch, A., Bouzaid, E., y Béraud-Colomb, E. (2005). Diversité mitochondriale de la population de Taforalt (12.000 ans BP - Maroc): Une approche génétique à l'étude du peuplement de l'Afrique du nord. *Anthropologie*, XLIII(1), 1-11.

Kemp, B. M., Monroe, C., Judd, K. G., Reams, E. y Grier, C. (2014). Evaluation of methods that subdue the effects of polymerase chain reaction inhibitors in the study of ancient and degraded DNA. *Journal of Archaeological Science*, 42(0), 373-380.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Kemp, B. M., Monroe, C. y Smith, D. G. (2006). Repeat silica extraction: a simple technique for the removal of PCR inhibitors from DNA extracts. *Journal of Archaeological Science*, 33(12), 1680-1689.

Kemp, B. M., Monroe, C. y Smith, D. G. (2007). Extraction and Analysis of DNA from Archaeological Specimens. en M. D. Glascock, R. J. Speakman y R. S. Popelka Filcoff, *Archaeological Chemistry: Analytical Techniques and Archaeological Interpretation* (Vol. 968, pp. 78-98). Washington: American Chemical Society.

Kemp, B. M., y Smith, D. G. (2005). Use of bleach to eliminate contaminating DNA from the surface of bones and teeth. *Forensic Sci Int*, 154(1), 53-61.

Kim, K., Kim, K. Y., Jeon, E., Togloom, A., Cho, Y. O., Lee, M. S., Lkhagvasuren, G., Choi, J. H., Tumen, D., Park, A. J., Kim, K. C., Park, K. W., Kim, J. H., Noh, M., Yoo, K. J. y Lee, K. H. (2008). Technical note: improved ancient DNA purification for PCR using ion-exchange columns. *American Journal of Physical Anthropology*, 136(1), 114-121.

King, T. E., Fortes, G. G., Balaesque, P., Thomas, M. G., Balding, D., Maisano Delser, P., Neumann, R., Parson, W., Knapp, M., Walsh, S., Tonasso, L., Holt, J., Kayser, M., Appleby, J., Forster, P., Ekserdjian, D., Hofreiter, M. y Schurer, K. (2014). Identification of the remains of King Richard III. *Nature Communications*, 5, 5631.

Knapp, M. y Hofreiter, M. (2010). Next Generation Sequencing of Ancient DNA: Requirements, Strategies and Perspectives. *Genes (Basel)*, 1(2), 227-243.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23



Krause, J., Dear, P. H., Pollack, J. L., Slatkin, M., Spriggs, H., Barnes, I., Lister, A. M., Ebersberger, I., Pääbo, S. y Hofreiter, M. (2006). Multiplex amplification of the mammoth mitochondrial genome and the evolution of Elephantidae. *Nature*, 439(7077), 724-727.

Krüttli, A., Bouwman, A., Akgül, G., Della Casa, P., Rühli, F. y C. Warinner (2014). Ancient DNA Analysis Reveals High Frequency of European Lactase Persistence Allele (T-13910) in Medieval Central Europe. *PLoS ONE*, 9(1):e86251.

Kuch, M. y Poinar, H. (2012). Extraction of DNA from paleofeces. *Methods in Molecular Biology*, 840, 37-42.

Landsteiner, K. (1901). Über Agglutinationserscheinungen normalen menschlichen Blutes. *Wien Klin Wochenschr*, 14, 1132-1134.

Larsen, C. S. (2002). Bioarchaeology: The lives and lifestyles of past people. *Journal of Archaeological Research*, 10 (2), 119-166.

Le Canarien (B) y (G) (2003): *Le Canarien*: manuscritos, transcripción y traducción por Berta Pico, Eduardo Aznar y Dolores Corbella. *Fontes Rerum Canariorum*, XLI, La Laguna-Santa Cruz de Tenerife: Instituto de Estudios Canarios

Lindahl, T. (1993). Recovery of antediluvian DNA. *Nature*, 365(6448), 700.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Lindahl, T. (1997). Facts and artifacts of ancient DNA. *Cell*, 90(1), 1-3.

Linderholm, A. (2016). Ancient DNA: the next generation – chapter and verse. *Biological Journal of the Linnean Society*, 117(1), 150-160.

Maca Meyer, N. (2002). *Composición genética de poblaciones históricas y prehistóricas humanas de las Islas Canarias*. Tesis doctoral inédita. Departamento de Parasitología, Ecología y Genética. Universidad de la Laguna.

Maca Meyer, N., Arnay, M., Rando, J. C., Flores, C., Gonzalez, A. M., Cabrera, V. M., y Larruga, J. M. (2004a). Ancient mtDNA analysis and the origin of the Guanches. *European Journal of Human Genetics*, 12(2), 155-162.

Maca Meyer, N., Cabrera, V., Arnay de la Rosa, M., Flores, C., Fregel, R., González, A. M. y Larruga, J. M. (2005). Mitochondrial DNA diversity in 17th-18th century remains from Tenerife (Canary Islands). *American Journal of Physical Anthropology*, 127, 418-426.

Maca Meyer, N. González, A.M., Larruga, J.M. Flores, C. Cabrera, V. (2001). Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions. *Bmc Genetics*, 2, 13.

Maca-Meyer, N., Gonzalez, A. M., Pestano, J., Flores, C., Larruga, J. M., & Cabrera, V. M. (2003). Mitochondrial DNA transit between West Asia and North Africa inferred from U6 phylogeography. *BMC Genet*, 4, 15.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Maca-Meyer, N., Villar, J., Perez-Mendez, L., de Leon, A. C., y Flores, C. (2004b). A tale of aborigines, conquerors and slaves: Alu insertion polymorphisms and the peopling of Canary Islands. *Annals of Human Genetics*, 68, 600-605.

Macías Hernández A. M. (1988): Fuentes y principales problemas metodológicos de la demografía histórica de Canarias. *Anuario de Estudios Atlánticos*, 34:51-156.

Martin Rodriguez, E. (1992): *La Palma y los Auaritas*. Santa Cruz de Tenerife: Centro de la Cultura Popular de Canarias.

Martin de Guzman, C. (1980): El matriarcado insular. *Aguayro*, 123:6-8.

Martin de Guzman, C. (1982): Andamana o el matriarcado insular. En A. Millares Torres. *Biografías de canarios célebres. Completada con elaboraciones actuales de diversos especialistas I*. (pp. 56-62). Las Palmas de Gran Canaria: Edirca.

Maixner, F., Krause-Kyora, B., Turaev, D., Herbig, A., Hoopmann, M. R., Hallows, J. L., Kusebauch, U., Vigl, E. E., Malfertheiner, P., Megraud, F., O'Sullivan, N., Cipollini, G., Coia, V., Samadelli, M., Engstrand, L., Linz, B., Moritz, R. L., Grimm, R., Krause, J., Nebel, A., Moodley, Y., Rattei, T. y Zink, A. (2016). The 5300-year-old *Helicobacter pylori* genome of the Iceman. *Science*, 351(6269), 162-165.

Malmstrom, H., Stora, J., Dalen, L., Holmlund, G. y Gotherstrom, A. (2005). Extensive human DNA contamination in extracts from ancient dog bones and teeth. *Molecular Biology and Evolution*, 22(10), 2040-2047.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Margulies, M., Egholm, M., Altman, W. E., Attiya, S., Bader, J. S., Bembien, L. A., Berka, J., Braverman, M. S., Chen, Y. J., Chen, Z., Dewell, S. B., Du, L., Fierro, J. M., Gomes, X. V., Godwin, B. C., He, W., Helgesen, S., Ho, C. H., Irzyk, G. P., Jando, S. C., Alenquer, M. L., Jarvie, T. P., Jirage, K. B., Kim, J. B., Knight, J. R., Lanza, J. R., Leamon, J. H., Lefkowitz, S. M., Lei, M., Li, J., Lohman, K. L., Lu, H., Makhijani, V. B., McDade, K. E., McKenna, M. P., Myers, E. W., Nickerson, E., Nobile, J. R., Plant, R., Puc, B. P., Ronan, M. T., Roth, G. T., Sarkis, G. J., Simons, J. F., Simpson, J. W., Srinivasan, M., Tartaro, K. R., Tomasz, A., Vogt, K. A., Volkmer, G. A., Wang, S. H., Wang, Y., Weiner, M. P., Yu, P., Begley R. F. y Rothberg, J. M. (2005). Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors." *Nature*, 437(7057), 376-380.

Masserlin, A. L., Y. (1951). Groupes sanguins et facteur Rhésus au Maroc. *Bull. Inst. Hyg Maroc*, 11, 97-119.

Mas Pascual, M.A., González Reimers, E., Arnay de la Rosa, M., Lugo Fernández, M.J., Jiménez Gómez, M. C., y J. Velasco Vázquez (2000). Artrosis cervical en la población prehispanica de Punta Azul (El Hierro). *Estudios Canarios*, XLIV, 151-162.

Mas Pascual, A., Gonzalez Reimers, E., Pérez, E., Lugo, M. J., Arnay de la Rosa, M., Velasco Vázquez, J., y Jiménez Gómez, M. d. I. C. (1999). Espina Bífida en la población prehispanica de El Hierro (Islas Canarias). En *V Congreso Nacional de Paleopatología*, Alcalá la Real.

Matisoo-Smith, E. y Horsburgh, K.A. (2012). *DNA for Archaeologists*. Walnut Creek (CA): Left Coast Press.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Mesa Hernández, E. (2006): *Los aborígenes y el mar. Los concheros de Canarias*. I Premio de Investigación Histórica Juan Bethencourt Alfonso (2005), San Miguel de Abona, Tenerife.

Mendez Fernando L., Krahn, T., Schrack, B., Krahn, A. M., Krishna, R. Veeramah, A., Woerner, E., Forka Leypey, M., Fomine, N., Bradman, M. G., Thomas, T., Karafet, M. y Hammer, M. F. (2013). An African American Paternal Lineage Adds an Extremely Ancient Root to the Human Y Chromosome Phylogenetic Tree. *The American Journal of Human Genetics*, 92(3), 454-459.

Meyer, M., Arsuaga, J. L., de Filippo, C., Nagel, S., Aximu-Petri, A., Nickel, B., Martínez, I., Gracia, A., de Castro, J. M., Carbonell, E., Viola, B., Kelso, J., Prüfer, K. y Pääbo, S. (2016). Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature*, 531 (7595), 504-507.

Meyer, M., Fu, Q., Aximu-Petri, A., Glocke, I., Nickel, B., Arsuaga, J. L., Martínez, I., Gracia, A., de Castro, J. M., Carbonell, E. y Pääbo, S. (2014). A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. *Nature*, 505 (7483), 403-406.

Misner, L. M., Halvorson, A. C., Dreier, J. L., Ubelaker, D. H. y Foran, D. R. (2009). The correlation between skeletal weathering and DNA quality and quantity. *Journal of Forensic Sciences*, 54(4), 822-828.

Molak, M. y Ho, S. Y. (2011). Evaluating the impact of post-mortem damage in ancient DNA: a theoretical approach. *Journal of Molecular Evolution*, 73(3-4), 244-255.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Mora Aguiar, I. (2011-2012). Tejeleita: Un ejemplo de las manifestaciones rupestres del noreste de El Hierro. *Tabona: Revista de prehistoria y de arqueología*, 19, 59-99

Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saiki, R., Horn, G. y Erlich, H. (1986). Specific Enzymatic Amplification of DNA InVitro - The Polymerase Chain Reaction. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 51, 263-273.

Mullis, K. B. y Faloona, F. A. (1987). Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology*, 155, 335-350.

Navarro Mederos, J. F. (1997). Arqueología de las Islas Canarias. Espacio tiempo y forma. *Serie I, Prehistoria y Arqueología*, 10, 447-448.

Navarro Mederos, J F (1992): *Los Gomeros*. Una prehistoria insular. Dirección General de Patrimonio. Gobierno de Canarias.

Navarro Mederos, J.F., y Clavijo Redondo, M.A. (2001). La Comisaría de Excavaciones Arqueológicas en las Canarias Occidentales: sobre el balance y trascendencia de Luis Diego Cuscoy. *Faykag. Revista de Arqueología*, Año I, 2-18 (<http://faykag.cjb.net>).

Noonan, J. P., Coop, G., Kudaravalli, S., Smith, D., Krause, J., Alessi, J., Chen, F., Platt, D., Pääbo, S., Pritchard, J. K. y Rubin, E. M. (2006). Sequencing and Analysis of Neanderthal Genomic DNA. *Science*, 314 (5802), 1113.1118.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

O'Rourke, D. H., Hayes, M. G. Carlyle, S.W. (2000). Ancient DNA studies in physical anthropology. *Annual Review of Anthropology*, 29, 217-242.

Oh, C. S., Lee, S. J., Park, J. B., Lee, S. D., Seo, S. B., Kim, H. Y., Kim, J., Kim, Y. S. y Shin, D. H. (2012). Autosomal Short Tandem Repeat Analysis of Ancient DNA by Coupled Use of Mini- and Conventional STR Kits. *Journal of Forensic Sciences*, 57(3), 820-825.

Oh, C. S., Lee, S. D., Shin, K. J. y Shin, D. H. (2015). Effectiveness of Coupled Application of AmpFISTR Y-filer Kit and Reduced Size Y-chromosomal Short Tandem Repeat Analysis for Archeological Human Bones. *Journal of Forensic Science*, 61(2), 430-438

Onrubia Pintado, J. (2003): *La isla de los Guanartemes. Territorio, sociedad y poder en la Gran Canaria indígena (siglos XIV-XV)*. Cabildo de Gran Canaria.

Ordóñez, A. C. (2014). Origen norteafricano de las poblaciones canarias. *Almogaren*, 54, 129.

Ordóñez, A. C., Arnay de la Rosa, M., Fregel, R., Ramos Pérez, G., Gonzalez Reimers , E. y Pestano, J. (2015). Use of Molecular Genetic Procedures for Sex Determination in 'Guanches' Children's Remains. En M. Sánchez Romero, E. Alarcón García y G. Aranda Jiménez (Eds.), *Children, Spaces and Identity* (pp. 218 - 229 ). Oxford: Oxbow Books.

Ordóñez, A. C., Arnay de la Rosa, M., Fregel, R., Trujillo Mederos, A., Pestano, J. y González Reimers, E. (2013). Genetic

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

sexing to determine the optimal discriminant functions for the analysis of archaeological remains from El Hierro (Canary Islands). *Journal of Archaeological Science*, 40(12), 4411-4419.

Ordóñez, A. C., Fregel, R., Arnay de la Rosa, M., y Trujillo-Mederos, A. (2011). La Necrópolis de la Cueva de Montaña Mina (Lanzarote, Islas Canarias). En *XVII Congreso de la SEAF*, Barcelona.

Ordóñez, A. C., Pérez, A. R., Fregel, R., Gámez Mendoza, A. y Arnay de la Rosa, M. (2014). Análisis genético y documental de las poblaciones de origen africano en la sociedad canaria del siglo XVIII y su relación con el tráfico de esclavos. *XXI Coloquio de historia canario americana*, Las Palmas de Gran Canaria.

Ordóñez, A. C., Trujillo Mederos, A., Ramos Pérez, G. y Álvarez, N. (2010). Protocolos para la recogida de muestras en restos bioantropológicos. El caso del Tolmo de Minateda. En *JIA 2010*. Barcelona.

Oskam, C. L. y Bunce, M. (2012). DNA extraction from fossil eggshell. *Methods in Molecular Biology*, 840, 65-70.

Otoni, C., Primativo, G., Hooshar Kashani, B., Achilli, A., Martínez Labarga, C., Biondi, G., Torroni, A. y Rickards, O. (2010). Mitochondrial Haplogroup H1 in North Africa: An Early Holocene Arrival from Iberia. *Plos One*, 5(10), e13378.

Ozga, A. T., Nieves-Colon, M. A., Honap, T. P., Sankaranarayanan, K., Hoffman, C. A., Milner, G. R., Lewis, Jr. C. M., Stone A. C. y Warinner, C. (2016). Successful enrichment and recovery of whole mitochondrial genomes from ancient human

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015. Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23



dental calculus." *American Journal of Physical Anthropology*, 160 (2), 220-228.

Pääbo, S. (1985). Molecular-Cloning Of Ancient Egyptian Mummy DNA. *Nature*, 314(6012), 644-645.

Pääbo, S., Gifford, J. A. y Wilson, A. C. (1988). Mitochondrial DNA sequences from a 7000-year old brain. *Nucleic Acids Research*, 16(20), 9775-9787.

Pääbo, S., Poinar, H., Serre, D., Jaenicke-Despres, V., Hebler, J., Rohland, N., Kuch, M., Krause, J., Vigilant, L. y Hofreiter, M. (2004). Genetic analyses from ancient DNA. *Annual Review of Genetics*, 38, 645-679.

Pakendorf, B. y Stoneking, M. (2005). Mitochondrial DNA and human evolution. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 6, 165-183.

Parejo, M. (1966). El sistema AB0 en la población actual de las Islas Canarias. *Actas del V Congreso Panafricano de prehistoria y estudios del Cuaternario II*.

Pereira, L., Cerny, V., Cerezo, M., Silva, N. M., Hajek, M., Vasikova, A., Kujanova, M., Brdicka, R. y Salas, A. (2010). Linking the sub-Saharan and West Eurasian gene pools: maternal and paternal heritage of the Tuareg nomads from the African Sahel. *European Journal of Human Genetics*, 18(8), 915-923.

Pérez Saavedra, F. (1989). *La mujer en la sociedad indígena de Canarias*. La Laguna.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Pérez Saavedra, F. (1995): La aventura de Avendaño y el episodio de Ico. *Anuario de Estudios Atlánticos*, 32, 417-443.

Pilli, E., Modi, A., Serpico, C., Achilli, A., Lancioni, H., Lippi, B., Bertoldi, F., Gelichi, S., Lari, M. y Caramelli, D. (2013). Monitoring DNA Contamination in Handled vs. Directly Excavated Ancient Human Skeletal Remains. *PLoS One*, 8(1), e52524.

Pinhasi, R., Fernandes, D., Sirak, K., Novak, M., Connell, S., Alpaslan-Roodenberg, S., Gerritsen, F., Moiseyev, V., Gromov, A., Raczky, P., Anders, A., Pietrusewsky, M., Rollefson, G., Jovanovic, M., Trinhhoang, H., Bar-Oz, G., Oxenham, M., Matsumura, H. y Hofreiter, M. (2015). Optimal Ancient DNA Yields from the Inner Ear Part of the Human Petrous Bone. *Plos One*, 10(6), 13.

Pinto, F., Cabrera, V. M., Gonzalez, A. M., Larruga, J. M., Noya, A., y Hernandez, M. (1994). Human Enzyme Polymorphism in the Canary Islands. Northwest African Influence. *Human Heredity*, 44(3), 156-161.

Pinto, F., Gonzalez, A. M., Hernandez, M., Larruga, J. M., y Cabrera, V. M. (1996a). Genetic relationship between the Canary Islanders and their African and Spanish ancestors inferred from mitochondrial DNA sequences. *Annals of Human Genetics*, 60, 321-330.

Pinto, F., Rando, J. C., Lopez, M., Morilla, J. M., y Larruga, J. M. (1996b). Blood group polymorphisms in the Canary Islands. *Gene Geogr*, 10, 171-179.

Poinar, H. N. (2002). The genetic secrets some fossils hold. *Accounts of Chemical Research*, 35(8), 676-684.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Poznik, G. D., Henn, B. M., Yee, M. C., Sliwerska, E., Euskirchen, G. M., Lin, A. A., Snyder, M., Quintana-Murci, L., Kidd, J. M., Underhill, P. A. y Bustamante, C. D. (2013). Sequencing Y Chromosomes Resolves Discrepancy in Time to Common Ancestor of Males Versus Females. *Science*, 341(6145), 562-565.

Prufer, K., Racimo, F., Patterson, N., Jay, F., Sankararaman, S., Sawyer, S., Heinze, A., Renaud, G., Sudmant, P. H., de Filippo, C., Li, H., Mallick, S., Dannemann, M., Fu, Q., Kircher, M., Kuhlwilm, M., Lachmann, M., Meyer, M., Ongyerth, M., Siebauer, M., Theunert, C., Tandon, A., Moorjani, P., Pickrell, J., Mullikin, J. C., Vohr, S. H., Green, R. E., Hellmann, I., Johnson, P. L., Blanche, H., Cann, H., Kitzman, J. O., Shendure, J., Eichler, E. E., Lein, E. S., Bakken, T. E., Golovanova, L. V., Doronichev, V. B., Shunkov, M. V., Derevianko, A. P., Viola, B., Slatkin, M., Reich, D., Kelso, J. y Pääbo, S. (2014). The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature*, 505 (7418), 43-49.

Pruvost, M. y Geigl, E. M. (2004). Real-time quantitative PCR to assess the authenticity of ancient DNA amplification. *Journal of Archaeological Science*, 31(9): 1191-1197.

Quatrefages de, A. y Hamy, E. T. (1874). Races humaines fossiles, Race de Cro-Magnon. *Comptes rendus de l'Academie des Sciences de Paris*, 78, 861-867.

Rando, J. C., Cabrera, V. M., Larruga, J. M., Hernandez, M., Gonzalez, A. M., Pinto, F., y Bandelt, H. J. (1999). Phylogeographic patterns of mtDNA reflecting the colonization of the Canary Islands. *Annals of Human Genetics*, 63, 413-428.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Rasmussen, M., Anzick, S. L., Waters, M. R., Skoglund, P., DeGiorgio, M., Stafford, T. W., Rasmussen, Jr., S., Moltke, I., Albrechtsen, A., Doyle, S. M., Poznik, G. D., Gudmundsdottir, V., Yadav, R., Malaspina, A. S., White, S. S. t., Allentoft, M. E., Cornejo, O. E., Tambets, K., Eriksson, A., Heintzman, P. D., Karmin, M., Korneliusson, T. S., Meltzer, D. J., Pierre, T. L., Stenderup, J., Saag, L., Warmuth, V. M., Lopes, M. C., Malhi, R. S., Brunak, S., Sicheritz-Ponten, T., Barnes, I., Collins, M., Orlando, L., Balloux, F., Manica, A., Gupta, R., Metspalu, M., Bustamante, C. D., Jakobsson, M., Nielsen R. y Willerslev, E. (2014). The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana. *Nature*, 506(7487), 225-229.

Reich, D., Green, R. E., Kircher, M., Krause, J., Patterson, N., Durand, E. Y., Viola, B., Briggs, A. W., Stenzel, U., Johnson, P. L., Maricic, T., Good, J. M., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Fu, Q., Mallick, S., Li, H., Meyer, M., Eichler, E. E., Stoneking, M., Richards, M., Talamo, S., Shunkov, M. V., Derevianko, A. P., Hublin, J. J., Kelso, J., Slatkin, M. y Pääbo, S. (2010). Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*, 468(7327), 1053-1060.

Reiss, R. A. (2006). Ancient DNA from ice age insects: proceed with caution. *Quaternary Science Reviews*, 25(15-16), 1877-1893.

Richards, M., Macaulay, V., Hickey, E., Vega, E., Sykes, B., Guida, V., Rengo, C., Sellitto, D., Cruciani, F., Kivisild, T., Villems, R., Thomas, M., Rychkov, S., Rychkov, O., Rychkov, Y., Golge, M., Dimitrov, D., Hill, E., Bradley, D., Romano, V., Cali, F., Vona, G., Demaine, A., Papiha, S., Triantaphyllidis, C., Stefanescu, G., Hatina, J., Belledi, M., Di Rienzo, A., Novelletto, A., Oppenheim, A.,

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Norby, S., Al-Zaheri, N., Santachiara-Benerecetti, S., Scozzari, R., Torroni, A. y Bandelt, H. J. (2000). Tracing European founder lineages in the near eastern mtDNA pool. *American Journal of Human Genetics*, 67(5), 1251-1276.

Roberts, D. F. E., M. Ikin, E.W. y Mourant, A.E. (1966). Blood groups and the affinities of the canarian islanders. *Man*, 1, 512-525.

Roberts, C., y Ingham, S. (2008). Using Ancient DNA Analysis in Paleopathology: A Critical Analysis of Published Papers, with Recommendations for Future Work. *International Journal of Osteoarchaeology*, 18(6), 600-613.

Rodríguez Rodríguez, A. (2006). Cuestiones de sexo en Arqueología. El pasado pre-europeo de las islas desde una perspectiva de género. *El Pajar. cuaderno de Etnografía Canaria*, 21, 107-118.

Rompler, H., Dear, P. H., Krause, J., Meyer, M., Rohland, N., Schoneberg, T., Spriggs, H., Stiller, M. y Hofreiter, M. (2006). Multiplex amplification of ancient DNA. *Nature Protocols*, 1(2), 720-728.

Rösing, I. (1967). ABO-Blutgruppen und Rh-Faktoren auf Teneriffa unter besonderer Berücksichtigung des Vergleichs zwischen vorspanischen und heutiger Bevölkerung. *Homo*, 18.

Roubinet, F., Kermarrec, N., Despiau, S., Apoil, P. A., Dugoujon, J. M. y Blancher, A. (2001). Molecular polymorphism of O alleles in five populations of different ethnic origins. *Immunogenetics*, 53(2), 95-104.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Ruíz González, M. T. (2008). El territorio de los antiguos bimbaches / Algunas cuestiones en torno al territorio de Esero. En *VI Congreso de Patrimonio Histórico: 'Arqueología en Canarias, Territorio y Sociedad'*, Lanzarote.

Sampietro, M. L., Gilbert, M. T. P., Lao, O., Caramelli, D., Lari, M., Bertranpetit, J. y Lalueza-Fox, C. (2006). Tracking down human contamination in ancient human teeth. *Molecular Biology and Evolution*, 23(9), 1801-1807.

Sánchez Quinto, F., Lalueza Fox, C. (2015). Almost 20 years of Neanderthal palaeogenetics: adaptation, admixture, diversity, demography and extinction. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 370 (1660), 20130374.

Santana, J., Fregel, R., Lightfoot, E., Morales, J., Alamon, M., Guillen, J., Moreno, M. y Rodríguez, A. (2016). The early colonial atlantic world: New insights on the African Diaspora from isotopic and ancient DNA analyses of a multiethnic 15th-17th century burial population from the Canary Islands, Spain. *American Journal of Physical Anthropology*, 159(2), 300-312.

Santos, C., Fregel, R., Cabrera, V. M., Gonzalez, A. M., Larruga, J. M., y Lima, M. (2010). Mitochondrial DNA Patterns in the Macaronesia Islands: Variation Within and Among Archipelagos. *American Journal of Physical Anthropology*, 141(4), 610-619.

Schlumbaum, A., Tensen, M., y Jaenicke-Despres, V. (2008). Ancient plant DNA in archaeobotany. *Vegetation History and Archaeobotany*, 17(2), 233-244.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Schwarzfischer, F. L. y Liebrich K. (1963). Serologische Untersuchungen an prähistorischen Bevölkerungen, insbesondere an altkanarischen Mumien. *Homo*, 14, 129-133.

Schwidetzky, I. (1963). La población prehispánica de las Islas Canarias. *Publicaciones del Museo Arqueológico*, 4. Santa Cruz de Tenerife.

Schuenemann, V. J., Peltzer, A., Welte, B., van Pelt, W. P., Molak, M., Wang, C., Furtwängler, A., Urban, C., Reiter, E., Nieselt, K., Temann, B., Francken, M., Harvati, K., Haak, W., Schiffels, S. y Krause, J. (2017): Ancient Egyptian mummy genomes suggest an increase of Sub-Saharan African ancestry in post-Roman periods. *Nature Communications*, 8, 15694.

Secher, B., Fregel, R., Larruga, J. M., Cabrera, V. M., Endicott, P., Pestano, J. J., y Gonzalez, A. M. (2014). The history of the North African mitochondrial DNA haplogroup U6 gene flow into the African, Eurasian and American continents. *BMC Evol Biol*, 14, 109.

Seifert, L., Wiechmann, I., Harbeck, M., Thomas, A., Grupe, G., Projahn, M., Scholz, H. C. y Riehm, J. M. (2016). Genotyping *Yersinia pestis* Historical Plague: Evidence for Long-Term Persistence of *Y. pestis* in Europe from the 14th to the 17th Century. *Plos One*, 11(1), e0145194.

Semino, O., Magri, C., Benuzzi, G., Lin, A. A., Al-Zahery, N., Battaglia, V., Maccioni, L., Triantaphyllidis, C., Shen, P. D., Oefner, P. J., Zhivotovsky, L. A., King, R., Torroni, A., Cavalli-Sforza, L. L., Underhill, P. A. y Santachiara-Benerecetti, A. S. (2004).

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214	Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Origin, diffusion, and differentiation of Y-chromosome haplogroups E and J: Inferences on the neolithization of Europe and later migratory events in the Mediterranean area. *American Journal of Human Genetics*, 74(5), 1023-1034.

Simón, M., Armentano, N., Afonso, C., y Malgosa, A. (2017). La Menorca talayótica desde el punto de vista genético: la necrópolis de la Cova des Pas. *Trabajos de Prehistoria*, 73 (2), 17.

Slatkin, M. (1995). A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*, 139(1), 457-462.

Smith, C. I., Chamberlain, A. T., Riley, M. S., Cooper, A., Stringer, C. B. y Collins, M. J. (2001). Neanderthal DNA. Not just old but old and cold? *Nature*, 410(6830), 771-772.

Smith, C. I., Chamberlain, A. T., Riley, M. S., Stringer, C. y Collins M. J. (2003). The thermal history of human fossils and the likelihood of successful DNA amplification. *Journal of Human Evolution*, 45(3), 203-217.

Soares, P., Ermini, L., Thomson, N., Mormina, M., Rito, T., Röhl, A., Salas, A., Oppenheimer, S., Macaulay, V. y Richards, M. B. (2009). Correcting for Purifying Selection: An Improved Human Mitochondrial Molecular Clock. *American Journal of Human Genetics*, 84(6), 740-759.

Sosa, C., Vispe, E., Nunez, C., Baeta, M., Casalod, Y., Bolea, M., Hedges, R. E. y Martinez Jarreta, B. (2013). Association between ancient bone preservation and DNA yield: a

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23



multidisciplinary approach. *American Journal of Physical Anthropology*, 151(1), 102-109.

Springer, R. A. (2001). *Origen y uso de la escritura líbico-beréber en Canarias*. Santa Cruz de Tenerife: Centro de la Cultura Popular Canaria.

Springer, R. A. (2010). *Las manifestaciones rupestres canarias: claves para una comprensión de su procedencia*. En VII Congreso de Patrimonio Histórico. *Inscripciones Rupestres y poblamiento del Archipiélago canario*. Arrecife, Lanzarote.

Stiller, M. y Fulton, T. L. (2012). Multiplex PCR amplification of ancient DNA. *Methods in Molecular Biology*, 840, 133-141.

Stiller, M., Green, R. E., Ronan, M., Simons, J. F., Du, L., He, W., Egholm, M., Rothberg, J. M., Keats, S. G., Ovodov, N. D., Antipina, E. E., Baryshnikov, G. F., Kuzmin, Y. V., Vasilevski, A. A., Wuenschell, G. E., Termini, J., Hofreiter, M., Jaenicke-Despres, V. y Pääbo, S. (2006). Patterns of nucleotide misincorporations during enzymatic amplification and direct large-scale sequencing of ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(37), 13578-13584.

Stone, A. C. y Stoneking, M. (1993). Ancient DNA from a pre-Columbian Amerindian population. *American Journal of Physical Anthropology*, 92(4), 463-471.

Stoneking, M. y Krause, J. (2011). Learning about human population history from ancient and modern genomes. *Nature Reviews Genetics*, 12(9), 603-614.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Tejera Gaspar (1989) Parentesco, familia y matrimonio en las culturas prehistóricas de las Islas Canarias. En J.C. Bermejo (coord.) *Parentesco, familia y matrimonio en la historia de Galicia*. Tórculo Ediciones.

Tejera Gaspar, A. (1993). Les inscriptions libiques-bereberes des Îles Canaries. *Memoire della Società Italiana di Scienze Naturali e del Museo Civico di Storia Naturale de Milano*, XXV(II), 381-385.

Tejera Gaspar, A. y Montesdeoca, M. (2004): *Religión y mito de los antiguos canarios*. Santa Cruz de Tenerife: Artemisa Ediciones.

Thomsen M. N., Schneider, U., Weber M., Johainnisson, R., Niethard, F. U., (1997). Scoliosis and congenital anomalies associated with Klippel-Feil Syndrome types I-III. *Spine*, 22, 396-401.

Thomson, R., Pritchard, J. K., Shen, P. D., Oefner, P. J. y Feldman, M. W. (2000). Recent common ancestry of human Y chromosomes: Evidence from DNA sequence data. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(13), 7360-7365.

Tishkoff, S. A., Dietzsch, E., Speed, W., Pakstis, A. J., Kidd, J. R., Cheung, K., BonneTamir, B., Santachiara Benerecetti, A. S., Moral, P., Krings, M., Pääbo, S., Watson, E., Risch, N., Jenkins, T. y Kidd, K. K. (1996). Global patterns of linkage disequilibrium at the CD4 locus and modern human origins. *Science*, 271(5254), 1380-1387.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Tamariz, J., Voynarovska, K., Prinz, M., y Caragine, T. (2006). The application of ultraviolet irradiation to exogenous sources of DNA in plasticware and water for the amplification of low copy number DNA. *Journal of Forensic Sciences*, 51(4), 790-794

Torriani, L. (1978): *Descripción e Historia del Reino de las Islas Canarias antes Afortunadas, con el parecer de sus fortificaciones*. Santa Cruz de Tenerife: Goya Ediciones

Torroni, A., Achilli, A., Macaulay, V., Richards, M. y Bandelt, H. J. (2006). Harvesting the fruit of the human mtDNA tree. *Trends in Genetics*, 22(6), 339-345.

Trujillo Mederos, A. (2010): *Alteraciones y manipulaciones en el registro bioantropológico de la necrópolis bimbache de Punta Azul (El Hierro): un análisis preliminar*. Trabajo inédito de fin de Master. Universidad de Granada.

Trujillo Mederos, A., Arnay de la Rosa, M., González Reimers, E., Carmona Calero, E., González Toledo, M., Castañeyra Ruiz, M., Ordóñez, A.C., Castañeyra Perdomo, A. (2013). Tibial marks in bare tibiae: relationship with robusticity indices. *European Journal of Anatomy*, 17, 9-16.

Ubelaker, D. (1989). *Human Skeletal Remains. Excavation, Analysis, Interpretation*. Washington: Taraxacum.

Underhill, P. A. y Kivisild, T. (2007). Use of Y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations. *Annual Review of Genetics*, 41, 539-564.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Underhill, P. A., Shen, P. D., Lin, A. A., Jin, L., Passarino, G., Yang, W. H., Kauffman, E., Bonne-Tamir, B., Bertranpetit, J., Francalacci, P., Ibrahim, M., Jenkins, T., Kidd, J. R., Mehdi, S. Q., Seielstad, M. T., Wells, R. S., Piazza, A., Davis, R. W., Feldman, M. W., Cavalli-Sforza L. L. y Oefner, P. J. (2000). Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nature Genetics*, 26(3), 358-361.

Underhill, P. A., Passarino, G., Lin, A. A., Shen, P., Lahr, M. M., Foley, R. A., Oefner, P. J. y Cavalli-Sforza, L. L. (2001). The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Annals of Human Genetics*, 65, 43-62.

van Oorschot, R. A., Ballantyne, K. N., & Mitchell, R. J. (2011). Forensic Trace DNA: a review. *Investigative Genetics*, 1, 14.

Van Oven, M. y Kayser, M. (2009). Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 30(2), E386-394.

Velasco Vázquez, J. (2015). Más allá del horizonte: una "perspectiva humana" del poblamiento de Canarias. En J.A. Farrujia de la Rosa (ed), *Enfoques interdisciplinarios sobre el poblamiento indígena de Canarias* (pp.25-75). Las Palmas de Gran Canaria: Idea.

Velasco Vázquez, J., Arnay de la Rosa, M., González Reimers, E. y Hernandez Torres, O. (1997). Paleodietary analysis on the prehistoric population of El Hierro (Canary Islands). *Biological Trace Element Research*, 60(3), 235-241.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23

Velasco Vázquez, J., Gonzalez Reimers, E., Arnay de la Rosa, M., Barros López, N., Martin Rodríguez, E. y Santolaria Fernández, F. (1999). Bone histology of prehistoric inhabitants of the Canary Islands: comparison between El Hierro and Gran Canaria. *American Journal of Physical Anthropology* ,110 (2), 201-213.

Velasco Vázquez, J., Hernández Gómez, C., Alberto Barroso (2002): Dataciones arqueológicas contra tiempos sociales. Reflexiones sobre cronología y prehistoria de Canarias. *Tabona*, 10:31-46.

Velasco Vázquez, J., Ruíz González, T., y Sánchez Perera, S. (2005). *El Lugar de los antepasados, La necrópolis bimbape de montaña La Lajura*. El Hierro: Cabildo Insular de El Hierro.

Verneau, R. (1879). Habitations et sépultures des anciens habitants des Îles Canaries. *Rev. d'Anthropologie 2ème série*, T.II, 250-264.

Verneau, R. (1881). Sur l'ouvrage de M. Sabin Berthelot, intitulé: Antiquités canariennes. *Bulletin de la Société d'Anthropologie de Paris*, T.IV (3ª serie),320-329.

Verneau, R. (1887). La taille des anciens habitants des Îles Canaries. *Rev. d'Anthropologie*, 3, 641-657.

Verneau, R. (1891). *Cinq années de séjour aux Îles Canaries*. Paris: Hannuyer.

Wayne, R. K., Leonard, J. A. y Cooper, A. (1999). Full of sound and fury: The recent history of ancient DNA. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 30, 457-477.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214

Código de verificación: vACJKdfr

Firmado por:	Fecha:
ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	04/07/2017 18:28:23

Willerslev, E. y Cooper, A. (2005). Ancient DNA. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 272(1558), 3-16.

Willerslev, E., Hansen, A. J., Binladen, J., Brand, T. B., Gilbert, M. T. P., Shapiro, B., Bunce, M., Wiuf, C., Gilichinsky, D. A. y Cooper, A. (2003). Diverse plant and animal genetic records from Holocene and Pleistocene sediments. *Science*, 300(5620), 791-795.

Wilson, A. S., Taylor, T., Ceruti, M. C., Chavez, J. A., Reinhard, J., Grimes, V., Meier-Augenstein, W., Cartmell, L., Stern, B., Richards, M. P., Worobey, M., Barnes, I. y Gilbert, M. T. (2007). Stable isotope and DNA evidence for ritual sequences in Inca child sacrifice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104(42), 16456-16461.

Wölfel, D.J. (1953): Le problème des rapports du guanche et du berbère, *Hesperis XL*, 523-527.

Wolinsky, H. (2013). The A to T of historical evidence. Historians, archaeologists and geneticists are teaming up to answer historical questions. *EMBO Reports*, 14 (8), 679-682.

Yamamoto, F., Clausen, H., White, T., Marken, J., y Hakomori, S. I. (1990a). Molecular Genetic-Basis of the Histo-blood Group ABO System. *Nature*, 345(6272), 229-233.

Yamamoto, F., Marken, J., Tsuji, T., White, T., Clausen, H., y Hakomori, S. (1990b). Cloning and Characterization of DNA Complementary to Human UDP-GALNAC - FUC-ALPHA-1- 2GAL ALPHA-3GALNAC Transferase (Histo-Blood Group-A Transferase)

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento:	Código de verificación:	Fecha:
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA	968214	vACJKdfr
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:23:41
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
		04/07/2017 18:28:23

Messenger-RNA. *Journal of Biological Chemistry*, 265(2), 1146-1151.

Yang, H. (1997). Ancient DNA from Pleistocene fossils: Preservation, recovery, and utility of ancient genetic information for quaternary research. *Quaternary Science Reviews*, 16(10), 1145-1161.

Yip, S. P. (2002). Sequence variation at the human ABO locus. *Annals of Human Genetics*, 66, 1-27.

Zurara, G. E. (1998) *Crónica del descubrimiento y conquista de Guinea. Estudio crítico por M. Hernández González y traducción de J. A. Delgado Luis*. Ayuntamiento de Puerto de la Cruz-Ayuntamiento de la Orotava.

Este documento incorpora firma electrónica, y es copia auténtica de un documento electrónico archivado por la ULL según la Ley 39/2015.  
Su autenticidad puede ser contrastada en la siguiente dirección <https://sede.ull.es/validacion/>

Identificador del documento: 968214		Código de verificación: vACJKdfr
Firmado por: ALEJANDRA CALDERON ORDOÑEZ UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		Fecha: 28/06/2017 11:23:41
AGUSTIN LORENZO CASTAÑEYRA PERDOMO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 11:30:20
MATILDE MERCEDES ARNAY DE LA ROSA UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 12:26:25
ROSA IRENE FREGEL LORENZO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		28/06/2017 17:27:50
ERNESTO PEREDA DE PABLO UNIVERSIDAD DE LA LAGUNA		04/07/2017 18:28:23