

XX CONGRESO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE ANTROPOLOGÍA FÍSICA

Barcelona, 12-14 Julio 2017

UAB
Universitat Autònoma
de Barcelona



Libro de Resúmenes

0

ÍNDICE

1. Comités	3
2. Programa.....	5
3. International Symposium. Genomics in Anthropology: new challenges and opportunities	18
4. Resúmenes.....	24
4.1. Resúmenes Orales	25
4.2. Resúmenes Pósters.....	100

COMITÉS

Comité de Honor

- **Sr. Jordi Baiget i Cantons**, Hble. Sr. Conseller del Departament d'Empresa i Coneixement, de la Generalitat de Catalunya
- **Dra. Margarita Arboix**, Magnífica Rectora de la Universitat Autònoma de Barcelona
- **Dr. Jaume Farrés**, Ilustrísimo Señor Decano de la Facultad de Biociencias de la Universitat Autònoma de Barcelona
- **Dra. Esther Rebato**, Presidenta de la Sociedad Española de Antropología física

Comité organizador

Unidad de Antropología
Departamento de Biología Animal, de Biología Vegetal y de Ecología, UAB.

- M. Pilar Aluja
- Assumpció Malgosa
- Gemma Armengol
- Joan Francesc Barquinero
- M. Rosa Caballín
- Cristina Santos
- M. Eulàlia Subirà

Comité científico

- **Dr. Santos Alonso**, Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal, Universidad del País Vasco
- **Dr. Jaume Bertranpetti**, Institut de Biología Evolutiva. Universitat Pompeu Fabra
- **Dr. Miguel Botella**, Departamento de Medicina Legal, Toxicología y Antropología Física, Universidad de Granada
- **Dra. M. Rosa Caballín**, Unitat d'Antropologia biològica. Dpt. de Biología Animal, Biología Vegetal i Ecología, Universitat Autònoma de Barcelona
- **Dra. Rosario Calderón**, Departamento de Zoología y Antropología Física, Universidad Complutense de Madrid
- **Dr. Raúl Carnese**, Instituto de Antropología, Sección Antropología Biológica, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires, Argentina
- **Dr. Eric Crubézy**, Laboratoire d'Anthropobiologie Moléculaire et d'Imagerie de Synthèse Toulouse
- **Eugenia Cunha**, Research Centre for Anthropology and Health, Universidade de Coimbra, Portugal
- **Paolo Francalacci**, Dipartimento di Zoologia e Genetica Evoluzionista, Università di Sassari, Italia
- **Dra. Clara García Moro**, Unitat d'Antropologia, Dpt. de Biología Animal, Universitat de Barcelona
- **Carlos García Sívori**, Instituto de Investigaciones Bioantropológicas y Arqueológicas de la Universidad de Los Andes, Venezuela
- **Dra. Esperanza Gutierrez**, Departamento de Zoología y Antropología Física, Universidad de Alcalá de Henares
- **Dra. Belén López**, Dpto. Biología de organismos y sistemas, Universidad de Oviedo
- **Dr. Pedro Moral**, Unitat d'Antropologia, Dpt. de Biología Animal, Universitat de Barcelona
- **Pilar Montero**, Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid
- **Rafael Montiel**, Langebio, Unidad de Genómica avanzada, CINVESTAV-IPN, Irapuato, México
- **Salvador Moya**, Institut Català de Paleontología
- **Dr. Alejandro Romero**, Dpto. Bioteconología, Universidad de Alicante

2

PROGRAMA

Miércoles, 12 de julio

08:30 – 09:00	Recogida de documentación del Congreso y/o Simposio
SALA PLENARIA - SALAS CAPRI + MEDES	
09:00 – 09:15	Welcome to the Symposium Chairs: <i>Dra. Cristina Santos & Dr. David Comas</i>
09:15 – 09:55	Presentation <i>Dr. Ivo Gut: “New developments on DNA sequencing”</i>
09:55 – 10:30	Presentation <i>Dr. Lluís Quintana – Murci: “The Genomic and Adaptive History of Human Populations: Immune Responses and Pathogen Pressures”</i>
10:30 – 11:15	Presentation <i>Dr. Paolo Francalacci: “A Genetic GPS for tracing the origin of ancient human remains”</i>
11:15 – 11:45	Pausa café
11:45 – 12:25	Presentation <i>Dr. Garret Hellenthal: “Using DNA to infer details of human history”</i>
12:25 – 13:05	Presentation <i>Dr. Tomàs Marquès – Bonet: “Great ape genomic variation and population history”</i>
13:05 – 13:30	Open Discussion and final remarks
13:30 – 15:00	Pausa
15:00 – 15:15	Inauguración Congreso
15:15 – 16:15	Conferencia <i>Dr. Paolo Francalacci</i>
16:15 – 16:45	Pausa café

Sesiones orales

Antropología Molecular

16:45
-
19:30
SALA
CORFU

Juan Manuel Bajo: Presencia Africana en Córdoba (Argentina). Una perspectiva interdisciplinat desde la historia, la demografía y la genética

Jaume Bertranpetit: Towards the understanding of the genetic bases of complex adaptations in humans

Cristina Beatriz Dejean: Heterogeneidad en la distribución de linajes maternos en poblaciones precolombinas del actual territorio argentino

César Fortes - Lima: Admixture histories and demographic impact of the slave trade in Latin American populations

Magdalena Gayà Vidal: Population structure and admixture patterns in Southern Angola based on expanded exome sequences

Morgane Gibert: New clues from mtDNA mitogenomes and Y Chromosome haplotypes in Central Pyrenees: What's new on the Northern face?

Candela Hernández de la Fuente: La persistencia de la lactasa como marcador biocultural. Diversidad genómica humana en el extremo occidental del Mediterráneo

Saioa López López: The genetic legacy of Zoroastrianism in Iran and India

Conrado Martínez Cadenas: Correlation between geography, surnames and Y chromosome coancestry

Lara Rubio Araúna: North African Gene-flow into its coastal surroundings

Ecología Humana y Biodemografía

16:45
-
19:30
SALA
MEDES

Marta de Castro i Català: Utilidad de los estudios de asociación del genoma completo para la comprensión de los fenotipos complejos en la población sana

José Edgardo Dipierri: Prevalencias de fenotipos nutricionales con el estandar Intergrowth-21st en población argentina

María Eugenia Ibáñez Pérez - Zamacona: Factores ambientales modificables y obesidad

Noemí López Ejeda: Influencia de la actividad física y el sedentarismo en el estado nutricional de escolares españoles y mexicanos con elevada predisposición genética a la obesidad

Elionora Peña Lozano: Depresión y envejecimiento prematuro: implicación de los telómeros

Sabina Planas Bonell: Estudio de las Alteraciones de la Asimetría Fluctuante en Niños Expuestos a Alcohol durante su Desarrollo Prenatal

Esther Rebato Ochoa: Asociación entre el tamaño al nacimiento y medidas antropométricas en niños y adolescentes del Gran Bilbao

Gabriela Revollo: Bajo peso al nacimiento, indicadores de tamaño fetal y edad gestacional en Argentina

Luis Ríos Frutos: Crecimiento diferencial de segmentos corporales en condiciones de estrés ambiental

Araceli Rosa: Uso de polygenic risk scores para el estudio de factores genéticos implicados en fenotipos no clínicos

7

Jueves, 13 de julio

Antropología Molecular

09:00
-
11:00
SALA CORFU

Nerea Aguín Losada: Estudio de asociación entre el SNP rs1800896 de la interleucina 10 (IL-10) y el desarrollo de cáncer de próstata en población gallega.

Núria López Trigo: El rs2705897 del gen de la caspasa-3 y su influencia en el riesgo de Cáncer de Próstata en Galicia: datos preliminares

Ainhoa Riaño Vivanco: Human specific Numts: Variation in human populations

Javier Rodríguez Luis: Metanálisis de asociación del SNP C677T del Gen MTHFR y el cáncer de mama

Miriam Umbría Vivancos: El papel de las mutaciones de la región control del ADN mitocondrial en las enfermedades cardiovasculares: accidente cerebrovascular e infarto de miocardio.

SALA MEDES	<u>Ecología Humana y Biodemografía</u>	
	Matilde Espinosa - Sánchez: Ejecución de movimientos cotidianos en mujeres a lo largo de la vida	09:00
	Tamara Vaquero: Valoración de la Densidad Mineral Ósea (DMO) en función de algunas variables del ciclo reproductor femenino en población española >50 años	11:00
	Valeria Fernanda Chapur: Tendencia secular de la mortalidad infantil por sexo en Argentina (1947-2014)	
	Alina Gavrus Ion: Religion influence on life history traits heritability	
	Miguel Hernández Martínez: La inmigración en Barcelona en la época de la industrialización: las estadísticas vitales del año 1842	
11:00 11:30		Pausa café
SALA CORFU	<u>Primateología y Evolución humana</u>	
	Elisabeth Cuesta Torralvo: Variability of dental topography in African Populations in relation to economic patterns	11:30
	Ferrán Estebaranz Sánchez: Correlación entre la microestriación vestibular y la morfología geométrica del premolar inferior en Hominini Plio-pleistocénicos de África	- 13:30
	Daniel García Martínez: Evaluación de la posición costal en fósiles de Homínidos del Plioceno a través de medidas de la cabeza costal	
	Laura Mónica Martínez Martínez: Análisis de la dieta de Au. sediba a partir del patrón de microestriación vestibular	
	Lucía Nadal Urías: Morphometric and topographic analyses of hominoid primate molars with implications for dietary adaptations and wear patterns	
Alejandro Pérez Pérez: Correlación entre isótopos estables, microestriación vestibular y textura oclusal en homíninos africanos		
Jorge Juan Rueda: Topographic analisys os molar crowns in Western plain gorillas and Eastern chimpanzees		

<p style="text-align: center;">11:30 - 13:30 SALA MEDES</p>	<h3 style="margin: 0;"><i><u>Reconstrucción de poblaciones</u></i></h3>	
	<p>Virginia Alvarado Santiago: Análisis isotópico para determinar la dieta en poblaciones del Neolítico</p>	
	<p>Andrea Fernández Vilela: Estudio paleopatológico de los enterramientos de Can Cabassa</p>	
	<p>Maria Teresa Ferreira: The 21st Century Identified Skeletal Collection housed at the University of Coimbra, Portugal</p>	
	<p>Maria García Velasco: Aplicación de la morfometría geométrica en el estudio de la variabilidad craneal. Caracterización de un depósito sacrificial del epoclásico mexicano</p>	
	<p>Antonio Higuero Pliego: Análisis osteológico de los nuevos restos encontrados en la cueva de la Garma (Cantabria, España)</p>	9
<p style="text-align: center;">13:30 - 15:00</p>	<p style="text-align: center;">Pausa</p>	
<p style="text-align: center;">15:00 - 17:00</p>	<h3 style="margin: 0; text-align: center;">POSTERS (FOYER)</h3>	
<p style="text-align: center;">17:30 - 19:00</p>	<p style="text-align: center;">Asamblea SEAF</p>	
<p style="text-align: center;">20:30 - 22:30</p>	<p style="text-align: center;">Cena del Congreso</p>	

Viernes, 14 de julio

10 SALA CORFU	<h2><u>Antropología Molecular</u></h2>	
	09:00	Carmen Almodóvar: NRN1 gene and brain structure: association analysis in schizophrenia patients and healthy subjects
	11:00	Pedro Alberto Barrio Caballero: Proyecto DNASEQEX: resultados preliminares del tipaje de marcadores STR mediante secuenciación masiva (MPS) para su uso forense
		Perla Liliana Chávez Martínez: Ecuaciones para la estimación de la talla fetal en población mexicana
		Amanda Ramos Reche: Influence of mitochondrial DNA haplogroups in the clinical variability of Machado-Joseph disease (MJD/SCA3): a study using patients from multiple populations
		Marisa González Montero de Espinosa: Mejora de la situación nutricional de los escolares durante su estancia en las colonias del Museo Pedagógico Nacional
<hr/>		
<h2><u>Reconstrucción de poblaciones</u></h2>		
SALA MEDES	09:00	Sylvia A. Jiménez Brobeil: Aproximación al estudio de dietas de poblaciones rurales medievales: San Baudilio de Berlanga
	11:00	Olalla López Costas: Caracterización espectroscópica del húmero en crecimiento en colecciones arqueológicas

	Diego López Onaindia: Análisis mediante morfología dental del desarrollo del neolítico en el noroeste de la Península Ibérica
	Rosa Mª Maroto Benavides: Incidencia de patología máxilodentaria en una población medieval: relación con la edad
	Imanol Martín Laza: Identificación de artropatías inflamatorias en los enterramientos medievales de San Miguel de Ereñozar: evaluación morfológica y molecular
	Núria Montes Salas: Enfermedad en la Barcelona del siglo XII: el Hospital de Sant Llàtzer
	Lucía Muñoz Ugarte: Estudio paleopatológico de los individuos recuperados en la Alcazaba del Castillo de Alarcos
11:00 - 11:30	Pausa café
SALA CORFU	<p style="text-align: center;"><u>Antropología Aplicada</u></p> <p>Gimpaolo Piga: A new approach for the study of burned bones and teeth: monitoring of phase transformations at high temperatures.</p> <p>Caterina Raffone: Variabilidad histomorfológica y histomorfométrica en el tejido óseo entre Humano adulto, Humano subadulto y Sus scrofa.</p> <p>Cecilia García: Contribution of Dental Tissues to Sex Determination in Modern Human Populations</p> <p>Azahara Salazar Fernández: Estudio de la variabilidad poblacional en el inicio de osificación de las epífisis humerales</p> <p>Ángeles Sánchez Andrés: Diferencias sexuales en la densidad de crestas epidérmicas durante el crecimiento</p> <p>Lorena Valencia Caballero: Importancia del análisis del proceso de cremación de cadáveres en el ámbito forense mexicano</p>

12 SALA MEDES	<u><i>Reconstrucción de poblaciones</i></u>	
	11:30	<i>M. Eulàlia Subirà de Galdàcano:</i> Nuevos datos de la Barcelona prehistórica. Los enterramientos de la Gardunya.
	-	<i>Adriana Oñós Clausell:</i> Análisis de marcas de violencia en huesos
	13:30	<i>Carme Rissech Badallo:</i> Estudio del desarrollo y del dimorfismo sexual del fémur durante la etapa puberal mediante morfometría geométrica aplicada a telemetrías
	-	<i>Alejandro Romero Rameta:</i> Cúspide de Carabelli y variación morfológica del diente.
	13:30	<i>Eduardo Saldias Vergara:</i> Preliminary results of the frequency of Cuboid facet of Navicular bone in contemporary Spanish collections: Midtarsal biomechanic implications
	-	<i>Natasa Sarkic:</i> En gran silencio: estudio de restos esqueléticos encontrados en claustros femeninos de la Península Ibérica, del siglo XVI al XX
<i>Ana Solari:</i> Las prácticas funerarias de las poblaciones prehistóricas durante el Holoceno en el sitio arqueológico Toca do Gongo III, Parque Nacional Serra da Capivara, Piaui, Brasil		
13:30 - 14:00		Pausa
14:00 - 14:30		Clausura Congreso y entrega de premios

POSTERS (FOYER)

Antropología Molecular

Núm. Póster	Autor / Autora	Título Póster
(P – 1)	<i>Miguel Martín Álvarez Álvarez</i>	A survey of sub-Saharan gene flow into the Mediterranean at risk loci for coronary artery disease.
(P – 2)	<i>Rosario Calderón Fernández</i>	Registros históricos frente a análisis genómicos avanzados en las estimas de los niveles de autozigosis (inbreeding) en humanos.
(P – 3)	<i>Rubén Darío Díaz Martín</i>	Análisis de la expresión de proteínas en tejido óseo humano post-mortem proveniente de cráneo y costilla.
(P – 4)	<i>M. Esther Esteban Torné</i>	Polimorfismos en genes relacionados con el metabolismo de fármacos: Datos en poblaciones norteafricanas.
(P – 6)	<i>Yadira Lizethé López Ramírez</i>	Análisis del Haplogrupo Q de individuos Mexicanos y su aplicación forense.
(P – 7)	<i>Clara Martín Muñoz</i>	Are humanin-like genes being expressed in humans?
(P – 8)	<i>Pedro Moral Castrillo</i>	Diversity of the genomic regions of the NOS family genes in the Iberian Peninsula.
(P – 9)	<i>Alexandre Navarro Baucis</i>	Modelización y caracterización de la capacidad tumorigénica en células linfoblastoides tratadas con Doxorubicina y radiación ionizante.
(P – 10)	<i>Miguel Á. Pérez Amor</i>	In vitro modeling of carcinogenesis after radiotherapy or chemotherapy.
(P – 11)	<i>Magdalena Resano Fantino</i>	“X-chromosome Alu Insertions in Bahía Blanca (Argentina): assessment of Population information from varied genetic markers and usefulness of X-chromosome markers to trace sex-biased parental contributions”.

(P – 12)	<i>Stefania Sarno</i>	Insights into South American population history through genome-wide characterization of Andean and Amazonian ethnic groups.
(P – 13)	<i>Maria del Mar González García</i>	Sensitivity of mitochondrial DNA heteroplasmy detection using Next Generation Sequencing

Ecología humana y biodemografía

Núm. Póster	Autor / Autora	Título Póster	
(P – 56)	<i>Mª Pilar Montero López</i>	Condiciones tempranas de vida y calidad del envejecimiento.	
(P – 14)	<i>Mª José Blanco Villegas</i>	Estructura de la población Española y factores relacionados. La influencia del entorno.	
14	(P – 15)	<i>Mireia Espanza Pagès</i>	Fertility increase in high developed countries: a revision (2006-2014).
	(P – 16)	<i>Roberto Rodríguez Díaz</i>	Movimientos internos históricos en la población peninsular española.
	(P – 17)	<i>Ana Alaminos Torres</i>	El índice cintura-talla: una buena variable para predecir el riesgo metabólico en mujeres con exceso de peso.
	(P – 18)	<i>Augusta Gama</i>	Portuguese childhood Overweight and Obesity and Regional Development.
	(P – 19)	<i>Maria Herrero Otal</i>	Análisis de microrestos del cálculo dental de la necrópolis altomedieval de cal guardià (Argentona, Barcelona).
	(P – 20)	<i>Bárbara Navazo</i>	Malnutrición y pobreza estructural. un estudio comparativo de dos cohortes de escolares de puerto madryn (Chubut, Argentina).
	(P – 21)	<i>Evelia Edith Oyhenart</i>	Estudio comparativo del estado nutricional de niños residentes en la provincia de Buenos Aires (Argentina), en el contexto de la transición nutricional.
	(P – 22)	<i>Vitor Rosado-Marques</i>	Nutritional status of under-five children in poor rural areas of East Guinea-Bissau

(P – 23)	<i>Ana Isabel Mora Urda</i>	Calidad de la alimentación y salud cardiovascular en escolares de la Comunidad de Madrid.
(P – 25)	<i>Pere Ibáñez Gimeno</i>	El efecto de la temperatura en la fomra epifisaria de los huesos largos

Primateología y Evolución humana

Núm. Póster	Autor / Autora	Título Póster
(P – 26)	<i>Aroa Casado Rodríguez</i>	Morphological differences between the facies articularis carpalis of distal radius in humans and chimpanzees.
(P – 27)	<i>Marina De Diego Osaba</i>	3d geometric morphometric analysis of the proximal ulna in chimpanzees and humans.
(P – 28)	<i>Mónica Gómez Martínez</i>	The deltoid muscle in vertical clinging primates.
(P – 29)	<i>Judit Marigó</i>	Los primates fósiles del eoceno (34-56 ma) de las cuencas pirenaicas.
(P – 30)	<i>Josep Maria Potau Ginés</i>	The pectoralis abdominis muscle in hominoid primates.
(P – 31)	<i>Laura Viñas Caron</i>	Dental topography of mesolithic and neolithic populations from the near east.

15

Antropología Aplicada

Núm. Póster	Autor / Autora	Título Póster
(P – 37)	<i>Gemma Armengol Rosell</i>	Impact of polymorphisms in apoptosis-related genes on the outcome of childhood acute lymphoblastic leukemia.
(P – 38)	<i>Josep Burillo Lorente</i>	Variables antropológicas, demográficas y clínicas de las poblaciones de cinco comarcas del Pirineo oriental: análisis de la lateralidad manual.
(P – 39)	<i>Francisco Etxeberria</i>	Ánálisis antropológico forense sobre muertes de distinta etiología médica legal en un mismo contexto histórico.

(P – 40)	Ana Ferragut Planas	Análisis histológico de fracturas perimortem y postmortem en huesos humanos.
(P – 41)	Elsa Fuentes Alonso	Estimación del sexo a partir de metatarsos y falanges en población de la Península Ibérica.
(P – 42)	Maria Guardiola Ripoll	Akt1 gene and cannabis interaction effects on cognitive performance in healthy subjects.
(P – 43)	Alina Marissa Mendez Vega Gil	Análisis de la cara sínfisial del pubis por el método de suchey-brooks para determinar edad de individuos de origen mexicano.
(P – 44)	Mario Modesto Mata	Perikymata counts and the enamel growth-pattern in a geographically diverse sample of modern Homo sapiens.
(P – 45)	Noemí Rivaldería Moreno	Estudio de la variabilidad de los deltas (o trirradii) dactilares en población inmigrante en España.
(P – 46)	Rebeca Saludes Llamas	Influencia de la salud mental y del estatus nutricional sobre las patologías musculoesqueléticas.
(P – 5)	César Octavio Ramos	Alternativas para el análisis de adiposidad en atletas elite de natación adaptada.

16

Osteología, Paleopatología y Reconstrucción de poblaciones

Núm. Póster	Autor / Autora	Título Póster
(P – 24)	Bruno Casté Obiols	Dieta y cambio cultural: estudio isotópico en la necrópolis del conjunto monumental de las iglesias de Sant Pere (Tarrasa, Barcelona)
(P – 32)	Marica Baldoni	Who were alum miners? A multidisciplinary approach to investigate their daily tasks.
(P – 33)	Sandra Clavero Clopès	Dermatoglifos digitales de la población cubana en la segunda década del siglo XX.
(P – 34)	Victor J Colino Rabanal	Diversidad lingüística y biodiversidad responden a la teoría biogeográfica de islas.

(P – 35)	Natividad Lupiáñez Corpas	Genetic variability in the population of Granada, Malaga and Almeria and its relation with the former inhabitants of North Africa.
(P – 36)	Hannah McGlynn	The Achavanich Beaker Burial Project
(P – 47)	Laura Aguiló Cabot	Paleopatología en restos humanos de época carolingia.
(P – 48)	Bárbara Desántolo	Testeo y validación de funciones discriminantes para estimar el sexo en la colección osteológica San José (Granada, España).
(P – 49)	Sonia Díaz Navarro	Las displasias esqueléticas en la prehistoria europea. El caso del sujeto 169 de Camino del Molino (Caravaca de la Cruz, Murcia).
(P – 50)	María Edén Fernández Suárez	Patologías antemortem y perimortem en un soldado portugués de la guerra de la independencia enterrado en Villalaín.
(P – 51)	Nerea García Ventades	Diagnóstico diferencial de las espondiloartropatías (SPAS): registro de datos en restos esqueléticos.
(P – 52)	Belén López Martínez	Treponemal disease in Spain: Insights from a Medieval Age skeleton of Castilla-Leon.
(P – 53)	Consuelo Rodríguez	Subadultos en el mundo púnico: el ejemplo de dos necrópolis sardas.
(P – 54)	Luciana Travani	Ora et labora, estudio de los restos óseos de una comunidad monástica femenina del noreste italiano de época bajo medieval.
(P – 55)	Ricardo Filipe Gomes	Muéstrame tus dientes y te diré dónde eres: Un abordaje preliminar al estudio comparativo de la morfología dental en dos muestras contemporáneas de Chile y Portugal.

3

INVITED SPEAKERS



Dr. Ivo Gut
Director of the National Center for
Genomic Analysis (CNAG). Barcelona.
Spain



Dr. Lluís Quintana - Murci
Human Evolutionary Genetics
Researcher of Institut Pasteur. Paris.
France



Dr. Paolo Francalacci
Professor of Genetics, Department of
Zoology and Evolutionary Genetics,
University of Sassari. Italy



Dr. Garrett Hellenthal
UCL Genetics Institute (UGI). Department
of Genetics, Evolution and Environment.
University College London. UK



Dr. Tomàs Marquès - Bonet
Principal Investigator of the group “Comparative Genomics”
at the Institute of Evolutionary Biology (IBE; UPF/CSIC) and
at the CRG-CNAG. Barcelona. Spain

New developments on DNA sequencing

Ivo Gut

The Genomic and Adaptive History of Human Populations: Immune Responses and Pathogen Pressures

Lluis Quintana-Murci

Human Evolutionary Genetics Unit, CNRS URA3012, Institut Pasteur, Paris 75015, France

Pathogens have been a major cause of human mortality, so natural selection is expected to act strongly on immune response genes. However, the extent to which selection have affected immune-related genes, and how genetic and non-genetic factors drive immune response variation have remained elusive. In this presentation, I will summarize different cases of innate immunity genes and pathways that have been targeted by selection, in its different forms and intensities, helping to delineate essential mechanisms of host defense, with respect to those exhibiting higher immunological redundancy. I will discuss different forms of genetic adaptation to pathogen pressures and, specifically, how population admixture can also represent a new source of adaptive variation. I will also present data on how host genetic variation can profoundly impact immune molecular phenotypes, such as gene expression upon infection (eQTL), contributing to marked differences in immune responses between human populations. Notably, we have recently shown that immune-responsive eQTLs are enriched in population-specific signals of positive selection, suggesting their important role in human adaptation, and found that admixture with Neandertals introduced regulatory variants into European genomes, affecting preferentially responses to viral challenges. Finally, I will discuss the respective contribution of genetic, epigenetic (DNA methylation) and intrinsic (age and sex) factors to the observed individual and population variation of immune responses to microbial challenges. The presentation will attempt to provide a glimpse into how population and functional genomic approaches can help to pinpoint evolutionarily important determinants of host immune responsiveness and the mechanisms underlying the diversity of immune phenotypes in health and disease.

A Genetic GPS for tracing the origin of ancient human remains

Paolo Francalacci

Università degli Studi di Sassari, Sassari, Italy

A method that utilizes biological information to predict humans' place of origin has been recently developed using a specially designed microarray, which take into account a number of Ancestry Informative Markers (AIM) ranging from 40k to 130k Single Nucleotide Polymorphisms. The algorithm at the base of this method, named Geographic Population Structure, proved its accuracy with three data sets, placing 83% of worldwide individuals in their country of origin. Applied to over 200 Sardinians villagers, a quarter of them were placed in their villages and most of the rest within 50km of their villages. The method has been applied with good results only to modern populations, but a target capturing microarray could extend its use to DNA extracts from ancient human remains, with interesting applications on archaeology, anthropology and forensic medicine.

Using DNA to infer details of human history

Garrett Hellenthal

University College London, Gower Street, London

The availability of large-scale genetics resources from many world-wide groups, alongside increases in computational power, have led to an unprecedented opportunity to exploit DNA to learn about the ancestral history of human populations. I focus on new statistical models that use genome-wide DNA to learn about (i) isolation between groups, (ii) diversity within groups and (iii) intermixing among groups. For example, I describe a technique that can classify people into genetically homogeneous groups that were isolated from one another for varying amounts of time. I further illustrate how comparing relative amounts of genetic diversity among groups can provide insights into the impact of political and social institutions on population dynamics. I also show how statistical methods can identify and describe past intermixing events among genetically distinct groups, e.g. due to historical migrations, without requiring any prior information. In particular these methods can identify which groups intermixed and precisely when this mixing occurred, allowing a detailed reconstruction of past interactions among human populations. As examples, I illustrate how DNA patterns can identify the genetic impact of well-known past empires, corroborate oral traditions in scenarios where few historical or anthropological records exist, and distinguish between different anthropological hypotheses regarding the origins of ethnic groups. Overall I demonstrate the utility of DNA as a powerful independent source of information to complement archaeological, linguistic and anthropological findings when unearthing details about human history, as well as discuss the current limitations.

Great ape genomic variation and population history

Tomas Marques-Bonet

*Institut Biologia Evolutiva, Universitat Pompeu Fabra/CSIC and CNAG
(Centro Nacional de Análisis Genómico), Barcelona*

Despite great advances in sequencing technologies, we are just starting to understand recent adaptations of our evolutionary history. The genome specific modifications of our lineage are still mainly unexplored. To explore this and other questions related to the evolution of human genomic variation we studied genome wide diversity patterns in humans and our closest relatives, the great apes. The complete analyses of SNPs in a wide panel of more than 160 full genomes of great apes has boosted our understanding on human diversity, evolutionary genetics and demography to a fine-scale level that was not possible before providing a step forward to explain our genome diversity in an evolutionary context.

4

RESÚMENES

1. Resúmenes orales	25
2. Resúmenes pósters	100

Estudio de asociación entre el SNP rs1800896 de la interleucina 10 (IL-10) y el desarrollo de cáncer de próstata en población gallega.

N. Aguín Losada, N. López Trigo, J. Rodríguez Luis, J. L. Blázquez Caeiro

Área de Antropoloxía Física, Facultade de Bioloxía, Universidade de Santiago de Compostela,

nerea.aguin@gmail.com

Introducción

El cáncer de próstata (PCa) es el más diagnosticado en España [1] y la inflamación uno de los factores de riesgo que promueven su desarrollo [2]. En este estudio se ha analizado el SNP rs1800896 (-1082G>A) de la región promotora de la interleucina 10 [3], cuyo genotipo afecta a la funcionalidad de la proteína, implicada en procesos inflamatorios [4].

Material y Métodos

Se analizaron 200 pacientes y 200 controles de población gallega. A partir de sangre venosa se ha extraído el ADN, el genotipado se ha realizado mediante la técnica MALDI-TOF y el análisis estadístico se ha basado en el cálculo de Odds Ratio (OR) con sus intervalos de confianza asociados. El análisis se ha realizado a nivel global y con la muestra estratificada en función de edad, tabaquismo e índice de masa corporal (IMC).

25

Resultados

El rs1800896 se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg y sus frecuencias alélicas son semejantes a las de otras poblaciones de origen europeo. El análisis de las OR a nivel global no evidencia diferencias significativas en el riesgo asociado a los genotipos del rs1800896, sin embargo, en el análisis estratificado se han observado algunos intervalos en los que el riesgo asociado al genotipo GG se incrementa hasta alcanzar magnitudes estadísticamente significativas.

Conclusiones

Aunque los resultados a nivel global no evidencian una relación clara entre el rs1800896 y el proceso carcinogénico, la interacción con otras variables sugiere que el alelo G podría aumentar de manera significativa la predisposición a desarrollar PCa.

Referencias

- [1] Sociedad Española de Oncología Médica. Las cifras del cáncer en España. Madrid, 2016.
- [2] N. Eirón y FJ. Vizoso. World J. Gastrointest. Surg., 2012, 4, 62-72.
- [3] The 1000 Genomes Project Consortium. Nature, 2015, 526, 68-74.
- [4] P. Kesarwani, DK. Ahiwar, A. Mandhani, AN. Singh, D. Dalela, AN. Srivastava, RD. Mittal. World J. Urol, 2009, 27, 389-396.

NRNI gene and brain structure: association analysis in schizophrenia patients and healthy subjects

C. Almodóvar¹, P. Salgado-Pineda^{1,2}, C. Gallego³, B. Arias^{2,4}, E. Pomarol-Clotet^{1,2},
PJ. McKenna^{1,2}, M. Fatjó-Vilas^{1,2,4}

¹ FIDMAG Germanes Hospitalàries Research Foundation, Barcelona, Spain.

² Centro de Investigación Biomédica en Red de Salud Mental (CIBERSAM).

³ Molecular Biology Institute of Barcelona (IBMB-CSIC), Barcelona, Spain

⁴ Departament Biologia Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Facultat de Biologia,
Universitat de Barcelona, Spain. Institut de Biomedicina de la Universitat de Barcelona (IBUB).

Introduction. A growing body of evidence has established that synaptic plasticity, modulated by neuronal activity, is an inherent feature of brain function during both development and adulthood. Alterations of synaptic plasticity, resulting from a dysfunctional synaptic structure and transmission, are currently accepted to play a critical role in schizophrenia (SZ) [1,2].

Neuronal activity-regulated genes are involved in fundamental aspects of synaptic plasticity. Among them there is Neuritin 1 gene (*NRNI*), which is involved in neurite and dendritic growth, shaping dendritic arbors, stabilizing active synapses and promoting synaptic maturation [3]. *NRNI* has been associated with psychotic disorders, with age at onset and differences in general cognitive performance in these disorders [4]. However, little is known about the brain imaging correlates of *NRNI* gene.

26

Methods. In the present project we aim to investigate the brain structural correlates of *NRNI* sequence variants by means of a neuroimaging genetics whole brain approach. The sample included 70 patients with SZ and 70 matched controls. All subjects underwent a single MRI scanning session including a T1-structural high resolution image sequence and were genotyped for 10 Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) at *NRNI*. As *NRNI* is mainly expressed in the hippocampus and neocortex [5], we hypothesise that the effect of polymorphic variants in *NRNI* on brain structure will be mainly observed in these brain regions.

Results. These aims are currently being developed as a Master Thesis of C Almodóvar (Master degree in Biological Anthropology) and results will be presented in the SEAF congress.

References

- [1] W.G. Frankle, J. Lerma, M. Laruelle. *Neuron* 2003; 39(2):205-16.
- [2] J. Hall, S. Trent, K.L. Thomas, M.C. O'Donovan, M.J. Owen. *Biol Psychiatry* 2015; 77(1):52-8.
- [3] S. Zhou, J. Zhou. *Current Medicinal Chemistry* 2014, 21, 1212-1219.
- [4] M. Fatjó-Vilas, C. Prats, E. Pomarol-Clotet, L. Lázaro, C. Moreno, I. González-Ortega, S. Lera-Miguel, S. Miret, Ma José Muñoz, I. Ibáñez, S. Campanera, M. Giralt-López, Manuel J. Cuesta, V. Peralta, G. Ortet, M. Parellada, A. González-Pinto, Peter J. McKenna, L. Fañanás. *World J Biol Psychiatr* 2016; 17:129-139.
- [5] S. Loerbrich, E. Nedivi. *Physiol Rev* 2009; 89: 1079–1103.

Análisis isotópico para determinar la dieta en poblaciones del Neolítico

V. Alvarado¹, E. Subirà¹

¹ GRAPAC, Unitat d'Antropologia Biològica, Dpt Biología Animal, Biología Vegetal i Ecología
Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra,

virginia.alvarado@e-campus.uab.cat

La reconstrucción de dietas en la prehistoria a través de los análisis isotópicos es uno de los métodos más utilizados para inferir patrones socio-culturales de estas poblaciones, ya que los isótopos estables obtenidos a partir del colágeno reflejan la dieta promedio de los 10-15 años previos a la muerte [1]. Así el conocer el sexo y edad de los individuos permite establecer si existen diferencias entre ellos.

Este estudio analiza la dieta de las poblaciones neolíticas de Can Sadurní y las minas de Gavà para determinar la variabilidad intrapoblacional así como la interpoblacional para finalmente valorar los cambios diacrónicos entre ellos.

Los análisis isotópicos se han realizado a partir de colágeno extraído de 11 individuos de Can Sadurní y 21 de las minas de Gavà. Las muestras utilizadas se han extraído del primer metacarpo. Dado que tanto la cueva como alguna de las minas correspondían a un enterramiento colectivo, se ha determinado el sexo mediante funciones discriminantes del primer metacarpo [2].

27

Los resultados permiten ver ligeras diferencias de la dieta dentro de un mismo grupo siempre muy relacionadas con los recursos ambientales propios de su entorno. Asimismo las diferencias diacrónicas están sesgadas por el bajo tamaño muestral de las más recientes.

Referencias

- [1] M. Fontanals-Coll et al., Investigating palaeodietary and social differences between two differentiated sectors of a Neolithic community, La Bòbila Madurell-Can Gambús (north-east Iberian Peninsula), Journal of Archaeological Sciences, 2015, Reports 3, 160-170.
- [2] P. A. Barrio, G. J. Tranco, J. A. Sánchez, Metacarpal Sexual Determination in a Spanish Population, J Forensic Sci, 2006, 51:990-995.

Presencia africana en Córdoba (Argentina). Una perspectiva interdisciplinar desde la historia, la demografía y la genética

J. Patiño¹, J. M. Bajo², S. Avena^{1, 3,4}, F. Di Fabio Rocca^{1, 3,4}, J.C. Damonte⁵, L. M. Amuchástegui⁶, S. Colantonio^{2, 4}, F.R. Carnese³.

¹ Departamento de Ciencias Naturales y Antropología. CEBBAD. Universidad Maimónides.

² Cátedra de Antropología, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales de la Universidad Nacional de Córdoba

³ Secc. Antropología Biológica. ICA. Fac. de Filosofía y Letras. Univ. de Buenos Aires (UBA).

⁴ CONICET

⁵ Servicio de Hemoterapia del Hospital Privado de la Ciudad de Córdoba

⁶ Instituto Universitario de Ciencias Biomédicas de Córdoba

Juan Manuel Bajo, Cátedra de Antropología Biológica y Cultural, Departamento de Fisiología,

Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba,

Córdoba, CP: X5000JJC, 0351-156419562, juanmabajo@gmail.com

Los estudios sobre comunidades de origen africano son escasos en Argentina en general y en Córdoba en particular. Sin embargo en fuentes documentales se aprecia que han sido poco considerados los procesos de mestizaje y “blanqueamiento” social. De ser esto cierto, debería registrarse aporte africano en el acervo genético de la población de Córdoba Capital. El objetivo de este estudio es entonces analizar la composición de la población de la ciudad de Córdoba y alrededores, a partir del estudio de marcadores genéticos.

Se han determinado 30 Marcadores Informativos de ancestría y los linajes mitocondriales en 31 personas, que han concurrido durante el año 2015 al Servicio de Hematología del Hospital Privado de Córdoba. La ciudad de Córdoba por su tamaño y población es la segunda ciudad de Argentina y se ubica en el centro geográfico del país. Además de la sangre, se han recolectado información genealógica de las dos generaciones precedentes.

Se ha registrado un 2,1 % de aporte subsahariano y un 27,6% de componente autóctono. Se encuentra actualmente en análisis las estimaciones de ancestría individual, para ver cómo se distribuyen dichos aportes entre los individuos muestreados. Respecto al ADN mitocondrial, los resultados preliminares arrojan un 10% de linajes maternos de origen subsahariano.

A partir de la muestra analizada se concluye que en el acervo genético de la población actual de Córdoba existe presencia africana. A partir de estudios complementarios, basados en datos históricos y bio-demográficos sobre la importante presencia de esclavos y afro-descendientes en la Córdoba colonial y postcolonial, puede remontarse su origen, por lo menos en una parte sustancial, a aquel periodo.

Proyecto DNASEQEX: resultados preliminares del tipaje de marcadores STR mediante secuenciación masiva (MPS) para su uso forense

P.A. Barrio¹, P. Martín¹, The DNASEQEX Consortium, A. Alonso¹

¹ Servicio de Biología, Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses (INTCF), Departamento de Madrid, C/ José Echegaray 4, 28232 – Las Rozas de Madrid, Madrid (España),

pedro.barrio@justicia.es

Las plataformas de secuenciación masiva (MPS) están revolucionando la investigación genética. Permiten el análisis simultáneo de miles de fragmentos de ADN de hasta cientos de muestras. En este contexto, su uso en el tipaje de Short Tandem Repeat (STR) es prometedor en el campo de la Genética Forense. Así, el proyecto DNASEqEx (DNA-STR Massive Sequencing & International Information Exchange) busca promover e implementar la tecnología MPS para el tipaje de ADN y su intercambio internacional.

Con este propósito, en el presente trabajo se muestran los resultados preliminares de la evaluación de dos paneles de STR en fase de desarrollo mediante las plataformas Ion Torrent (Ion Chef e Ion S5XL): Precision ID GlobalFiler® Mixture ID Panel y Precision ID GlobalFiler® NGS STR Panel for Ion S5™ System. Se realizaron estudios de Sensibilidad y de Concordancia de ambos prototipos, comparándolos con los resultados previos de sistemas de electroforesis capilar (CE). También se valoró los rangos de cobertura y los ratios stutter de cada uno de los marcadores STR incluidos en los paneles. En todos los análisis se incluyó material de referencia certificado (NIST SRM2372 y SRM2391c) así como muestras similares a casuística procedentes de ejercicios inter-laboratorio (GEDNAP y GHEP).

29

A priori, se observa una mayor sensibilidad con las tecnologías MPS que con CE, además de mejorar la resolución identificativa, al aumentar el número de marcadores STR que pueden analizarse de forma simultánea, así como al incrementarse el número de alelos, gracias a la detección de nuevas variantes de secuencia. Son innegables sus aplicaciones forenses, en el caso de muestras con escasa cantidad de ADN (LTDNA) así como en aquellas degradadas, tanto en la resolución de casos judiciales como en la identificación de restos humanos.

**Towards the understanding of the genetic bases of complex adaptations
in humans.**

Begoña Dobón, Mayukh Mondal, Sandra Walsh, Jessica Nye, Pablo Villegas, Hafid Laayouni,
Jaume Bertranpetit

Institut de Biología Evolutiva (UPF-CSIC)
Universitat Pompeu Fabra
Barcelona, Catalonia, Spain

Evolutionary analysis at the molecular level (genomes) provides a new tool to unravel the footprint of natural selection along the human genome. Many adaptations are being discovered thanks to this powerful analysis; by one side those that are based on single genes but also on complex adaptations. In the last case genes may be understood on their functional setting of molecular pathways of their gene products. Its analysis targets the molecular basis of complex adaptations and may help to advance the basic understanding of function at the gene-product (protein) level. By comparing genomic data of different species or of different populations within a single species, we can distinguish between selection at large or short scales, allowing detection (and sometimes measurement) of natural selection in the form of positive (adaptive) selection and purifying (negative) selection. We will focus here on humans and primates.

30

Gene products function in molecular networks, as such, the position within the network may determine the strength of selection applied to the gene. It is possible to interrogate how selection is distributed across the molecular networks. This analysis indicates how evolution is shaping the complex interactions inherent to molecular pathways and networks. This analysis may be applied to the pathway level (with a low number of interacting units but a very detailed molecular knowledge), the entire metabolome, or even the whole interactome.

At the level of the human interactome, selection has not acted equally throughout evolutionary history: genes with higher number of interactions are more likely to have been targeted by recent positive selection during recent human evolution. Most likely, network adaptation occurs through intraspecific adaptive leaps affecting key network genes, followed by the fine tuning of adaptations in less important network regions. These results reshape the shape of traditional evolutionary landscapes and reinforce the role of population genetics in the understanding of evolution.

Tendencia secular de la mortalidad infantil por sexo en Argentina (1947-2014)

VF. Chapur¹, JE. Dipierri¹; R. Bronberg², EL. Alfaro¹

¹ INECOA-CONICET/ INBIAL-UNJU, Avenida Bolivia 1661, ferchapur@hotmail.com

² Hospital Ramos Mejía/ Área de Genética Médica y Poblacional, Gral. Urquiza 609

C1221ADC Ciudad de Buenos Aires.

Introducción: Las diferencias sexuales en la supervivencia resultan de una compleja interacción de factores biológicos y culturales. Se analiza el comportamiento de la proporción sexual de la mortalidad infantil (MIRATIO) en Argentina entre 1947-65/1976-2014.

Material y métodos: Se analizan defunciones y nacimientos por sexo del Ministerio de Salud, agrupados por regiones geográficas (Noroeste, Noreste, Centro, Cuyo, Patagonia) y tres períodos (1947-1965/1976-1995/1996-2014). Se calcularon tasas de mortalidad infantil por sexo, MIRATIO (varones/mujeres*100), riesgo relativo y tendencia secular (TS).

Resultados principales: Entre 1947-2014 murieron 124.7 niños por cada 100 niñas. Centro presentó la proporción más elevada seguida por Noreste, Noroeste, Cuyo y Patagonia. La TS de la MIRATIO para Argentina fue de 0.0016 (murieron 16 niños más, por cada 10000 niñas) para todo el periodo, la región Centro presentó la TS más baja, seguida de Cuyo, Noroeste, Noreste y Patagonia (Tabla 1). Entre 1947-1965 la mortalidad de los niños desciende 1.4% por año, en el segundo período 3.9% y en el tercero 3.8%. Para las niñas estas cifras fueron 1.3%, 3.9% y 3.6% por año. El riesgo de muerte de niños en el tercer periodo descendió un 78% con respecto al primero, en las niñas este descenso fue del 79%.

31

Conclusiones: Si bien las tasas de MI en Argentina siguen el patrón de descenso que se da a nivel mundial, al igual que el riesgo de morir, la MIRATIO aumenta y no muestra la declinación observada en los países más desarrollados. Este patrón de aumento es más evidente en las regiones menos desarrolladas de Argentina.

	MIRATIO POR PERÍODO			TS MIRATIO 1947-2014	RIESGO RELATIVO	
	47-65	76-95	96-14		NIÑOS	NIÑAS
Argentina	120,47	128,85	128,90	0,0016	0,22	0,21
Centro	125,08	131,25	128,9	0,0008	0,26	0,26
Cuyo	120,11	128,87	124,99	0,0013	0,18	0,17
Noreste	119,41	127,89	133,38	0,0022	0,27	0,25
Noroeste	114,03	122,54	125,04	0,0021	0,16	0,15
Patagonia	115,15	129,16	133,55	0,0033	0,11	0,11

Ecuaciones para la estimación de la talla fetal en población mexicana

P. Chávez-Martínez¹, M. Arteaga-Martínez², F. Zertuche³ y C. Serrano-Sánchez⁴

¹ Posgrado en Antropología, Universidad Nacional Autónoma de México,
Avenida Universidad 3000, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México,
perla.chm@hotmail.com

² Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de Mexico.

³ Instituto de Matemáticas, Unidad Cuernavaca, Universidad Nacional Autónoma de Mexico.

⁴ Instituto de Investigaciones Antropológicas, Universidad Nacional Autónoma de Mexico.

Introducción: el propósito principal de la antropología forense es la estimación del perfil biológico, cuando el análisis recae en el feto la ausencia de elementos discriminantes y significativos, así como de colecciones y propuestas limitan las estimaciones, provocando que la asignación de edad y la indicación de algunas características biológicas sean las principales variables a establecer, dificultando la identificación. No obstante, la talla proporciona información importante respecto el tamaño, permite una diferenciación en caso de restos mezclados y orienta sobre problemas de crecimiento y presencia de enfermedades, constituyéndose como una valiosa variable a considerar en el estudio antropológico forense. El objetivo del trabajo es presentar estándares métricos para la estimación de la talla fetal en población mexicana. **Materiales y métodos:** se realizó un estudio radiológico, métrico y estadístico de los huesos largos en 97 fetos y mortinatos completos, fenotípicamente normales entre 10 y 38 semanas de edad, de ambos sexos, que corresponden con abortos espontáneos ocurridos en la Ciudad de México entre los años 1990-2000 y forman parte de la Colección de la Embriofetoteca del Laboratorio de Morfología del Desarrollo y Dismorfogénesis de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional Autónoma de México. **Resultados:** se obtuvieron ecuaciones para la estimación de la talla fetal promedio y rangos de predicción a partir de la longitud diafisiaria de húmero, radio, cubito, fémur, tibia y fibula. Éstas se hallaron mediante una regresión cuadrática, dando coeficientes de correlación fiables para cada uno de los casos. **Conclusiones:** dentro de las incertidumbres normales de las variaciones fenotípicas de cada sujeto; los modelos planteados permiten una predicción confiable de la talla fetal al representar adecuadamente el crecimiento en este grupo etario. Se constituyen como los primeros estándares métricos a nivel nacional.

Trabajo parcialmente financiado por el proyecto PAPIIT IN103815.

Variability of dental topography in african populations in relation to economic patterns

E. Cuesta-Torralvo¹, D. Pacheco², M. Sarıgöcek¹, A. Romero³, A. Pérez-Pérez¹

¹ Dept. Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals,
Universitat de Barcelona. Av. Diagonal 643, 08028, Barcelona, eli.cuesta@ub.edu

² Departamento de Ciências da Vida, Universidade de Coimbra.

³ Departamento de Biotecnología, Universidad de Alicante.

Molar topographic metrics have been employed to investigate dietary ecology in extant and extinct primate species [1]. The aim of this research is to assess diet-related differences in molar occlusal morphology among human populations using topographic analyses. The studied sample consisted of 132 lower first and second molars belonging to eight African hunter-gatherer, pastoralist and agriculturalist human populations. The studied teeth were scanned using a 3D white light DAVID scanner at maximum resolution. A configuration of 8 homologous landmarks was used to build a 4,800 point-cloud surface template that was projected onto the analyzed teeth in the *R* package *Geomorph* [2]. Three dental topographic variables were computed from the 4,800 point mesh of all studied teeth using the *MorphoJester* software [3]. The variables measured were the dirichlet normal energy (DNE, surface bending), the dental crown relief index (RFI, 3D surface relief), and the orientation patch count rotated (OPCR, surface complexity). The results obtained showed significant correlations between variables DNE and RFI in both molars. For both molars, significant correlations were found between RFI and the first principal component (PC1) of a Geometric Morphometric analysis of the 4,800 point-cloud meshes, which suggests that both types of analyses can be used to characterize dental crown shape variability. For the first molar, the Pigmy and Bantu populations showed distinct RFI values compared to the Zulu, Pare/Gonja, Khoe, and Maasai. For the second molar, Bantu and Pygmy showed greater DNE values, but smaller RFI values than the mainly pastoralists Zulu, Khoe, Pare/Gonja and Maasai. In addition, the Khoe and San showed significant differences in RFI values. Overall, the high dispersion values of the topographic variables significantly correlated with dental wear. Dental crown topography characterized both dental crown shape and patterns of dental wear in relation to the population economic patterns.

33

References

- [1] J. M. Winchester, D. M. Boyer, E. M. St. Clair, et al. Am. J. Phys. Anthropol. 2014, 153, 29-44.
- [2] D. C. Adams, E. Otarola-Castillo. Methods in Ecol. Evol. 2013, 4, 393-399.
- [3] J. M. Winchester. PLoS One 2016, 11(2), e0147649.

Utilidad de los estudios de asociación del genoma completo para la comprensión de los fenotipos complejos en la población sana

M. de Castro-Català^{1, 2}, A. Mora-Solano¹, E. Peña^{1, 2}, P. Cristóbal-Narváez³,
N. Barrantes-Vidal^{3, 4, 5, 6}, A. Rosa^{1, 2, 6, *}

¹ Secció de Zoologia i Antropologia Biològica, Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona (UB), Barcelona, Spain

² Institut de Biomedicina de la Universitat de Barcelona (IBUB), Barcelona, Spain

³ Departament de Psicologia Clínica i de la Salut, Facultat de Psicologia, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), Bellaterra, Barcelona, Spain

⁴ Department of Psychology, University of North Carolina at Greensboro, Greensboro, North Carolina, United States

⁵ Sant Pere Claver – Fundació Sanitària, Barcelona Spain

⁶ Centro de Investigaciones Biomédicas en Red de Salud Mental (CIBERSAM), Madrid, Spain

* araceli.rosa@ub.edu

Las nuevas metodologías de análisis de la variación genética a lo largo de todo el genoma humano (GWAS) parecen ser de gran utilidad para la identificación de variantes de riesgo para desarrollar una enfermedad. No obstante, existen aún dudas sobre su aplicación en el estudio de diferentes fenotipos en población sana.

En enfermedades complejas como la esquizofrenia, los GWAS han puesto de manifiesto una fuerte asociación entre la variabilidad en el gen *ZNF804A* y la enfermedad [1]. Ésta asociación ha sido replicada en muestras independientes, que adicionalmente sugieren un efecto diferencial del gen en función del sexo de los individuos [2]. Un estudio reciente ha mostrado que este gen también podría asociarse con rasgos de personalidad y experiencias relacionadas con la enfermedad que se pueden encontrar en población general sana [3].

El objetivo del presente estudio fue analizar la asociación entre este gen y rasgos de personalidad en una muestra de 808 individuos sanos, explorando si existe una diferenciación sexual como la descrita anteriormente en pacientes. Para todos los participantes se obtuvieron medidas de esquizotipia y experiencias psicóticas atenuadas, así como el genotipo para dos polimorfismos en el gen *ZNF804A* (rs1344706 and rs7597593).

Nuestros resultados muestran una asociación entre el marcador rs7597593 y la esquizotipia y las experiencias psicóticas atenuadas, especialmente en el grupo de mujeres (en ambos casos, $p \leq 0.05$ en mujeres y $p > 0.9$ en hombres). Concretamente, aquellas mujeres portadoras del alelo C para este polimorfismo presentaban puntuaciones mayores para estos rasgos de personalidad, respecto al resto de genotipos.

Los hallazgos de este estudio muestran la existencia de variables genéticas comunes presentes en la población general que podrían explicar fenotipos no clínicos relacionados con enfermedades complejas como la esquizofrenia, pero también para otras como por ejemplo las enfermedades cardiovasculares, obesidad o diabetes, y que están siendo puestos de manifiesto por los recientes GWAS.

References

- [1] S. Ripke, B.M. Neale, A. Corvin, et al., Nature, 2014, 511, 421–427.
- [2] F. Zhang, Q. Chen, T. Ye, et al., Biol. Psychiatry 2011, 69, 914–917.
- [3] N.C. Stefanis, A. Hatzimanolis, D. Avramopoulos, et al., Schizophr. Bull., 2013, 39, 1252–1260.

Heterogeneidad en la distribución de linajes maternos en poblaciones precolombinas del actual territorio argentino

C.B. Dejean^{1,2,3}, C.M.Crespo^{1,2,3}, M.B. Postillone^{2,3}, M.G.Russo^{1,2,3}, D. G. Cardozo^{1,2,3}, S.A. Avena^{1,2,3}, F.R. Carnese^{1,2}

1 Universidad de Buenos Aires..Fac. de Filosofía y Letras.Cátedra de Antropología Biológica y Paleoantropología, Depto. Antropología. Sec. Antropología Biológica, Instituto de Cs. Antropológicas. Dirección: Puán 470, Buenos Aires, Argentina. dejearncr@gmail.com

2 Equipo de Antropología Biológica, CEBBAD, Departamento de Cs. Naturales y Antropológicas, Fundación de Historia Natural Félix de Azara.Universidad Maimónides.

Dirección: Hidalgo 775, Buenos Aires, Argentina.

³CONICET.

Las primeras evidencias de poblamiento humano en el actual territorio argentino tienen una antigüedad de ca 12000 AP. De esos primeros momentos existe escasa evidencia de restos humanos. Sin embargo, durante el Holoceno Medio y Tardío se incrementa el número de sitios y de individuos que pueden ser estudiados. El objetivo del presente trabajo es comparar la diversidad de linajes mitocondriales que estaban presentes en el actual Noroeste Argentino (NOA) con respecto a la de Patagonia durante el Holoceno Tardío.

A partir del material decontaminado se obtuvo polvo de dentina o de hueso. Se emplearon 3 métodos de extracción: la técnica de digestión con proteasa a partir del material tratado con EDTA y posterior extracción en solventes orgánicos y los equipos Investigator Kit® (Qiagen) y Gene Clean for Ancient DNA® (MP Biomedicals). Se realizaron al menos 2 extracciones. La región HVRI se amplificó por triplicado cada una de ellas, los protocolos se detallan [1]. Se han procesado 101 muestras, 51 del NOA y 50 de Patagonia, obteniéndose resultados en 20 y 23 muestras, respectivamente. En los análisis se incorporaron resultados de trabajos anteriores [2,3].

35

En el NOA se detectaron los clados A2 (42%), B1 (21%) y C1 (12%) D1 (25%), mientras que en Patagonia se encuentran los linajes predominantes son los A2 (7.4%), C1 (37.6%) y D (D1 y D4h3) 55%.

Los resultados muestran una disminución en el número de clados mitocondriales presentes a medida que nos acercamos al sur, probablemente debido al accionar de la deriva genética. Si bien la mayoría de los haplotipos parecen tener un origen en grupos que llegaron por el Pacífico, no puede descartarse el origen Atlántico de ciertos linajes. Estos resultados coinciden con otras investigaciones realizadas en el resto del Cono Sur Sudamericano.

Apoyo financiero: UBACyT, PICT 2014/3012 y 2014/1558, Subsidio intramuros Universidad Maimónides.

Referencias

- [1] Crespo, CM et al, *J. Arch. Scie. Reports*, 2017, 12, 91-98.
- [2] Carnese, F. R., Mendisco, F., Keyser, C., Dejean, C. B., Dugoujon, J. M., Bravi, C. M., ... & Crubézy, E. 2010. *Am. J. of Phys. Anthropol.* , 141(3), 452-462.
- [3] Mendisco, F., Keyser, C., Hollard, C., Seldes, V., Nielsen, A. E., Crubézy, E., & Ludes, B. 2011. *Electrophoresis*, 32(3-4), 386-393.

Prevalencias de fenotipos nutricionales con el estandar intergrowth-21st en población argentina

JE. Dipierri¹; J Martinez¹, EL.Alfaro¹, E Román¹, C. Grandi²

¹ INECOA-CONICET/ INBIAL-UNJU, Avenida Bolivia 1661, jedjujuy@gmail.com

² Universidad de San Pablo, San Pablo, Brazil

Introducción: No existe consenso sobre la evaluación nutricional antropométrica en recién nacidos (RN). Se analizó la prevalencia de Bajo Peso (BP), Acortado (AC) y Emaciados (EM) en RN argentinos con el estándar INTERGROWTH-21st [1], según la edad gestacional (EG)

Material y métodos: Los datos de peso y talla procedieron de los RN registrados por el Sistema Informático Perinatal en la provincia de Jujuy (2008-2013) y en la Maternidad Sardá (Buenos Aires) (1996-2004). Los criterios de exclusión fueron EG <24+0->42+6 semanas, falta de datos de peso, talla, EG y sexo. Se aplicó el criterio de Alexander [2] para corregir las incompatibilidades del peso al nacer con la EG. El estado nutricional de los RN se estimó utilizando los siguientes puntos de corte: BP (<P3 de peso /EG al nacimiento), AC (<P3 de talla /EG al nacimiento) y EM (<P3 del IMC [Kg/m²] /EG al nacimiento). Los datos se agruparon en pretérminos (24a-36a semanas) y término-postérmino (37a- 42a semanas).

36

Resultados: La muestra de Jujuy incluyó 48656 RN y la de Sarda 34371 RN. En ambas muestras y en RN pretermino, el fenotipo prevalente fue AC, siendo las diferencias estadísticamente significativas. En RN a término la prevalencia de AC fue mayor en Sarda ($p>0.05$) y la de EM en Jujuy ($p<0.05$). El BP fue mayor en los pretérminos y en la Sardá, aunque sin diferencias estadísticamente significativas.

Conclusiones: Aproximadamente el 33% de los niños nacidos en la Sarda y el 20.7% de los nacidos en Jujuy presentan algún tipo de deficiencia nutricional. Las prevalencias reflejan disparidades ambientales y socioeconómicas de Argentina. Los indicadores utilizados proporcionan valiosa información del estado nutricional por EG de RN argentinos de interés epidemiológico.

Referencias

- [1] Villar J, Cheikh IL, Victora CG, Ohuma EO, et al. International Fetal and Newborn Growth Consortium for the 21st Century (INTERGROWTH-21st). International standards for newborn weight, length, and head circumference by gestational age and sex: the Newborn Cross-Sectional Study of the INTERGROWTH-21st Project. *Lancet* 2014; 6; 384:857-68
- [2] Alexander GR, Himes JH, Kaufman RB, Mor J, et al. A United States national reference for fetal growth. *Obstet Gynecol* 1996; 87: 163–68.

Ejecución de movimientos cotidianos en mujeres a lo largo de la vida

M. Espinosa¹

*Instituto de Investigaciones Antropológicas, UNAM I,
Ciudad Universitaria/ Ciudad de México, matilde@unam.mx*

En las diferentes etapas de crecimiento, desarrollo, maduración y envejecimiento, debido a diversos factores, las personas modifican la forma de subir y bajar escaleras, y de sentarse y ponerse de pie [1,2]. Mediante un sistema de sensores computarizados se ha registrado el ángulo de flexión del tronco en una muestra de 56 mujeres autónomas y “sanas” (media ± s.d.: 27.79 ± 18.50 años, rango: de 57.96 años, edad máxima / mínima: 68.36 / 10.40 años), ejecutando a la velocidad preferida, los movimientos (tiempos para subir un escalón, media ± s.d.: 1.3 ± 0.54 segundos, bajar un escalón: 1.08 ± 0.37 segundos, sentarse en asiento sin brazos: 1.77 ± 0.44 segundos, y ponerse de pie: 1.5 ± 0.37 segundos).

En este acercamiento a la ejecución de movimientos de la vida cotidiana, se encuentran similitudes en las amplitudes de los desplazamientos angulares del sentarse y ponerse de pie (de 4.61 a 9.89 grados), pero no así en subir y bajar escaleras (de 5.23 a 30.06 grados). Son las adolescentes (de 13 a 15 años) las que ocupan menor tiempo en subir, mientras que las más jóvenes y mayores son más lentas. En el caso de sentarse y ponerse de pie, las de 20 y 30 años ocupan menor tiempo y las mayores son las más lentas.

37

Referencias

- [1] Cheng-Liang, L., Chung-Huang, Y., Shih-Ching, C. y Wen-Shan W. 2004. Establishing biomechanical model of human body for restoring standing functions. BIOM ENG APP, Vol. 16 No. 1
- [2] Donath, L., Faude, O., Roth, R. y Zahner, L. 2014. Effects of stair-climbing on balance, gait, strength, resting heart rate, and submaximal endurance in healthy seniors. Scand J Med Sci Sports 24

Referencias

- [1] N. Autor 1, N. Autor 2, N. Autor 3, J. Nuestro. Nal., 2014, 137, XXX-XXX.
- [2] N. Autor 1, N. Autor 2. Título del libro. n° ed., Editorial, Ciudad. 2014.

Correlación entre la microestriación vestibular y la morfología geométrica del premolar inferior en hominini plio-pleistocénicos de África

F. Estebaranz-Sánchez, L. M. Martínez, A. Pérez-Pérez

Dept. Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona.

Av. Diagonal 643, 08028 Barcelona. estebaranz@ub.edu

Durante la transición entre Plioceno y Pleistoceno se observan drásticos cambios ecológicos con la expansión de las sabanas abiertas. Dentro del linaje de los *hominini* se constata la desaparición del género *Australopithecus* y la aparición de dos nuevos géneros: *Homo* y *Paranthropus*. Estos taxones representan modelos ecológicos y evolutivos diferentes ante el mismo cambio ecológico, basados en estrategias tróficas distintas. El objetivo del presente estudio es comprobar si los cambios morfológicos observables en la dentición se corresponden con cambios en el patrón alimentario. Con este fin, se comparó el patrón de microestriación dental de varias especies del Plio-Pleistoceno (*Au. anamensis*, *Au. afarensis*, *P. aethiopicus*, *P. boisei*, *H. habilis* y *H. ergaster* [1-3]) con la morfometría geométrica del segundo premolar inferior de las mismas especies (*Au. anamensis* n=5, *Au. afarensis* n=20, *P. aethiopicus* n=5, *P. boisei* n=3, Early *Homo* n=6 y *H. ergaster* n=3) y en *Pan paniscus* (n=36). Se marcaron 4 *landmarks* de tipo I para delimitar la morfología interna de la cara oclusal del diente (2 cúspides y 2 fóveas), así como 30 *semilandmarks* para delimitar el contorno externo. Las dos primeras funciones del análisis de componentes principales (PCA) explican el 54,45% de la variabilidad total (PC1 38,42%; PC2 16,03%), mientras que en el análisis discriminante (LDA) las dos primeras funciones resumen el 70% de la variabilidad total (DF1 41,0%; DF2 28,9%), clasificando correctamente todos los individuos analizados. El test de Mantle muestra una correlación negativa ($r=-0.282$) entre las variables de microestriación dental y las de morfometría geométrica, aunque no es estadísticamente significativa ($P=0,304$), lo que sugiere que las presiones selectivas que determinaron especializaciones alimentarias en los *hominini* no son la causa directa de la evolución morfológica del segundo premolar inferior.

- [1] Martínez L. M., Estebaranz-Sánchez F., Galbany J., Pérez-Pérez A. PLoS One 2016, 11(11), e0165447.
[2] Estebaranz F., Galbany J., Martínez L., Turbón D., Pérez-Pérez A. J. Anthropol. Sci. 2012, 90, 163-185.
[3] Estebaranz F., Martínez L. M., Galbany J., Turbón D., Pérez-Pérez A. J. Hum. Evol. 2009, 57(6), 739-50.

Estudio paleopatológico de los enterramientos de Can Cabassa

A. Fernández-Vilela¹, M.E. Subirà¹

¹ Grup de Recerca Aplicada al Patrimoni Cultural (GRAPAC), Unitat d'Antropologia Biològica,
Departament de Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona),

andrea.fernandez.vilela@gmail.com

El siglo V representa un momento de transición entre el mundo antiguo y la época medieval que supuso un cambio político y social en las poblaciones de la Península Ibérica. Se produce un cambio en los patrones de asentamiento y explotación del territorio [1, 2]. Un ejemplo es la villa de Can Cabassa (Sant Cugat del Vallès), donde se localizaron dos necrópolis: una datada del siglo IV dC al VI dC y una segunda del siglo III dC al IV dC. Ambas necrópolis presentan enterramientos de tipologías diversas y cabe destacar la localización de individuos arrojados en silos en la primera necrópolis. El objetivo de este estudio es analizar posibles diferencias diacrónicas y en el rito funerario y el estado de salud de los individuos de las dos necrópolis.

Se ha llevado a cabo un análisis paleopatológico de 39 individuos correspondientes a la necrópolis del siglo IV-VI y 57 de la necrópolis del siglo III-IV.

Se han localizado lesiones asociadas al sobreesfuerzo físico características de poblaciones que practican la explotación intensiva del terreno, como son entesopatías, fracturas, hernias discales y otras patologías de la columna, en las dos necrópolis y en todas las tipologías de enterramiento. Destaca el caso de un individuo juvenil (cercano a los 16 años) con numerosos nódulos de Schmörl y una hernia discal en la región dorsal de la columna enterrado en ataúd de madera.

No se han encontrado evidencias osteológicas de una diferenciación social, o temporal a nivel del tipo de enterramiento. La falta de diferencias podría ser debida a que trabajadores de la tierra y esclavos realizaran el mismo tipo de trabajo, con lo que sólo habría una diferenciación social en cuanto al trato en la muerte, o a un cambio en la tipología de enterramiento con el tiempo.

Referencias

- [1] A. Chavarria. El final de las villae en Hispania (siglos IV-VII D.C.). *Bibliothèque de l'Antiquité Tardive*, vol. 7. Editorial Brepols publishers. Turnhout. 2007.
- [2] J. Roig. En: J. A. Quirós (ed.). *The archaeology of early medieval villages in Europe*. Documentos de Arqueología e Historia 1, Universidad del País Vasco, Bilbao, 2009, 207-251.

The 21st Century Identified Skeletal Collection housed at the University of Coimbra, Portugal

Maria Teresa Ferreira, Catarina Coelho, David Navega, João d'Oliveira Coelho, Calil Makhoul,
David Gonçalves, Francisco Curate, Eugénia Cunha

*Laboratory of Forensic Anthropology, Department of Life Sciences, University of Coimbra;
Centre for Functional Ecology, University of Coimbra, Coimbra, Portugal*

The purpose of this communication is to present new data concerning the 21st Century Identified Skeletal Collection, housed at the Laboratory of Forensic Anthropology, Department of Life Sciences, University of Coimbra. This collection is currently composed of 303 complete adult skeletons of both sexes. The skeletons consist almost exclusively of Portuguese nationals who died between 1982 and 2011 and have been exhumed from a public cemetery between 1999 and 2016. Female individuals represent 53.5% ($n = 162$) of the collection and the age at death ranges from 28 to 101 years old (mean: 80.97; s.d.: 12.86). Male sample is composed of 141 individuals (46.5%) with recorded age-at-death ranging from 25 to 97 years old (mean: 73.41; s.d.: 15.83). The state of preservation is good with few bones missing. The ribs, scapula, pelvic bones and the sacrum are the exceptions, with a poor preservation. Different types of orthopaedic prostheses (Moore's prosthesis, Thompson's prosthesis, and ceramic prosthesis) and other medical devices (i.e. prosthetic eyes, Liss plate, plaques with ender nails, external fixators, Küntscher nail, Bogota bag) are present. Parallel to this, a collection of experimentally burned identified skeletons is being created, already composed of a sample of 38 skeletons (23 females and 15 males) that have been experimentally burned, under different conditions of temperature and time duration. Although the collection is not yet fully processed, it was already the focus of several doctoral theses, master's dissertations and articles. More detailed information (i.e. medical records, cause of death, autopsy reports) is presently being collected. This collection constitutes a fundamental tool for forensic anthropology research, including development and validation studies of skeletal aging and sexing methods that target elderly adults.

Admixture histories and demographic impact of the slave trade in Latin American populations

C.A. Fortes-Lima¹, E.J. Parra², A. Ruiz-Linares³, M.C. Bortolini⁴, F. Migot-Nabias⁵, G. Bellis⁶, P. Verdu¹, M. Sikora⁷, H. Schroeder⁷, B. Marcheco-Teruel⁸, J.M. Dugoujon⁹.

¹Evolutionary Anthropology Group, UMR-7206 Ecological Anthropology and Ethnobiology (CNRS-MNHN-University Paris Diderot),.

Museum of Mankind, Paris 75016, France (cesar.fortes-lima@mnhn.fr)

²Department of Anthropology, University of Toronto, Mississauga, Canada

³MOE Key Laboratory of Contemporary Anthropology, Fudan University, Shanghai 200433, China

⁴Genetic Department, Federal University of Rio Grande do Sul, Porto Alegre 91501-970, Brazil

⁵Institute of Research for Development (IRD), Mother and Child Facing Tropical Infections (MERIT, UMR 216), Paris 93140, France

⁶National Institute for Demographic Studies (INED), Paris 75020, France

⁷Center for GeoGenetics, Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen, Copenhagen 1350, Denmark

⁸National Centre of Medical Genetics, Medical University of Havana, Havana, Cuba

⁹Evolutionary Medicine Group, Laboratory of Molecular Anthropology and Image Synthesis (AMIS, CNRS UMR-5288), University Paul Sabatier III, Toulouse, France

41

During the slave trade and after its abolition, admixture events among European settlers, enslaved Africans, and indigenous groups changed the genetic landscape of the New World. Current populations are a good case study to better understand complex models of admixture and migration events in populations having undergone the Slave Trade. Here, we investigate admixture histories and African diaspora in South American and Caribbean populations. We focused, respectively, on the demographic history of populations from Cuba, Colombia, French Guiana, and Brazil, with African, European, and indigenous ancestry. To do so, we genotyped genome-wide data in 105 South Americans, 957 Cubans, and 119 West African individuals from Benin, Ivory Coast, and Mali, a novel dataset that we merged with publicly available genome-wide data from worldwide populations. We applied both global and local ancestry inferences to obtain a fine-scale genetic perspective of their African, European, Native American and East Asian ancestries. We show that the Noir Marron population from French Guiana presents the highest levels of African genetic ancestry (98 +/- 2.8%) found in the New World, consistent with their escape from slavery early in the history of the slave trade, and their relative isolation since then [1]. Similarly, the Cuban, the African-Brazilian and the African-Colombian populations present variable historical admixture patterns, each consistent with their respective colonial past as attested by both historical and archaeological data. Finally, based on haplotype-based methods, we inferred the sub-continental ancestry and genetic links at both sides of the Atlantic, finding genetic ties between each Latin American population and specific regions in the African and European

Atlantic coasts. This study presents a genomic framework to reconstruct the putative population sources of admixed populations, and provides new insight into the recent admixture dynamics among human populations.

- [1] N. Brucato, O. Cassar, L. Tonasso, P. Tortevoye, F. Migot-Nabias, S. Plancou-laine, E. Guitard, G. Larrouy, A. Gessain, J.-M. Dugoujon. The imprint of the Slave Trade in an African American population: mitochondrial DNA, Y chromosome and HTLV-1 analysis in the Noir Marron of French Guiana. *BMC Evol. Biol.*, 2010, 10, 314.

Acknowledgements

This work was supported by the People Programme (Marie Curie Actions) of the European Union’s Seventh Framework Programme FP7/20072013 under REA grant agreement n° 317184. C.A.F-L was funded in part by the “*French Agence Nationale pour la Recherche*” grant METHIS (ANR-15-CE32-0009-01).

Contribution of dental tissues to sex determination in modern human populations

C. García-Campos^{1,2}, M. Martínón-Torres^{2,3}, L. Martín-Francés^{1,2}, M. Martínez de Pinillos^{1,2}, M. Modesto-Mata¹, B. Perea⁴, C. Zanolli⁵, J.M. Bermúdez de Castro^{1,2}.

1- Centro Nacional de Investigación sobre la Evolución Humana.

Paseo de la Sierra de Atapuerca 3, 09002, Burgos, Spain.

2- Anthropology Department, University College London. 14 Taviton Street, London WC1H 0BW, UK.

3- Laboratorio de Evolución Humana Departamento de Historia, Geografía y Comunicación.

Edificio I+D+i Plaza de Misael Bañuelos s/n, 09001, Burgos, Spain.

4- Escuela de Medicina Legal y Forense. Universidad Complutense de Madrid, Spain.

5- UMR 5288 CNRS, University Toulouse III - Paul Sabatier, France.

Introduction: Sex determination is an essential step in the post-mortem identification of skeletal remains. Given their overall greater resistance compared to that of other parts of the skeleton, teeth are considered useful elements in the study of mass fatalities or catastrophic events since there is a great probability to recover them intact. Among teeth, canines have shown the greatest sexual dimorphism. Through Discriminant Function Analysis, we have explored the potential for reliable sex estimation of volumetric and surface measurements from mandibular canine dental tissues.

43

Material and methods: The teeth included in this study (n=69) were selected from anthropological collections from Spain, South Africa and Sudan. In all cases, the sex of the individuals samples was known. The teeth were scanned and three-dimensional measurements were subsequently obtained. Discriminant function accuracy was tested on the original sample, using a cross validation and a hold-out sample.

Results: Our results showed that sexual dimorphism in canine size is due to males having greater amounts of dentine, whereas enamel volume does not overall contribute significantly to tooth size dimorphism. Classification accuracy of the multi-variable equations tested on slightly worn teeth ranged from 78% to 90.2% for the cross-validation, and from 71.43% to 84.62% for the hold-out sample validation. When we applied all of the functions together we obtained a 92.30% of correct assignments.

Conclusions: Our results suggest that the three-dimensional variables from mandibular canine dental tissues are highly useful for sex determination and their application should be considered as a supplemental method to others. 3D measurements counteract the effect of the dimension loss of classic 2D estimations, reflecting the dental morphology and the patterns of dental tissues distribution more accurately.

Evaluación de la posición costal en fósiles de Homínidos del Plioceno a través de medidas de la cabeza costal.

Daniel García Martínez¹, Eugenia Cunha², Markus Bastir¹

¹ Paleoanthropology Group, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC),
J. G. Abascal 2, 28006, Madrid, Spain.

² Departamento de Ciências da Vida (Centro de Ecología Funcional),
Universidade de Coimbra, Calçada Martim de Freitas 3000-456, Coimbra, Portugal

La evaluación de la posición de costillas fósiles de Homínidos, aisladas de su contexto anatómico, es crucial para poder evaluar su morfología torácica. Sin embargo, esto resulta complicado debido a la naturaleza fragmentaria de los fósiles y a la dificultad en encontrar caracteres discriminantes para evaluar la posición secuencial costal (1-12). Recientes estudios realizados en Neandertales [1], han encontrado que la morfología de la cabeza costal (ratio alto/ancho) contribuye a secuenciar fragmentos costales que presentan la cabeza preservada. Sin embargo, si esta medida es aplicable a homínidos diferentes de Neandertales, es algo desconocido hasta la fecha. Nosotros estudiamos diferentes restos costales de *Australopithecus* (MH1, MH2 y StW-431), de posición previamente conocida, cuantificando la ratio alto/ancho de la cabeza, para evaluar si dicho ratio es también aplicable para especies homínidas del Plioceno. Nosotros estudiamos esta ratio en un marco de anatomía comparada *Pan troglodytes* (N=130 costillas) y *Homo sapiens* (europeos, N=240 costillas; africanos, N=120 costillas), calculando intervalos de confianza del 95% para este valor en los diferentes niveles y para ambas especies. Nuestros resultados muestran que los restos de *Australopithecus sediba* (MH1 y MH2) entran dentro del rango de variabilidad esperado para *H. sapiens* de sus respectivos niveles costales y están fuera del rango de *Pan*. Sin embargo, *Australopithecus africanus* (Stw-431), se encuentra dentro del rango de *Pan* de su respectivo nivel, estando claramente separado del rango *H. sapiens*. Nuestros resultados sugieren que dicho ratio alto/ancho de la cabeza costal, es útil para evaluar la posición de costillas de otros homínidos no humanos, aunque en algunos casos (como StW-431) es necesario utilizar información de la morfología costal de *Pan* para obtener información de su posición en la secuencia costal (1-12). Futuros estudios habrán de incluir también restos costales de especies del Pleistoceno Inferior como *H. ergaster* u *H. antecessor*.

Referencias

- [1] García-Martínez, D., Bastir, M., Huguet, R., Estalrich, A., García-Tabernero, A., Ríos, L., Cunha, E., de la Rasilla, M., Rosas, A., in press. The costal remains of the El Sidrón Neandertal site (Asturias, northern Spain) and its importance for understanding the Neandertal thorax morphology. Journal of Human Evolution.

Aplicación de la morfometría geométrica en el estudio de la variabilidad craneal. Caracterización de un depósito sacrificial del epoclásico mexicano

María García Velasco¹

¹ *Instituto de Investigaciones Antropológicas. Universidad Nacional Autónoma de México.*

Círculo exterior. Ciudad Universitaria. Coyoacán. México.

mariagarciavelasco@hotmail.com

La morfometría geométrica resulta una técnica de gran valor a la hora de estudiar la variación de la morfología. Debido a su naturaleza de análisis estudia los cambios que se producen en la forma liberando a esta de factores externos como son la rotación, la escala o el tamaño. En el siguiente trabajo se presentan los resultados preliminares obtenidos a través del análisis de 56 cráneos provenientes de un depósito sacrificial ubicado en Xaltocan (Estado de México). La cronología a la que pertenecen es el periodo conocido como Epiclásico (700-900 dC), este conjunto de restos óseos es producto de un sacrificio por decapitación y podemos encontrar tres tipologías craneales distintas: mesocráneos, dolicoídes y otros que cuentan con modificación craneal tabular erecta. El objetivo de este análisis exploratorio se centró en la caracterización de los cráneos y el análisis de su dispersión y variación tomando en cuenta medidas craneométricas (GOL, BNL, BBH, XCB, WFB, XFB, NPH, NLB, BPL y ASB). Estos parámetros resultan muy útiles para examinar el comportamiento de la muestra y analizar los cambios en la forma y los valores que la definen. Una vez que se obtuvieron las distancias se realizó un análisis de componentes principales en el software estadístico *Past* para visualizar los ejes de máxima variación de la muestra y a qué factores es debida la misma. Los resultados que se obtuvieron fueron los siguientes; El PC1 representó el 41,2% de la variación y fue definido por los cambios en la longitud del cráneo. El PC2 define los cambios en la anchura de los cráneos y aporta el 23,9% a la variabilidad de la muestra.

45

Agradecimientos: Proyecto PAPIIT IN103815

Religion influence on life history traits heritability

A. Gavrus-Ion¹, Torstein Sjøvold², Miguel Hernández¹, Rolando González-José³, Neus Martínez-Abadías^{1, 5, 6}, María Esther Esteban Torné^{1, 4}, Mireia Esparza¹

¹ *Section of Zoology and Biological Anthropology, University of Barcelona, Barcelona, Spain.*

e-mail: alina.gavrus@gmail.com

² *Osteology Unit, Stockholm University, Sweden.*

³ *Instituto Patagónico de Ciencias Sociales y Humanas, Centro Nacional Patagónico, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Puerto Madryn, Argentina.*

⁴ *Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBIO), University of Barcelona, Barcelona, Spain.*

⁵ *Centre for Genomic Regulation (CRG), Barcelona, Spain.*

⁶ *Universitat Pompeu Fabra, Barcelona, Spain.*

Introduction

Reproductive fitness refers to the gene transfer from one generation to the subsequent one. Fitness traits or life history traits (LHT) include measurements of fertility and mortality and are influenced by both environmental and genetic factors. Economic, social and cultural factors influenced family size [1–3]. Although the influence of religion on pre-industrial populations has not been widely studied, some works in European post-industrial populations showed that religion (Catholicism and Protestantism) may affect fitness [4, 5].

46

The main goal of this contribution is to determine the degree of differences in the heritability values of LHT between Protestants and Catholics to check the influence of religion on fitness.

Material and methods

Hallstatt is an Austrian village located at 75 km south-east of Salzburg and it is considered that it remained isolated until the end of the 19th century [6]. During the period of analysis, from 1507 to 1906, the main economic activity was salt mining and until the 16th century the main religion was Catholicism. By the time, Lutheranism acquired adherents and the Hallstatt population was split up into two communities, although Catholics outnumbered Protestants [7, 8].

LHT have been determined for Catholic and Protestant records including lifespan, offspring, and age at birth of first and last child, reproductive span, and lifetime reproductive success. Heritabilities values have been estimated with SOLAR software [9].

Results and conclusions

Comparison between heritability values can provide a statistical evidence of differences between Catholic and Protestant values. Since religion seems to be also a sign of socio-economic status in Hallstatt, it is interesting to see the influence of this variable over fertility in pre-industrial populations.

References

- [1] Kosova G, Abney M, Ober C. Heritability of reproductive fitness traits in a human population. *PNAS* 2010; 107: 1772–1778.
- [2] Bolund E, Lummaa V. The effects of resource availability and demographic transition on the genetic correlation between number of children and grandchildren in humans. *Heredity* 2016; 1–7.
- [3] Pettay J, Helle S, Jokela J, et al. Natural selection on female life-history traits in relation to socio-economic class in pre-industrial human populations. *Plos One* 2007; 2(7): e606.
- [4] Peri-Rotem N. Religion and fertility in Western Europe: trends across cohorts in Britain, France and the Netherlands. *European Journal of Population* 2016; 32: 231–265.
- [5] McGregor P, McKee P. Religion and fertility in contemporary Northern Ireland. *European Journal of Population* 2016; 32: 599–622.
- [6] Sjøvold T. Testing assumptions for skeletal studies by means of identified skulls from Hallstatt, Austria. In: Saunders S, Herring A (eds) *Grave Reflections: Portraying the Past through Cemetery Studies*. Toronto: Canadian Scholars Press Inc, 1995, pp. 241–581.
- [7] Martínez-Abadías N. *Evolutionary patterns of human skull. A quantitative genetic analysis of craniofacial phenotypic variation*. University of Barcelona, 2005.
- [8] Esparza M, Martínez-Abadías N, Sjøvold T, et al. Comparison between inbreeding analyses methodologies. *Collegium Antropologicum* 2015; 39(4): 843–846.
- [9] Almasy L, Blangero J. Multipoint quantitative trait linkage analysis in general pedigree. *American Journal of Human Genetics* 1998; 62: 1198–1211.

Population structure and admixture patterns in southern angola based on expanded exome sequences

M. Gayà-Vidal¹, S. Oliveira^{1,2}, J. Almeida^{1,2}, A-M. Fehn^{1,3}, J. Rocha^{1,2}.

*1 CIBIO/InBIO: Research Centre in Biodiversity and Genetic Resources,
Vairão 4485-661, Portugal, magdagaya@gmail.com.*

*2 Departamento de Biología, Faculdade de Ciências, Universidade do Porto,
Porto 4169-007, Portugal.*

3 Max Planck Institute for the Science of Human History, Jena 07745, Germany.

Introduction. Southern Africa has attracted much attention due to its role in human population history. However, it has been mostly studied by using limited sets of markers, or genome-wide SNP-arrays that may have ascertainment bias. Most of these studies are based on few groups such as Khoisan hunter-gatherers or Bantu-speaking agriculturalists, without considering the complex patterns generated by the confluence of different population movements. Southern Angola is a region that provides an ideal framework to examine the history of southern Africa since it is likely to have been settled by peoples associated with major migratory movements into the area, like the Bantu expansion, and a hypothetical intrusion of eastern African Pre-Bantu pastoralists who entered regions inhabited by Khoisan hunter-gatherers. Our objective is to obtain genomic data without ascertainment bias on populations from this contact zone to disentangle the most important migratory events that shaped the current patterns of human diversity in southern Africa.

48

Material and Methods. We have sequenced the Expanded Exome (Nextera kit from Illumina) of 70 individuals from Southern Africa, belonging to 10 different populations, eight of them from Angola, that speak different languages and have different subsistence methods. The average coverage per individual is 16X. After quality control filters, our data has been integrated with available datasets. We have investigated population structure and admixture patterns in these populations.

Results. Preliminary results show a separation of the !Xun-speaking Khoisan from the other non-Khoisan populations. Of those, the Bantu-speaking groups that dominate the scene of southern Angola (i.e Himba, Kuvale, Ovimbundu) are quite homogeneous and cluster together, whereas other minor groups are rather scattered and separated, and might reveal a genetic component specific of this area. Conclusion. Our results give new insights into the migratory events that have shaped the current genetic diversity of Southern African populations.

New clues from mtDNA mitogenomes and Y Chromosome haplotypes in Central Pyrenees: What's new on the Northern face?

Morgane Gibert¹, Patricia Balaresque¹, Solene Delon¹, Didier Galop², Andreia Moreira¹,
Apolline Ponchet¹, Stéphanie Schiavinato¹, Laure Tonasso¹, André Sevin¹

1. Laboratoire AMIS, UMR 5288, CNRS Université de Toulouse 3 Paul Sabatier,
31000 Toulouse, France ; e-mail :morgane.gibert@univ-tlse3.fr
2. Laboratoire GEODE, UMR 5602 CNRS Université Toulouse 2 Jean Jaurès,
31000 Toulouse, France

The genetic landscape of Pyrenean population has been widely surveyed. However, central populations from the northern face of the Pyrenees are still poorly characterized for both mtDNA and Y chromosome diversity. We present the first complete mitochondrial sequences and Y chromosome haplotype analyses (Y-STRs and SNPs) for a central population from the French Pyrenees.

This study aims at investigating the paternal and maternal lineages from French Central Pyrenean population in the larger Pyrenean context.

49

Individuals were sampled in the Valley of Videssos (department of Ariège, France) ranging from Auzat to Tarascon villages. Individuals do not necessarily live in this Valley but were unrelated, with grand-father and/or grand-mother originated from this area. 108 individuals were sequenced for mitochondrial data and 67 males for Y-STR (Y-filer Kit, CombiPlex) and additional SNPs by minisequencing and SNAPshot.

Our population shows close genetic similarity to those from neighbouring Pyrenean Valleys but also present some specificity. A high proportion of chromosomes R1b1b2-M269 and especially R1b1b2d-SRY(2627) is evidenced on the central French side of the Pyrenees and sustained the hypothesis that this subclade originated somewhere in the central/eastern Pyrenees. The presence of the U5b3, a mitochondrial sub-haplogroup supposed to find its origin in the Italian Peninsula, is also among the main characteristics.

Muéstrame tus dientes y te diré dónde eres: Un abordaje preliminar al estudio comparativo de la morfología dental en dos muestras contemporáneas de Chile y Portugal.

Ricardo Gomes^{1,2}, Inês Leandro³, Inês Oliveira-Santos³, Ana María Silva^{2,3}

¹*Carrera de Antropología, Universidad de Concepción, Chile, Victor Lamas 1290,
rafonsodemelo@udec.cl*

²*Centro de Ecología Funcional, Facultad de Ciencias y Tencología de la
Universidad de Coímbra, Portugal*

³*Centro de Investigación en Antropología y Salud (CIAS),
Departamento de Ciencias de la Vida de la Universidad de Coímbra*

La herencia de determinados rasgos dentales los torna muy útiles para el estudio de las afiliaciones poblaciones a nivel evolutivo, forense y arqueológico. Esta investigación tiene por objetivo comparar la frecuencia de caracteres morfológicos dentales en dos poblaciones distintas. Para esto, se estudiaron preliminarmente 14 individuos (11 femeninos, 3 masculinos, = 25 años) de Coímbra, Portugal y 23 individuos (17 masculinos, 6 femeninos, = 18 años) de Concepción, Chile. Para observar estos caracteres, se fabricaron réplicas dentales y posteriormente se identificó la presencia/ausencia y grado de expresión, en base al sistema ASUDAS [1]. Los resultados exponen que en la muestra Chilena hay una predominancia de incisivos con pala y doble pala (73,9% para ambos), al revés de la muestra portuguesa (7,1% y 0%). Se puede observar también que el tubérculo dental, la cresta distal del canino y la cúspide 5, tienen una presencia superior en población chilena. Cabe destacar, que el hipocono tiene mayor frecuencia la muestra de Coímbra (92.5%) comparativamente a la de Concepción (65.2%) y que la cúspide de carabelli tiene presencia similar en las dos muestras (35,7% y 30,4%). Estos resultados están de acuerdo a lo planteado en la literatura. Por ejemplo, los incisivos en forma de pala o dupla pala son rasgos observados predominantemente en poblaciones americanas o asiáticas [2]. Se destacan las frecuencias obtenidas para el hipocono, ya que según estudios anteriores, su porcentaje a nivel mundial es bajo, pero su frecuencia está más asociada a poblaciones europeas [3]. Se enfatizan los resultados similares en la cúspide de carabelli, más común en población europea. Sin embargo, su frecuencia se puede deber a las varias olas migratorias de europa hacia América. Se reitera que estos resultados son exploratorios, en este momento el equipo se encuentra en proceso de aumentar la muestra para tener datos más significativos.

Referencias

- [1] C. Turner, C. Nichol, G. Scott. Advances in Dental Anthropology. 1a ed., Wiley-Liss, Inc., Nueva York. 1991.
- [2] N. Aragón, C. Bastidas, L. Bedón, P. Duque, M. Sánchez, S. Rivera, F. Triana, N. Bedoya, F. Moreno. Rev. Odon. Mex., 2008, 12, 13-28.
- [3] G. Scott. Journal of Dental Research, 57, 570.

Mejora de la situación nutricional de los escolares durante su estancia en las colonias del Museo Pedagógico Nacional

M. González-Montero de Espinosa (1), N. López-Ejeda (1), MD. Marrodán (1)

Grupo de Investigación EPINUT-UCM (ref.920325). Facultad de Medicina.

Universidad Complutense de Madrid. Plaza de Ramón y Cajal, s/n. c

Email: mglezmontero@gmail.com

Introducción

El Museo Pedagógico Nacional (MPN), fundado por la Institución Libre de Enseñanza (ILE), a finales del XIX organizó (1887-1926) colonias de vacaciones para escolares de ambos性os, elegidos entre los más pobres de las escuelas públicas madrileñas.

Estas colonias recogieron a la entrada y salida numerosas variables métricas y fisiológicas de cada asistente, que se anotaban en hojas antropológicas diseñadas al efecto.

Esta ponencia analiza la dieta en las colonias y la situación nutricional de los estudiantes antes y después de su estancia.

51

Metodología

Las fuentes de información son primarias, aportadas por el MPN.

Hemos recopilado talla y peso de 1019 varones y 917 mujeres entre 7 y 15 años, al llegar y salir de la colonia y hemos calculado los Índices de Masa Corporal (IMC) correspondientes. También hemos analizado la alimentación en las colonias.

En función de la edad y sexo comparamos los pesos de llegada y partida con referencias de la época y los IMCs con patrones actuales de la OMS.

Se ha utilizado el software SPSS v.22 y el AnthroPlus de la OMS.

Resultados

La estancia en la colonia era en promedio de $23,53 \pm 3,07$ días. En este tiempo los escolares ganaron en peso una media de 1.83 kg., en la muestra global (DS 1.27) y en varones (DS 1.39), siendo de 1.82 en mujeres (DS 1.1).

Ambos性os mostraron a la entrada pesos inferiores a las referencias contemporáneas de Blanco (1920) y Quetelet (1836) e IMCs más bajos que el actual de la OMS. Sin embargo a la salida mejoraron tanto el peso como los IMCs, respecto a los patrones aludidos. El análisis de la dieta demuestra que era sumamente saludable.

Conclusiones

Durante su estancia en las colonias los escolares mejoraron el peso y el IMC. La alimentación repercutió positivamente en su condición nutricional.

Estudio de las impresiones palmares en una muestra de varones afectados por déficit de atención e hiperactividad (TDAH)

E. Gutiérrez-Redomero^{1,3}, A. Sánchez-Andrés^{1,3}, N. Rivaldería^{1,3}, C. Alonso^{2,3}

¹ Universidad de Alcalá, Dpto. Ciencias de la Vida, Fac. Biología, CC. Ambientales y Química.

28805 Alcalá de Henares, esperanza.gutierrez@uah.es

² Dpto. Física y Matemáticas. Universidad de Alcalá.

³ Instituto Universitario de Investigación en Ciencias Policiales (IUICP)

Diversos estudios han demostrado la importancia de los dermatoglifos como marcadores de la alteración prenatal en los trastornos del desarrollo de origen desconocido. Dado que los factores genéticos y no genéticos, están implicados en la etiología del Trastorno por Déficit de Atención e Hiperactividad (TDAH), el objetivo del presente estudio fue analizar los dermatoglifos palmares, incluidos los pliegues de flexión, para su aplicación clínica como marcadores de estrés prenatal ambiental en niños afectados por TDAH. Para ello, se utilizó una muestra de 71 varones afectados por el trastorno y una muestra control de 409 individuos, de ambos性 (205 varones y 204 mujeres).

52

Los resultados obtenidos muestran un patrón similar en ambos sexos para las terminaciones de las líneas principales, presentando un mayor dimorfismo bimanual que sexual, encontrándose diferencias significativas entre los varones control y TDAH para las terminaciones A, B y C. Respecto a la fórmula palmar, ambos grupos presentaron una mayor frecuencia para el tipo α, mientras que para los pliegues de flexión palmares, tanto el pliegue de los cuatro dedos, como la línea Sidney, fueron encontrados con mayor frecuencia en los varones afectados por TDAH. Estos resultados sugieren, que los factores ambientales que actúan durante el desarrollo temprano, o los mecanismos implicados en la interacción del genotipo y el medio ambiente, podrían estar involucrados en la etiología de algunos casos de TDAH.

Aproximación a la causa y circunstancia de muerte en Antropología Forense: Análisis de lesiones traumáticas tipo perimortem en una muestra osteológica de la colección “Cementerio General de Santiago”

Nestor Hernández¹, Erika Reyes²

¹ Universidad de Concepción, Víctor Lamas 1290, nestor.hernandezc.93@gmail.com

² Universidad de Concepción, Víctor Lamas 1290, erikareyesbaeza@gmail.com

Las lesiones o traumas nos ayudan a poder inferir ciertas actividades a las que se dedicaban las personas, así como sus patrones de comportamiento. Existen también, aspectos socioculturales como los sacrificios humanos, la alteración intencional de las estructuras corporales, la violencia interpersonal, las guerras y los procedimientos terapéuticos, entre otros, que pudieron ser la causa de patrones de trauma diferenciales entre los grupos humanos ya sean del pasado prehistórico o actual (Goodman y Martin, 2002; Rodríguez, 2006). Para la realización de este trabajo se utiliza una muestra osteológica proveniente de la colección “Cementerio General de Santiago” con un total de 14 individuos que presentan lesiones tipo *perimortem* con su debido registro *antemortem* para luego realizar una comparación entre lo registrado en la ficha de autopsia, más la observación de los restos óseos con el diagnóstico diferencial de lesiones aplicado. Del total de la muestra, diez individuos presentan lesiones tipo contundente, tres con lesión por arma de fuego y un único individuo con lesión tipo cortante. Bajo este parámetro general de la investigación se pudo comprobar que, efectivamente, el/la antropólogo/a forense puede llegar a contribuir al diagnóstico de causa y circunstancia de muerte bajo un marco etiológico médico-legal con base a la observación de restos óseos humanos y, además, agregar el factor social que puede entregar el/la antropólogo/a, ya que la mera posibilidad de estudiar estos individuos nos permite rescatar un momento histórico de la ciudad de Santiago, entendiendo el contexto social, cultural y económico de una parte de su población en un determinado tiempo.

53

Referencias

- [1] A.H. Goodman, D.L. Martin. Reconstructing health profiles from skeletal remains. En: The Backbone of History: Health and Nutrition in the Western Hemisphere. Steckel, R.H. y Rose J.C. Cambridge University Press, United Kingdom. 2002.
- [2] M.A. Rodriguez. Testimonios de discriminación: historias vivas. SEP, Coordinación General de Educación Intercultural y Bilingüe, México. 2006.

La persistencia de la lactasa como marcador biocultural. Diversidad genómica humana en el extremo occidental del mediterráneo

Candela L. Hernández¹, Luisa Pereira^{2,3}, Jean M. Dugoujon⁴, Andrea Novelletto⁵, Pedro Cuesta⁶
& Rosario Calderón¹

¹Departamento de Zoología y Antropología Física. Facultad de Biología
Universidad Complutense de Madrid. 28040 MADRID (España)

²Instituto de Patología e Immunología Molecular da Universidade do Porto (IPATIMUP).
4200-135 PORTO (Portugal)

³Instituto de Investigação e Inovação em Saúde (i3S), Universidade do Porto.
4200-135 PORTO (Portugal)

⁴CNRS UMR 5288 Laboratoire d'Anthropologie Moléculaire et d'Imagerie de Synthèse (AMIS),
Université Paul Sabatier Toulouse III. TOULOUSE (Francia)

⁵Dipartimento di Biologia, Università Tor Vergata. ROMA (Italia)

⁶Centro de Proceso de Datos, Universidad Complutense. MADRID (España)

Objetivo. La historia evolutiva humana reciente se ha visto modelada por diversas presiones selectivas las cuales han introducido variaciones en nuestro genoma y modificado nuestro fenotipo. Estos agentes ambientales están en relación con episodios de nuestro pasado, tales como la colonización de nuevas áreas continentales, la expansión de la agricultura y los cambios en la dieta. La persistencia de la lactasa (LP) es una adaptación biocultural clave que supone la expresión continuada de esta enzima en la edad adulta. En el presente trabajo se aborda por primera vez la caracterización molecular del rasgo LP en el extremo meridional de la Península Ibérica.

Material y Métodos. Se han genotipado 5 marcadores bialélicos (SNPs) asociados con la LP en 322 individuos andaluces autóctonos de las provincias de Huelva y Granada. La presencia de estos marcadores está determinada por el origen geográfico de la población: -13910 C/T y -22018 G/A se relacionan con la LP en Europa, mientras que -13907 C/G, -13915 T/G y -14010 G/C son relevantes en el África subsahariana, Arabia y el Oriente Próximo. Nuestro trabajo pretende ampliar la caracterización genética de la condición LP a otras poblaciones del Mediterráneo occidental, mediante el análisis de muestras del sur de Portugal y de Bereberes de Marruecos.

Resultados. Se detectaron frecuencias similares (~0,40) de los alelos derivados -13910*T y -22018*A en ambas poblaciones andaluzas, datos que se ajustan a lo observado en otros estudios para el sudoeste de Europa. Los marcadores -13915 T/G y -14010 G/C son monomórficos en Andalucía. Sin embargo, se ha observado un individuo heterocigoto para el polimorfismo -13907 C/G, asociado con poblaciones subsaharianas.

Conclusión. La variación molecular del marcador LP en el sur de Iberia, junto con los datos disponibles de otras poblaciones mediterráneas, europeas y africanas, revela la influencia que supuso la transición neolítica y, por tanto, la asimilación de prácticas agrícolas y ganaderas, en la composición genética humana y en la acumulación de características adaptativas locales.

La inmigración en barcelona en la época de la industrialización: Las estadísticas vitales del año 1842

M. Hernández¹, A. Benítez, L. Sayago, R. Sin

¹Dept. BEECA, Universitat de Barcelona, Fac. Biología, Diagonal 643, Barcelona.

e-mail: mhernandez@ub.edu

Objetivos: Se pretende evaluar la incidencia de la inmigración a partir de los datos de las estadísticas vitales (nacimientos, matrimonios y defunciones). Se comparan autóctonos e inmigrantes.

Material y Métodos: Las bases de datos constan de 4192 nacimientos, 1430 matrimonios y 4788 defunciones. Se han obtenido los orígenes y la endogamia de las parejas (padres, abuelos, esposos) y se ha comparado con los resultados de los matrimonios censados en 1986. Tratamientos estadísticos con SPSS.

Resultados: Más de la mitad de la población barcelonesa en 1842 tiene un origen foráneo. La endogamia barcelonesa de las parejas de cónyuges en los matrimonios o de padres y abuelos de los nacimientos no supera el 25 %.

55

Tanto las madres barcelonesas como las foráneas tienen un mayor número de hijos en invierno y primavera, y los nacimientos son más frecuentes en las horas de la madrugada y la mañana.

Las edades medias al matrimonio en solteros son 26,6 (hombres) y 23,9 (mujeres), siendo en foráneos superiores a las de los autóctonos. Se casaban más viudos barceloneses que foráneos, mientras que en las mujeres ocurría lo contrario.

La edad media de las defunciones es de 27,1 años. Las enfermedades infecciosas provocaban el 57 % del total de las defunciones. El 46,2 % de las defunciones son de niños menores de 10 años.

Conclusión: Los datos más antiguos del Registro civil de Barcelona muestran que la inmigración efectiva ya representaba un 60 % de la población barcelonesa, valores que se mantuvieron en el siglo XX. En la mayoría de variables se observa una homogeneización entre autóctonos e inmigrantes.

Análisis osteológico de los nuevos restos encontrados en la cueva de la Garma (Cantabria, España)

Antonio Higuero, Pablo Arias y Roberto Ontañón.

Objetivos:

- Analizar los restos esqueléticos pertenecientes a este individuo (sexo, edad, estatura, patologías...).
- Estudiar la particular tafonomía del depósito como los cambios asociados a la coloración y colocación del esqueleto.
- Usar el ajuar funerario asociado al individuo mismo para situarlo dentro de su contexto histórico y social.

Material y métodos:

- El individuo, que se encontró en el nivel hidrostático del monte de la Garma (Cantabria), se encontraba parcialmente conservado. Los restos fueron analizados *in situ* y fotografiados para recoger y documentar la mayor información posible.
- El sexo del individuo se estimó usando el cráneo mediante la metodología de Buikstra y Ubelaker, mientras que la estimación de la edad se realizó usando análisis transicional (Boldsen *et al* 2002) y el programa informático ADBOU. La estatura fue estimada usando diferentes fórmulas de regresión lineal.
- Las medidas craneométricas y de diferentes huesos largos se tomaron usando un compás de ramas curvas y una tabla osteométrica.

56

Resultados:

- El esqueleto pertenece a un individuo varón adulto, probablemente procedente de alto status debido al ajuar que le acompañaba.
- La coloración de los restos esqueléticos se debe al alto contenido en manganeso de las aguas presentes en el nivel en el que se encontró al individuo, tiñendo también las rocas del mismo. Mientras que la colocación de los restos está directamente relacionada con los ciclos de crecidas y bajadas de agua presentes en dicho nivel.

Conclusión: El individuo encontrado en el nivel hidrostático del monte de la Garma era un varón en edad adulta que, una vez muerto, fue trasladado hasta el interior de la cueva donde fue depositado, acompañado de un ajuar que evidenciaba su alto rango.

Factores ambientales modificables y obesidad

M^a Eugenia Ibáñez¹, Alaitz Poveda², Esther Rebato¹

1 Universidad del País Vasco-Euskal Herriko Unibertsitatea,

Apdo. 644-48080 Bilbao (España), mariaeugenia.ibanez@ehu.es, esther.rebato@ehu.eus,

2 Genetic and Molecular Epidemiology Unit, Department of Clinical Sciences, Lund University

Diabetes Centre, Lund University, SE-205 02 Malmö (Sweden), alaitz.poveda@med.lu.se

En las últimas décadas se ha producido un notable incremento en las tasas de obesidad a nivel mundial. Aunque los factores genéticos contribuyen a la variabilidad individual de los fenotipos de obesidad, no explican por sí solos su elevada incidencia poblacional. Los factores biodemográficos, socioeconómicos y el modo de vida (principalmente a través de la alimentación y la actividad física) constituyen factores de riesgo, en algunos casos modificables.

El objetivo del estudio es determinar la contribución relativa de diversos factores modificables relacionados con el modo de vida en el desarrollo de la obesidad.

Se analizaron 318 mujeres y 203 hombres de entre 18 y 80 años, residentes en el País Vasco. Se obtuvo información sobre 14 variables ambientales modificables, además de datos biodemográficos y socioeconómicos (SES), mediante entrevista personal. Como indicadores antropométricos de obesidad se usaron el Índice de Masa Corporal (IMC) ($\geq 30 \text{ kg/m}^2$), la circunferencia de la cintura (CC) (mujeres: $> 88 \text{ cm}$; hombres: $> 102 \text{ cm}$) y el índice cintura-cadera (ICC) (mujeres: $\geq 0,85$; hombres: $\geq 0,90$). El diseño fue caso-control y se utilizó la regresión logística binaria para identificar el riesgo relativo de los factores predictivos de la obesidad (SPSS Statistics 23).

57

En el modelo ajustado para el sexo, la edad y el SES, se observa que las horas empleadas en ver la televisión, la calidad del sueño, el número de ingestas diarias y el tabaquismo aumentan el riesgo de obesidad. Por su parte, el deporte, el tiempo dedicado a la comida principal y el consumo moderado de alcohol se asocian con una disminución de dicho riesgo.

En conclusión, en la muestra estudiada la obesidad se asocia con factores ambientales modificables, sobre los que se pueden ejercer acciones de tipo preventivo a nivel individual y poblacional.

Aproximación al estudio de dietas de poblaciones rurales medievales: San Baudilio de Berlanga

S. A. Jiménez-Brobei¹, M. Espinar², Z. Laffranchi¹, A. Delgado Huertas³,
R.M. Maroto¹

¹ Depto. de Medicina Legal, Toxicología y Antropología Física. Universidad de Granada.

Facultad de Medicina. Campus de la Salud. 18071 GRANADA. jbrobeil@ugr.es

² Depto. de Historia Medieval. Universidad de Granada. Facultad de Filosofía y Letras.

Campus de Cartuja. 18071 GRANADA

³ Instituto Andaluz de Ciencias de la Tierra. C.S.I.C. Avda de las Palmeras.

18100 ARMILLA (Granada)

Una interesante línea de investigación es la vinculada con el estudio de dietas de poblaciones del pasado en la que se integren evidencias esqueléticas, arqueológicas e históricas. Las poblaciones medievales ofrecen una combinación de los tres tipos de evidencias y el estudio de las dietas viene a ampliar la información sobre las mismas a la vez que indaga en aspectos menos conocidos. Este trabajo es una aproximación a este tipo de estudios y se centra en el análisis de una población medieval rural.

58

Los isotopos estables aportan datos cuantitativos que pueden integrarse con otros datos cualitativos de tipo histórico. En este contexto, se estudió la composición isotópica ($\delta^{15}\text{N}$ y $\delta^{13}\text{C}$) de muestras de costillas de 20 individuos (13 ♂ y 7 ♀), hallados en excavaciones arqueológicas en el yacimiento de San Baudilio de Berlanga (Berlanga de Duero, Soria), y datados en el siglo XII por el tipo de las tumbas.

Los valores medios obtenidos para los varones son $\delta^{15}\text{N}$ 10.45 +0.53‰ (AIR) y $\delta^{13}\text{C}$ -18.34 + 0.41‰ (V-PDB). Para las mujeres son $\delta^{15}\text{N}$ 10.04 + 0.49‰ (AIR) y $\delta^{13}\text{C}$ -17.96 + 0.15‰ (V-PDB). A la espera de obtener datos de herbívoros de esa cronología, se puede indicar que la mayoría de los individuos están en la misma posición de la cadena trófica y, a priori, son coherentes con una dieta omnívora con una fuente apreciable de proteínas de origen animal. Los datos de $\delta^{13}\text{C}$ indican un uso mayoritario de plantas C3.

Por otra parte, aunque los resultados sugieren diferencias entre sexos, éstas no alcanzan significación estadística. La muestra estudiada es muy pequeña y solo arroja datos provisionales. Es de esperar que los futuros análisis sobre otras poblaciones medievales castellanas permitan obtener conclusiones fiables sobre sus dietas.

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto HAR2016-75788.

Caracterización espectroscópica del húmero en crecimiento en colecciones arqueológicas/ Spectroscopic characterisation of growing humerus in archaeological collections

O. López-Costas¹, I. Lecoq Molinos, A. Martínez Cortizas

¹ Group Earth System Science, Facultade de Bioloxía,

Universidade de Santiago de Compostela, avda. Lópe Gomez de Marzoa s/n cp15782
Santiago de Compostela, Spain;

olalla.lopez@usc.es; olallalc@gmail.com

El crecimiento óseo es un proceso complejo que depende de muchos factores, ambientales y genéticos. Las diáfisis de los huesos largos experimentan un alargamiento en sus extremos por osificación endocondral a la vez que un aumento de volumen a lo largo de todo el hueso. El objetivo principal de este trabajo fue analizar la composición y estructura del hueso cortical de diáfisis y ver si existen cambios relacionados con el tipo de crecimiento (longitud/grosor). Para ello se analizaron los humeros (15) de los subadultos menores de 19 años pertenecientes a dos depósitos funerarios de la necrópolis de A Lanzada (Pontevedra, España) (siglos I al VII d C.) mediante espectroscopia (FTIR-ATR), una técnica no destructiva que requiere pequeñas cantidades de muestra. Se tomaron cinco muestras por hueso (71 muestras en total): tres a lo largo de la diáfisis central (DC) y dos próximas a las metáfisis (DM), proximal y distal. Los espectros fueron transformados en segunda derivada y las bandas de absorción analizadas mediante análisis de componentes principales y de la varianza.

59

Hemos encontrado que el material estudiado presenta señales espectroscópicas relacionadas con i) la matriz inorgánica del hueso (la hidroxiapatita), ii) el contenido proteico (principalmente colágeno), iii) la presencia de partículas finas adheridas al hueso. Estas últimas parecen estar más relacionadas con la limpieza de la pieza y el método de muestreo. Los dos depósitos presentan diferencias significativas en la cantidad de hidroxiapatita y colágeno, por lo que es importante tener en cuenta la colección analizada y los factores postmortem en futuros análisis. En ambas colecciones las muestras DC tienen una cantidad significativamente mayor de hidroxiapatita y colágeno que las DM, lo que se relaciona bien con el tipo de crecimiento en cada área. Finalmente, aunque no es significativo, se observa un menor contenido de hidroxiapatita en menores de 6 años.

Bone growth is a complex process influenced by many environmental and genetic factors. Long bone shafts are lengthening in their ends by endochondral ossification and widening all along the surface. The aim of this study was to analyze the composition and structure of cortical bone in shafts and to observe changes related to the type of growth (length/wide). Humerus (15) from two funerary deposits belonging to A Lanzada necropolis (Pontevedra, NW Spain) were analysed by FTIR-ATR, a non-destructive spectroscopic technique with small sample requirements. Five samples were taken in every shaft (71 in total): three along the central diaphysis (DC) and two close to the proximal and distal metaphyses (DM). Spectra were transformed into second derivative and principal components and variance analyses were applied.

We found that the material has spectroscopic signals related to i) the quantity of hydroxyapatite; ii) the content of bone organic component i.e. collagen; and iii) fine particles adhered to the bone. The later seem to be more related with the cleaning process or the sampling method. The two deposits presented significantly different quantities of hydroxyapatite and collagen, which may be related to post-mortem factors, therefore for future analyses the collection should also be considered. For both collections, DC samples showed significantly higher contents of hydroxyapatite and collagen than DF, which may be connected to the differential type of growth. Finally, infants younger than 6 years old presented a lower, although not significant, content of hydroxyapatite.

Influencia de la actividad física y el sedentarismo en el estado nutricional de escolares españoles y mexicanos con elevada predisposición genética a la obesidad

N. López-Ejeda^{1,2}, M.D. Marrodán^{1,2}, J.M. Meléndez-Torres³, M.D. Cabañas¹,
M. Cervantes-Borunda⁴, R.P. Hernández-Torres⁴, M.L. de la Torre-Díaz⁴,
Z.P. Benítez-Hernández⁴.

¹Grupo de investigación EPINUT. Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid.
Plaza de Ramón y Cajal s/n. C.P. 28040, Madrid (España). noemilop@ucm.es

²Dpto. Zoología y Antropología Física, Facultad de CC. Biológicas, Universidad Complutense
de Madrid. c/ Jose Antonio Novais, 12. C.P. 28040. Madrid (España).

³Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo.

Carretera de la Victoria km 0,6, Hermosillo, Sonora (México)

⁴Cuerpo Académico 27, Facultad de Ciencias de la Cultura Física,
Universidad Autónoma de Chihuahua. Paseos de Chihuahua, 31125 (México)

Introducción: La obesidad depende de la herencia y factores ambientales entre ellos, los comportamientos que disminuyen el gasto energético. El objetivo es valorar la posible influencia del nivel de actividad física y sedentarismo sobre el exceso de peso y adiposidad en una muestra de escolares españoles y mexicanos, teniendo en cuenta su riesgo genético (RG).

61

Metodología: Participaron 212 escolares de Madrid (España) y 151 de Hermosillo y Chihuahua (México) entre 6-14 años. Se valoró su estado nutricional mediante el índice de masa corporal y porcentaje de grasa estimado a partir de pliegues adiposos. En 100 españoles y 113 mexicanos, se calculó la puntuación de RG a partir de 10 polimorfismos (SNPs) asociados con obesidad infantil. Se registraron las horas diarias de deporte extraescolar, ejercicio recreacional y actividades realizadas sentado o tumbado que representan un mínimo gasto energético (ver televisión, usar dispositivos electrónicos, deberes, transporte, entre otros).

Resultados: Los mexicanos tienen mayor prevalencia de sobrecarga ponderal que los españoles (37,3% vs. 23,7%; p=0,001) aunque el exceso de adiposidad no difiere entre poblaciones (41,6% vs. 40,8%). Los primeros son más activos (realizan 1h/día de actividad física: 38,8% vs. 34%; más de 2h/día de actividades sedentarias: 78,3% vs. 88%). Aunque la serie española resultó con mayor RG de obesidad (6,15 vs. 5,38 puntos; p=0,023), dentro del grupo de elevada predisposición genética, realizar menos de 1h/día de actividad física incrementa la probabilidad de sobrecarga ponderal en españoles (OR=5,48) y de exceso de grasa en mexicanos (OR=6,48). Practicar actividades sedentarias durante más de 2h/día de se vincula estrechamente con el sobrepeso y obesidad (mexicanos OR=4,24; españoles OR=3,43) y con la adiposidad excesiva en los primeros (OR=2,32).

Conclusiones: El bajo nivel de actividad física y elevado sedentarismo aumenta notablemente el riesgo de exceso de peso y grasa en los escolares con predisposición genética a la obesidad.

The genetic legacy of Zoroastrianism in Iran and India.

S. López¹, M. G. Thomas¹, G. Hellenthal¹

¹ University College London, Gower St, London (UK), saioa.lopez@ucl.ac.uk

Zoroastrianism is one of the oldest extant religions in the world, originating in Persia (present-day Iran) during the second millennium BCE. Historical records indicate that migrants from Persia brought Zoroastrianism to India, but there is debate over the timing of these migrations. Here we present novel genome-wide autosomal, Y-chromosome and mitochondrial data from Iranian and Indian Zoroastrians and neighbouring modern-day Indian and Iranian populations to conduct the first genome-wide genetic analysis in these groups. Using powerful haplotype-based techniques, we show that Zoroastrians in Iran and India show increased genetic homogeneity relative to other sampled groups in their respective countries, consistent with their current practices of endogamy. Despite this, we show that Indian Zoroastrians (Parsis) intermixed with local groups sometime after their arrival in India, dating this mixture to 690-1390 CE and providing strong evidence that the migrating group was largely comprised of Zoroastrian males. By exploiting the rich information in DNA from ancient human remains, we also highlight admixture in the ancestors of Iranian Zoroastrians dated to 570 BCE-746 CE, older than admixture seen in any other sampled Iranian group, consistent with a long-standing isolation of Zoroastrians from outside groups. Finally, we report genomic regions showing signatures of positive selection in present-day Zoroastrians that might correlate to the prevalence of particular diseases amongst these communities.

Análisis mediante morfología dental del desarrollo del neolítico en el noreste de la Península Ibérica

D. Lopez-Onaindia¹, JF. Gibaja²/ ME. Subirà¹

¹ GRAPAC, Grup de Recerca Aplicada al Patrimoni Cultural, Unitat d'Antropologia Biològica, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona.
08193 Bellaterra, Barcelona, Spain, diego20lopez@gmail.com
² Archeology of Social Dynamics, Institución Milá y Fontanals, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IMF-CSIC), Barcelona, Spain.

La Neolitización en la Península Ibérica fue un proceso complejo y con diferencias en las varias regiones, así como lo sugieren los resultados de estudios cronológicos [1], genéticos [2,3], arqueofaunísticos y arqueobotánicos [4].

El objetivo de este trabajo es caracterizar las poblaciones antiguas del Mesolítico y Neolítico mediante la morfología dental para poder entender la forma en la que ocurrió dicha transición.

Para el estudio se han analizado 15.122 dientes de al menos 960 individuos mediante el método ASUDAS [5]. Este sistema permite la observación de hasta 121 variables por dentición completa que después son utilizadas para calcular distancias de afinidad biológicas. Los resultados sugieren que la población Mesolítica de la Península Ibérica difiere de coetáneas de otros puntos de Europa. Asimismo, en cuanto a las poblaciones Neolíticas, estas difieren entre ellas, pero también en mayor grado con otras muestras del mismo periodo del Mediterráneo central. Además, las muestras Neolíticas Ibéricas de zonas más cercanas a la costa Mediterránea difieren en una escala mayor de las poblaciones Mesolíticas de la Península, indicando una mayor influencia de las poblaciones externas en la costa.

63

En conclusión, este trabajo demuestra un modelo en el que la expansión cultural ocurrió de forma diferente en las varias zonas de la Península Ibérica, en algunas de las cuales la herencia Mesolítica sería mayor que en otras (con una mayor influencia del centro de Europa).

Referencias

- [1] Isern, N. et al. Journal of Archaeological Method and Theory, 2014, 21: 447-461.
- [2] de la Rúa, C. et al. Quaternary International, 2015, 364: 306-311.
- [3] Szécsényi-Nagy A. et al. bioRxiv, 2017, Doi: <http://dx.doi.org/10.1101/106963>
- [4] Zeder M.A. Proceedings of the national Academy of Sciences, 2008, 105(33): 11597-11604.
- [5] Turner C.G. II, Nichol C.R., Scott G.R. In: M.A. Kelley (ed.) Advances in Dental Anthropology. Wiley-Liss, New York 1991. pp. 13-31.

El rs2705897 del gen de la caspasa-3 y su influencia en el riesgo de Cáncer de Próstata en Galicia: datos preliminares.

N. López Trigo, N. Aguín Losada, JL. Blázquez Caeiro, J. Rodríguez Luis

Área de Antropología Física. Universidad de Santiago de Compostela,

nuria.lt@hotmail.com.

Introducción. La incidencia del Cáncer de Próstata (PCa) en Galicia se encuentra entre las más altas de Europa (143/100.000 varones) [1]. Algunos factores de riesgo establecidos para el PCa son: edad, grupo poblacional, historia familiar o estilo de vida, así como determinados polimorfismos genéticos [2]. En este estudio se investiga la asociación entre el PCa y el SNP rs270589 (G>T), situado en la región intrónica del gen de la caspasa-3 [3], una proteína clave en la apoptosis, por lo que un cambio en su funcionalidad podría afectar al desarrollo del proceso carcinogénico [4].

64

Material y métodos. La muestra estudiada consta de 179 casos y 191 controles pertenecientes a población gallega. El ADN ha sido aislado a partir de sangre venosa y el genotipado se ha llevado a cabo utilizando la técnica *MALDI-TOF*. El análisis estadístico se ha basado en la realización de una regresión logística y la interpretación de las *Odds Ratio* asociadas.

Resultados. El grupo de controles está en equilibrio genético para este marcador. Las frecuencias alélicas y genotípicas observadas son similares a las encontradas en otras poblaciones de origen europeo. Aunque a nivel global las OR calculadas no alcanzan magnitudes significativas, tras estratificar la muestra en función de la edad, tabaquismo o índice de masa corporal, la variante alélica T se revela, en algunos intervalos de estratificación, como un factor de riesgo incrementado de padecer PCa.

Conclusiones. Estos resultados sugieren que el polimorfismo rs2705897 del gen *CASP3*, en asociación con otros factores de riesgo, podría contribuir a la susceptibilidad genética al Cáncer de Próstata en población gallega.

Referencias.

- [1] Sousa-Escandón A, Sabell-Salgués F. Actas Urol. Esp., 2006, 30(8), 32.
- [2] Bostwick DG et al. CANCER supplement., 2004, 101(10) ,2371-2490.
- [3] The 1000 genomes project consortium. Nature., 2015, 526, 68-74.
- [4] Porter AG y Jänicke RU. Cell Death and Differentiation., 1999, 6, 99-104.

Incidencia de patología máxilodentaria en una población medieval: Relación con la edad

R. M. Maroto¹, C. Reyes-Botella², M.G. Roca¹, C.M. Román¹, S.A. Jiménez-Brobeil¹

¹ Depto de Medicina Legal, Toxicología y Antropología Física. Facultad de Medicina.

Universidad de Granada. Campus de la Salud. 18016 Granada. rmmaroto@ugr.es

² Depto de Estomatología. Facultad de Odontología. Universidad de Granada.

Campus de Cartuja. 18071 Granada

La patología máxilodentaria constituye un campo clásico en los estudios de poblaciones del pasado. Aunque la dieta es el principal factor influyente, hay que tener presente que en la génesis de esta patología intervienen otros muchos elementos como la forma de preparar los alimentos, la higiene, el ph de la cavidad oral, el grado de desgaste o la enfermedad periodontal. La edad es un factor también de gran importancia puesto que marca el tiempo de exposición de las piezas dentarias a los diversos agentes mencionados, pero, curiosamente, no parece tenerse muy en cuenta cuando se comparan las frecuencias de patología entre diversas poblaciones osteológicas. En este trabajo se presenta un análisis en una población para comprobar la influencia de este último factor.

65

Se estudian 63 individuos medievales del cementerio de Palacios de la Sierra (Burgos) que conservan al menos en un 70% sus piezas dentarias. Figuran 13 varones adultos, 16 varones maduros, 23 mujeres adultas y 11 mujeres maduras. Se analizan las frecuencias de caries, pérdidas en vida y total de piezas dañadas y se calcula el índice de salud dental¹, por sexo y edad.

Los varones y mujeres maduras presentan frecuencias de patología significativamente mayores que las de los adultos de sus sexos, tal como era de esperar. El índice de salud es mayor en los sujetos adultos. No hay diferencias entre los varones y las mujeres en conjunto, pero sí las hay y significativas entre los varones y mujeres adultas. Esto obedecería a la baja esperanza media de vida de las mujeres que marcó el fallecimiento de la mayoría de las mismas en edades tempranas.

Se concluye que solo pueden compararse entre sí poblaciones que presenten una distribución semejante de sus individuos por clase de edad y sexo.

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto HAR2016-75788

Referencias

- [1] RH. Steckel, PW. Sciulli, JC. Rose. 2002. A health index from skeletal remains. En The backbone of history health and nutrition in the Western Hemisphere. RH. Steckel , JC. Rose (eds.), Cambridge University Press, New York, 61-94

Identificación de artropatías inflamatorias en los enterramientos medievales de San Miguel de Ereñozar: Evaluación morfológica y molecular

I. Martín, N. G. Ventadas, M. Hervella, C. de la Rúa

Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal,
Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU),
Barrio Sarriena s/n, 48940 Leioa, Bizkaia, imanol.martinl@ehu.eus

Las artropatías inflamatorias son un grupo de enfermedades reumáticas y autoinmunes, que cursan con inflamación, deformación y en algunos casos, fusión de diferentes articulaciones. Aunque actualmente se desconoce la etiología exacta de estas enfermedades, se sabe que intervienen una combinación de factores genéticos y ambientales [1]. El objetivo principal de este estudio es establecer el diagnóstico de las artropatías inflamatorias en los restos óseos de 163 individuos procedentes de la necrópolis medieval de San Miguel de Ereñozar (Ereño, Bizkaia, s. XIII-XV). Este diagnóstico se ha realizado mediante análisis morfológico y genético de los individuos recuperados identificándose diferentes signos relacionados con los distintos tipos de artropatías inflamatorias. Además, los análisis moleculares han corroborado estos resultados, describiendo la presencia de diferentes subtipos del gen *HLA-B*, como el *HLA-B27*, *HLA-B40* o *HLA-B07*, los cuales están asociados con algunas de las artropatías diagnosticadas [2]. La combinación de datos genéticos y morfológicos para el diagnóstico diferencial de patologías constituye la base de futuros estudios, tanto en poblaciones actuales como antiguas.

66

Referencias

- [1] Mahdi, H., Fisher, BA., Källberg, H., et al. Specific interaction between genotype, smoking and autoimmunity to citrullinated α -enolase in the etiology of rheumatoid arthritis. *Nat. Genet.*, 2009, 41, 1319-1324.
- [2] Brown, MA., Kenna, T., Wordsworth, P. Genetic of ankylosing spondylitis – insights into pathogenesis. *Nat. Rev. Rheumatol.*, 2016, 12 (2): 81-91.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (GCL2016-79093/P), Gobierno Vasco (IT1138-16) y UPV/EHU (UFI 11/09) y la concesión de una beca predoctoral del Gobierno Vasco a I.M. (PRE_2014_1_326).

Agradecemos a Mikel Neira, Director de la intervención arqueológica en la Necrópolis de San Miguel de Ereñozar por la información suministrada sobre los enterramientos de dicho yacimiento, así como al Dpto. de Patrimonio Cultural del Gobierno Vasco y al Museo de Arqueología de Bizkaia por permitirnos el acceso al estudio de esta colección arqueológica.

Correlation between geography, surnames and Y chromosome coancestry

C. Martinez-Cadenas^{1,2}, A. Blanco-Verea³, F. Montinaro², M. Brion³, A. Carracedo^{3,4,5}, A. Salas⁵, C. Capelli²

¹*Department of Medicine, Jaume I University of Castellon, Castellon, Spain; ccadenas@uji.es*

²*Human Evolutionary Genetics Group, Dept. of Zoology, University of Oxford, Oxford, UK*

³*Instituto de Investigación Sanitaria, Grupo de Medicina Xenómica, Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela, Santiago de Compostela, Spain*

⁴*Center of Excellence in Genomic Medicine Research, King Abdulaziz University, Jeddah, Saudi Arabia;*

⁵*Unidade de Xenética, Departamento de Anatomía Patológica e Ciencias Forenses, Instituto de Ciencias Forenses, Facultade de Medicina, Universidade de Santiago de Compostela, Spain*

Introduction: A negative correlation between Y chromosome variation and surname frequency has been consistently reported in western societies. However, despite multiple observations of a strong correlation between geographic and genetic distance among individuals and populations, the impact of the geographic distribution of a given surname in predicting the Y chromosome genetic proximity of surname bearers has not been investigated so far.

67

Material and Methods: In order to explore the interaction between these two variables, we investigated Y chromosome SNP/STR variation by analysing a total of 1,766 DNA samples from unrelated Spanish male volunteers belonging to 37 surnames and 355 controls. Then we integrated the Y chromosome haplotype results with geographic information on the place of birth of analysed individuals.

Results: People bearing the same surnames tended to be geographically closer than a random Spanish sample, uncommon surnames being even more so. However, only Y chromosomes belonging to people bearing uncommon surnames resulted significantly more similar than controls. This pattern did not change when the place of birth of fathers or grandfathers were considered instead.

Conclusions: Geographic distance between the individuals' place of origin influences significantly the correlation between Y chromosome and surname: men with the same surname tend to have more similar Y chromosomes if they were born geographically close to each other. Therefore, it seems that Y chromosome coancestry within surnames is as much about surname frequency as it is about geographical proximity.

Análisis de la dieta de *Au. sediba* a partir del patrón de microestriación vestibular

L. M. Martínez, F. Estebaranz-Sánchez, A. Pérez-Pérez

Dept. Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona.

Av. Diagonal 643, 08028 Barcelona.

lmartinez@ub.edu

Australopithecus sediba de Malapa, Sudáfrica (datado en unos 2 ma) presenta una combinación de características primitivas y derivadas que ha puesto en duda si esta especie representa el ancestro directo del género *Homo*. La reconstrucción paleoecológica del yacimiento indica un entorno de bosque con presencia de praderas menos arboladas cerca de los márgenes fluviales. El estudio de los fitolitos del cálculo dental muestran que *Au. sediba* podría haber consumido frutos y hojas, además de los tallos de plantas herbáceas. El análisis del d13C sugiere, en cambio, una dieta basada exclusivamente en plantas C3, con valores parecidos a los chimpancés de sabana, y el análisis de la textura occlusal sugieren una dieta muy abrasiva para *Au. sediba*, parecida a la de *P. robustus*. Sin embargo, *Au. sediba* no muestra adaptaciones biomecánicas al consumo de alimentos duros, como sí se observa en *P. robustus*. El objetivo del presente trabajo es analizar el patrón de microestriación bucal de *Au. sediba* y compararlo con el observado en otros homíninos [1-4] con el fin de resolver las contradicciones generadas por las diferentes metodologías utilizadas. El patrón de microestriación vestibular sólo se ha preservado en el individuo MH1. El esmalte vestibular del diente analizado muestran una densidad de estrías muy elevada (NT=260), que sugiere que *Au. sediba* habría tenido una dieta muy abrasiva. En el análisis discriminante (LDA) predictivo de los patrones de microestriación vestibular muestra que *Au. sediba* se clasifica a posteriori como *Au. africanus*, que tiene una dieta similar al chimpancé y gorila en entornos de bosque. En cambio, *Au. sediba* difiere de *Au. anamensis*, que tendría una dieta basada en el consumo de semillas abrasivas, y de *P. boisei* y *H. habilis*, que presentan densidades de estrías mucho menores, compatibles con una dieta poco abrasiva.

68

[1] Martínez L. M., Estebaranz-Sánchez F., Galbany J., Pérez-Pérez A. PLoS One 2016, 11(11), e0165447.

[2] Estebaranz F., Galbany J., Martínez L., Turbón D., Pérez-Pérez A. J. Anthropol. Sci. 2012, 90, 163-185.

[3] Estebaranz F., Martínez L. M., Galbany J., Turbón D., Pérez-Pérez A. J. Hum. Evol. 2009, 57(6), 739-50.

[4] Galbany J., Estebaranz F., Martínez L. M., Pérez-Pérez A. Primates 2009, 50(3), 221-30.

Enfermedad en la barcelana del siglo XII: El Hospital de Sant Llàtzer

N. Montes¹, M. E. Subirà¹

¹ Grup de Recerca Aplicada al Patrimoni Cultural (GRAPAC), Unitat d'Antropologia Biològica,
Departament de Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona),

nuriamontessalas@gmail.com

El hospital de Sant Llàtzer de Barcelona formó parte de la red hospitalaria de la ciudad durante la Edad Media y hasta el siglo XX. Según las fuentes documentales, desde su fundación y hasta el siglo XIII, cuando el número de hospitales en la ciudad era menor, el hospital de Sant Llàtzer podría haber acogido a la vez a enfermos de lepra y a pobres [1]. No obstante, cuando el número de hospitales en Barcelona incrementó, Sant Llàtzer pasó a acoger sólo a enfermos de lepra, de la misma forma que ocurrió en otras instituciones de Cataluña [1]. Durante las excavaciones arqueológicas que se llevaron a cabo alrededor de la capilla, se localizó parte de la necrópolis del hospital, recuperándose un total de 80 individuos.

Se ha realizado el estudio antropológico de las 12 tumbas de cronología más antigua (siglo XII). Para el diagnóstico de la lepra, se han seguido los criterios establecidos por Boldsen y Freund [2], Andersen y Manchester [3], Ortner [4] y Matos [5].

69

De los 12 individuos estudiados, cuatro correspondían a individuos juveniles (dos masculinos, un alofiso y un indeterminado) y ocho a individuos adultos (cinco femeninos y tres masculinos), de los cuales sólo dos superaban los 40 años. Siete de los individuos (entre los cuales un individuo juvenil) presentaban lesiones compatibles con la lepra. Para el resto de los individuos no ha sido posible realizar un diagnóstico, debido a la preservación de los restos. Por otro lado, se han identificado lesiones asociadas a otras enfermedades infecciosas, así como al sobreesfuerzo físico y a enfermedades carenciales.

El estudio osteológico de la necrópolis de Sant Llàtzer aporta de esta manera nuevas evidencias sobre el funcionamiento del hospital durante este primer período y la vida diaria de sus pacientes.

Referencias

- [1] C. Jáuregui. *Disease, Disability and Medicine Proceedings*. University of Nottingham, Nottingham, 2017, [in press].
- [2] J. L. Boldsen, U. H. Freund. *Scand. J. Forensic Sci.*, 2006, 2, 1-24.
- [3] J. G. Andersen, K. Manchester. *Int. J. Osteoarchaeol.*, 1992, 2, 121-129.
- [4] D. J. Ortner. En: J. Magilton, F. Lee, A. Boylston (eds.) *Lepers outside the gate*. Council for British Archaeology, York, 2008, 198-207.
- [5] V. M. J. Matos. *O diagnóstico retrospectivo da lepra*. Tesis doctoral. Universidade de Coimbra, Coimbra, 2009.

Estudio paleopatológico de los individuos recuperados en la alcazaba del Castillo de Alarcos

L. Muñoz Ugarte¹, J. Herrerín¹, N. Sarkic¹, R. Dinarés², D. Lucendo³, A. de Juan⁴

¹ Universidad Autónoma de Madrid, Campus universitario de Cantoblanco, Madrid.

Lmunozugarte@gmail.com

² Hospital Universitari General de Catalunya, Barcelona.

³ Baraka Arqueólogos.

⁴ Universidad de Castilla-La Mancha.

El yacimiento arqueológico de Alarcos, famoso por la batalla que tuvo lugar a los pies de su castillo, destaca, entre otras cosas, por las diferentes ocupaciones que tuvo en un espacio de tiempo muy corto, pasando de manos cristianas a almohades en 1195, tras la citada batalla, y de nuevo a poder cristiano tras la victoria en la batalla de las Navas de Tolosa (1212).

Durante la excavación de la alcazaba del castillo de Alarcos apareció un conjunto de seis muertos en un estrato posterior a la ocupación almohade, llamativo por su ubicación, dentro de una habitación de pequeñas dimensiones, y disposición, arrojados sin ningún tipo de ritual en tres tantas, junto a piedras de gran tamaño.

70

Se realizó un estudio antropológico y paleopatológico completo de los restos, gracias al que se estimó que se corresponden con cinco adultos de sexo masculino y un subadulto de entre 7 y 9 meses. Entre las patologías detectadas se encuentran la fractura *antemortem* de las falanges de un pie, un hematoma sobre la cabeza femoral, miositis osificante en un dedo, *espina bifida oculta*, nódulos de Schmorl, artrosis y, destacando especialmente, signos de violencia *perimortem* sobre uno de los individuos, de diferente tipo (marcas de corte, fracturas, impactos por objeto romo y perforación por proyectil) que afectan a diferentes partes del cuerpo (omóplato, costillas, esternón, radio, coxal y vértebra torácica).

Las evidencias de violencia *perimortem* junto con la disposición de los individuos, arrojados dentro de la habitación, y la cronología posterior a la ocupación almohade, sugieren que estos individuos pudieron ser atacados en el evento de recuperación del castillo por parte de las tropas castellanas tras la victoria de las Navas de Tolosa (1212).

Morphometric and topographic analyses of hominoid primate molars with implications for dietary adaptations and wear patterns

L. Nadal¹, J. Becerra¹, A. Romero², B. Gamarra³, J. Galbany⁴, A. Pérez-Pérez¹

¹Dept. Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona,
Av. Diagonal 643, 08028 Barcelona, lnadalur7.alumnes@ub.edu

²Dept. Biotecnología, Universidad de Alicante.

³School of Archaeology, University College Dublin.

⁴Dept. Anthropology, The George Washington University

Dental topography and morphology analyses allow comparison of variable molar morphologies and wear patterns between species. Understanding the relationships between dental topography and morphology as dietary adaptations is crucial in order to make accurate dietary inferences of fossil forms. The main objective of this work was to characterize molar shape variability in hominoid primate, as well as to provide insight into the dynamics of molar wear patterns in relation to dietary habits. Landmark-based geometric morphometric (GM) and topographic analyses were conducted on 3D scans of a large collection of molars of four genera of hominoid primates (*Gorilla*, *Pan*, *Pongo* and *Hylobates*). A principal component analysis of the coordinates of 4,800 homologous pseudo-landmarks, representing the occlusal surface on the analyzed molars, was done using the *Geomorph* package in R [1] to characterize differences in molar morphology among species. Topographic data of molar crowns was obtained by applying the *MorphoTester* package [2] to 10,000 polygon meshes of the studied 3D scans. The first three principal components derived were found to explain over 30 percent of total molar shape variability, all of them showing shape changes related to occlusal dental wear patterns. A significant allometric association was found between overall crown shape and dental size, which suggests that molar shape varies between large and small sized species. Curvature and complexity data show distinct species clusters both for the whole sample and for the unworn teeth alone, with greater variability found in *Gorilla* and *Hylobates* than in *Pan* and *Pongo*. Unique dental wear patters were found in the *Gorilla* that showed very high curvature values even when a high level of wear was present. The results obtained reflect both differences in wear patterns among species and tooth crown morphology associated to dietary adaptations, with relevant implications for the reconstruction of hominid fossil diets.

71

References

- [1] DC. Adams, E. Otarola-Castillo. 2013. *Geomorph: an R package for the collection and analysis of Geometric Morphometric shape data*. *Methods in Ecology and Evolution*. 4:393-399.
- [2] JM. Winchester. 2016. *MorphoTester: An Open Source Application for Morphological Topographic Analysis*. *PLoS One* 11(2), e0147649.

Análisis de marcas de violencia en huesos

A. Oñós Clausell¹, M.E. Subirà¹

¹ GRAPAC, Unitat d'Antropologia Biològica, Dpt Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona,

adriana.onos@e-campus.uab.cat

Las marcas de impactos o cortes en los huesos son una fuente importante de evidencias de episodios o indicios de violencia. Las guerras y conflictos armados o violentos dejan tras de sí los restos humanos que una vez analizados permiten describir ese episodio. Los restos analizados pertenecen a una necrópolis judía de mediados del siglo XIV d.C. (1348) hallada en Tàrrega [1]. Por aquel entonces, la Peste Negra causaba estragos a nivel económico, social, etc. Este clima de tensiones constantes, junto con la tensión causada por las diferencias sociales, acabó por desatar una masacre en esta parte de la ciudad.

El estudio analiza, mediante microscopia, las marcas de violencia que se hallan en los individuos de la necrópolis para intentar determinar cómo se produjeron esas heridas y con qué tipo de arma.

72

Se ha realizado un inventario detallado de las marcas observadas en cada una de las piezas esqueléticas de cada individuo y posteriormente se han analizado más exhaustivamente con el uso de un microscopio estereoscópico, y el uso de software de análisis de imagen (ImageJ), y confocal 3D para posteriormente analizar la forma de las heridas y determinar la forma de estas marcas.

Los resultados obtenidos con el microscopio confocal 3D nos permiten determinar de forma precisa las dimensiones: profundidad de las marcas, el tipo de herida, medidas sobre el tamaño del impacto o corte, si se trata de un arma de doble filo o no, etc. [2].

Por, tanto, esto nos permite describir de forma detallada cada marca y para intentar detectar el tipo de arma e incluso hipotetizar sobre la secuencia de los eventos.

Referencias

- [1] A. Collet, J.X. Muntané, O. Saura, J. Ruiz, M. E. Subirà, Tribuna d'Arqueología, 2009, 237-273.
- [2] X. Casanova, M.E. Subirà, M.Roldán [Submitted: Analysis of butchery marks on Ancient Human Remains using Confocal Profilometer].

Depresión y envejecimiento prematuro: Implicación de los telómeros

E.Peña^{1,2}, M. de Castro-Catala^{1,2}, M. Rivera^{3,4}, B. Gutiérrez^{4,5}, N. Cardoner^{6,7,8}, A.Rosa^{1,2,8*}

¹ Secció de Zoologia i Antropologia Biològica, Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona (UB), Barcelona, Spain

² Institut de Biomedicina de la Universitat de Barcelona (IBUB), Barcelona, Spain

³ Departamento de Bioquímica y Biología Molecular II, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, Spain.

⁴ Instituto de Neurociencias, Centro de Investigación Biomédica, Universidad de Granada, Granada, Spain.

⁵ Departamento de Psiquiatría, Facultad de Medicina, Universidad de Granada, Granada, Spain.

⁶ Depression and anxiety program, Department of Mental Health, Parc Taulí Sabadell, Hospital Universitari, Barcelona, Spain

⁷ Department of Psychiatry and Legal Medicine, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain

⁸ Centro de Investigaciones Biomédicas en Red de Salud Mental (CIBERSAM), Madrid, Spain.

* araceli.rosa@ub.edu

El envejecimiento humano es un proceso evolutivo gradual y multidimensional. Uno de los marcadores biológicos de envejecimiento analizados clásicamente ha sido la longitud telomérica (LT). Los telómeros son complejos nucleicos situados en los extremos de los cromosomas cuya función es protegerlos contribuyendo a la estabilidad genómica. Su acortamiento es un proceso natural, no patológico, aunque clásicamente ha sido relacionado con cáncer y más recientemente con enfermedades mentales [1].

73

Las personas que padecen depresión mayor (DM) presentan una reducción de su calidad de vida y funcionalidad, en muchos casos asociada a la aparición de patologías somáticas que acaban disminuyendo su esperanza de vida, así como acortamiento telomérico. No obstante, la direccionalidad de este fenómeno es discutida [2]

El objetivo de nuestro estudio fue revisar la literatura sobre depresión y longitud telomérica, así como los mecanismos que podrían estar asociados en esta relación.

Se realizó una revisión sistemática de la literatura en las bases de datos electrónicas PubMed/Medline de artículos cuyos títulos contuvieran los términos telomer* y depres*. Se realizó una criba seleccionando solo aquellos que cumplieran los criterios establecidos.

Se revisaron 13 estudios que parecían poner de manifiesto que existía una asociación dosis-efecto entre DM y LT disminuida. De esta manera, cuanto mayor era la duración de los síntomas y su severidad, mayor era la erosión que sufrían los telómeros, y por tanto, mayor era su acortamiento. Los mecanismos subyacentes a esta asociación parecen ser el estrés y los factores inflamatorios a los que están expuestos estos pacientes.

Estos resultados parecen poner de manifiesto que el acortamiento telomérico descrito en trastornos mentales tales como la depresión podría ayudarnos también a explicar tanto la elevada co-morbilidad con patologías somáticas como el envejecimiento prematuro observado en estos pacientes.

Referencias

- [1] D. Lindqvist, E.S.Epel, S.H. Mellon et al., Neuroscience and Biobehavioral Reviews., 2015, 333-364, 55
- [2] J.E Verhoeven, D. Révész, O.M Wolkowitz et al., Bioessays Journal, 2014, 968-978, 36.

Correlación entre isótopos estables, microestriación vestibular y textura oclusal en homíninos africanos

A. Pérez-Pérez, M. Gómez, L. M. Martínez, F. Estebaranz

*Dept. Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals,
Universitat de Barcelona. Av. Diagonal 643, 08028, Barcelona, eli.cuesta@ub.edu*

Son diversas las técnicas de interpretación de la dieta a partir del estudio de los materiales fósiles de homíninos Plio-Pleistocénicos. Las adaptaciones anatómicas del aparato masticador (inserciones musculares del temporal y masetero) se han interpretado como indicadores de la potencia masticatoria en relación con la dureza de los alimentos ingeridos. La robustez y el tamaño de los dientes también se ha relacionado con la composición de la dieta. Sin embargo, el análisis de los patrones de microestriación vestibular [1] y textura oclusal [2] de los dientes muestra modelos alimentarios de los parantropinos distintos a los que cabría esperar en base a sus adaptaciones anatómicas. También se han realizado interpretaciones divergentes en algunos taxones en función de la técnica de microestriación dental utilizada y los resultados de los análisis de la concentración del isótopo estable ^{13}C no permiten discriminar modelos de adaptación alimentaria y los resultados de los taxones con modelos bien definidos discrepan de los obtenidos con otras técnicas de análisis. Con el fin de determinar en qué medida estas tres técnicas de análisis de las adaptaciones alimentarias convergen en la interpretación de la ecología trófica de los homíninos africanos hemos recopilado toda la información disponible tanto a nivel individual como específico. La complejidad y la anisotropía oclusales no están correlacionadas con ninguna variable de microestriación vestibular o concentración de isótopos. En cambio, la densidad de estrías vestibulares verticales se correlaciona significativamente con el δC^{13} y la anisotropía muestra correlaciones significativas con algunas variables de dispersión de la longitud de las estrías vestibulares. El análisis de las correlaciones entre las variables de microestriación vestibular, textura oclusal y las concentraciones de los isótopos estables muestra un bajo nivel de coincidencia en los resultados, que en algunos casos proporcionan interpretaciones ecológicas distintas o incluso contradictorias.

75

References

- [1] L. M. Martínez, F. Estebaranz-Sánchez, J. Galbany, A. Pérez-Pérez A. PLoS One 2016, 11(11), e0165447.
- [2] P. S. Ungar, R. S. Scott, F. E. Grine, M. F. Teaford. Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci. 2010, 365(1556), 3345–3354.
- [3] J. A. Lee-Thorp, M. Sponheimer, B. H. Passey, et al. Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci. 2010, 365(1556), 3389–3396.

Estudio de las alteraciones de la asimetría fluctuante en niños expuestos a alcohol durante su desarrollo prenatal

S. Planas¹, M. Martín¹, M. de Castro-Catala^{1,2}, E. Peña^{1,2}, A. Bastons-Compta^{3,4,5}, O. Vall⁴,
O. García-Algar^{3,4,5}, A. Rosa^{1,2,6,*}

¹ Secció de Zoologia i Antropologia Biològica, Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona (UB), Barcelona, Spain

² Institut de Biomedicina de la Universitat de Barcelona (IBUB), Barcelona, Spain

³ Grup de Recerca Infància i Entorn (GRIE), Barcelona, Spain

⁴ Red de Salud Materno-Infantil y del Desarrollo (SAMID), Programa RETICS,
Instituto Carlos III, Madrid, Spain

⁵ Servicio de neonatología, Hospital Clínic-Maternitat, ICGON, BCNatal, Barcelona, Spain

⁶ Centro de Investigaciones Biomédicas en Red de Salud Mental (CIBERSAM), Madrid, Spain.

* araceli.rosa@ub.edu

Los dermatoglifos han sido estudiados como marcadores de desarrollo prenatal. Una de las variables dermatoglíficas de interés es el recuento de líneas a-b, a partir del cual se pueden establecer los niveles de asimetría fluctuante (AF), que constituirían una medida de inestabilidad del desarrollo [1]. La exposición prenatal a alcohol se ha asociado a alteraciones tanto fisiológicas como cognitivas dando lugar al llamado espectro alcohólico fetal. No obstante, la literatura sobre dermatoglifos y exposición prenatal a alcohol es escasa y basada en los fenotipos más graves [2 – 4].

76

El objetivo de nuestro estudio fue examinar los niveles de AF en niños expuestos prenatalmente a niveles medios o bajos de alcohol. Para ello se analizaron las huellas dermopapilares de una muestra formada por 58 niños. A todos ellos, en el momento del nacimiento, se les había tomado una muestra de meconio en la que se midieron los niveles de ésteres etílicos de ácidos grasos (FAEE), una medida de la exposición a alcohol [5].

Cuando se estudiaron los niveles de AF entre individuos expuestos (FAAE>2 nmol/gr) y no expuestos no se encontraron diferencias estadísticamente significativas ($U= 231,5$; $p= 0,201$). Sin embargo, se observó que existía una correlación positiva entre niveles de FAEE y AF ($r_s = 0,4$; $p= 0,006$) que puso de manifiesto que el subgrupo de individuos altamente expuestos a alcohol (FAAE> 20 nmol/gr) presentaban niveles superiores de AF respecto a los expuestos a niveles menores o no expuestos (Kruskall Wallis test: 8,1; $p= 0,02$).

De acuerdo con nuestros resultados, la asimetría fluctuante (una variable indirecta del desarrollo prenatal) se modifica ante la exposición del feto a niveles de alcohol intermedios. Sugiriéndose que el consumo de alcohol durante el embarazo tiene un efecto negativo en el feto, incluso a dosis bajas.

Referencias

- [1] C.T. Naugler, M.D. Ludman, Am J Med Genet, 1996, 66(1), 15–20.
- [2] Q.H. Qazi, A. Masakawa, B. McGann, J. Woods, Teratology, 1980, 21, 157–160.
- [3] I. Tillner, F. Majewski, Hum. Genet., 1978, 42, 307–314.
- [4] E. Wilber, L. Newell-Morris, A.P. Streissguth, Biol. Neonate., 1993, 64, 1–6.
- [5] C.F. Bearer, J.L. Jacobson, S.W. Jacobson, et. al., J Pediatr., 2003, 143, 463–469.

Variabilidad histomorfológica y histomorfométrica en el tejido óseo entre Humano adulto, Humano subadulto y *Sus scrofa*

C. Raffone (1), M. Cummaudo (2), A. Cappella (3), A. Boattini (4), C. Cattaneo (5)

(1) Posgrado Biodiversidad y Evolución, Departamento de Biología, Geología, y Ciencias de medio ambiente, Universidad de Bolonia, Italia
caterina.raffone2@studio.unibo.it

(2) Labanof, Laboratorio de Antropología y Odontología Forense, Departamento de Ciencias Biomédicas, Universidad de Milán, Italia
m.cummaudo@cranfield.ac.uk

(3) Labanof, Laboratorio de Antropología y Odontología Forense, Departamento de Ciencias Biomédicas, Universidad de Milán, Italia
annalisa.cappella@unimi.it

(4) Departamento de Biología, Geología, y Ciencias de medio ambiente, Universidad de Bolonia, Italia
alessio.boattini2@unibo.it

(5) Labanof, Laboratorio de Antropología y Odontología Forense, Departamento de Ciencias Biomédicas, Universidad de Milán, Italia
cristina.cattaneo@unimi.it

Introducción: cuando se encuentran restos óseos, primeramente, los antropólogos tienen que determinar si son humanos o no. De la literatura existente, parece evidente que la mayoría de los estudios de histología ósea tienen en cuenta principalmente las diáfisis de huesos largos. El presente estudio pretende aclarar la variabilidad histomorfológica y histomorfométrica del tejido óseo en dos esqueletos humano y en *Sus scrofa*. **Materiales y Métodos:** durante el análisis histomorfológico, la primera distinción fue valorar la presencia de tejido fibroso y tejido Haversiano. Secundariamente, se evaluó la presencia y orientación de los canales vasculares. En cuanto al tejido Haversiano, se hizo una distinción basada en la densidad y organización de las osteonas secundarias. Para el análisis histomorfométrico se midió un máximo de 50 osteonas primarias y 50 secundarias para cada sección utilizando el software ISCapture®. Los parámetros evaluados fueron: On.Ar, On.Pm, On.Dm, HC.Ar, HC.Pm, HC.Dm. Los análisis estadísticos se realizaron mediante técnicas descriptivas, MANOVA y análisis discriminante. **Resultados:** el esqueleto del humano adulto mostró una prevalencia de tejido Haversiano caracterizado por osteonas secundarias inmersas en una matriz lamelar. El humano subadulto exhibió áreas de tejido lamelar con osteonas secundarias dispersas y áreas con tejido fibroso. El *Sus scrofa* mostró una prevalencia de tejido fibro-lamelar, con áreas de tejido Haversiano. El análisis histomorfométrico mostró diferencias significativas no sólo entre los huesos largos planos e irregulares sino incluso en diferentes porciones del mismo hueso. **Conclusiones:** este estudio pone en evidencia la importancia de analizar todo el esqueleto, desde una perspectiva histológica, para comprender mejor la variabilidad histológica de huesos tanto humanos como no humanos. Los autores sugieren precaución cuando, en antropología forense, se realiza la identificación de especies mediante análisis histológico hasta que otros estudios arrojen luz sobre la histomorfología y la histomorfometría de las zonas esqueléticas para los que aún no hay una interpretación completa.

Influence of mitochondrial DNA haplogroups in the clinical variability of Machado-Joseph disease (MJD/SCA3): a study using patients from multiple populations

A.Ramos^{1,2,3*}, M.Planchat³, M.Raposo^{1,2}, U.Shamim⁴, V. Suroliya⁴, A.K. Srivastava⁴, M.Faruq⁴, H.Morino⁵, R.Ohsawa⁵, H.Kawakami⁵, L.Jardim⁶, C.Santos³, M.Lima^{1,2}

¹Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade dos Açores, Ponta Delgada, Portugal

²Instituto de Investigação e Inovação em Saúde - Instituto de Biologia Molecular e Celular (IBMC), Universidade do Porto, Portugal

³Unitat d'Antropologia Biològica, Dep. Biologia Animal, Biologia Vegetal I Ecologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, Spain

⁴CSIR - Institute of Genomics & Integrative Biology (IGIB), New Delhi, India.

⁵Department of Epidemiology, Research Institute for Radiology & Medicine, Hiroshima University, Hiroshima, Japan

⁶Medical Genetics Service, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Porto Alegre, Brazil

*amanda.ramos.reche@gmail.com

78

Mitochondrial dysfunction has been implicated in the pathogenesis of several neurodegenerative disorders, namely in Machado-Joseph disease (MJD), an autosomal dominant late onset polyglutamine (polyQ) ataxia that results from an unstable expansion of a CAG tract in the ATXN3 gene. The size of the CAG tract only partially explains age at onset (AO), highlighting the existence of genetic modifiers. Although the way by which mitochondria is involved in the neurodegenerative cascade is still under debate, mitochondrial DNA (mtDNA) haplogroup-specific polymorphisms have been associated with clinical presentation in other poly-Q disorders, thus constituting potential modifiers of SCA3. To evaluate whether mtDNA variation contributes to MJD phenotype, namely to age at onset (AO), we characterized mtDNA haplogroups in 303 MJD patients from Portugal, Brasil, India and Japan, by sequencing the mtDNA hypervariable region I. Portuguese samples already been analysed show that MJD patients classified as haplogroup J present a significantly earlier onset (mean AO of 33 years); also, haplogroup W seems to have a protective effect, causing a delay in onset (mean AO of 51 years). Patients from the remaining cohorts are currently being analysed. The broad range of population origins of MJD patients will allow access to a wide spectrum of haplogroup-defining variants, enabling to determine their impact on mitochondrial function and their interaction in the MJD phenotype.

Asociación entre el tamaño al nacimiento y medidas antropométricas en niños y adolescentes del Gran Bilbao

Ainara Unzaga¹, Aline Jelenkovic^{1,2}, Esther Rebato¹

1 Universidad del País Vasco-Euskal Herriko Unibertsitatea, Apdo. 644-48080 Bilbao (España), esther.rebato@ehu.eus, aline.jelenkovic@ehu.eus

2 University of Helsinki, P.O. Box 18 Unioninkatu 35, FIN-00014 Helsinki (Finland), aline.jelenkovic@helsinki.fi

El objetivo del estudio es analizar la asociación entre el tamaño al nacimiento (longitud y peso) y diversas variables de tamaño, forma, composición corporal y presión arterial en una muestra de niños y adolescentes residentes en la comarca del Gran Bilbao.

La muestra consta de 356 chicos y 320 chicas (2-19 años). Las características al nacimiento incluyen la longitud y el peso al nacimiento, la edad gestacional, el orden al nacimiento y la edad de la madre al tener al sujeto. Las variables antropométricas comprenden tres longitudes verticales, cuatro anchuras, el peso, cinco circunferencias, la suma de seis pliegues de grasa, los índices córmico y relativo de los miembros inferiores, el índice de masa corporal, la suma de cuatro circunferencias, el índice cintura-cadera, la relación entre los pliegues cutáneos de las extremidades y del tronco, el somatotipo antropométrico y la presión arterial. La asociación entre el tamaño al nacimiento y las variables antropométricas se realizó mediante análisis de regresión lineal ajustados para distintas covariables.

79

Se observa que los chicos tienen un mayor tamaño al nacimiento que las chicas. En ambos sexos un mayor tamaño al nacimiento se asocia con mayores dimensiones óseas, una mayor longitud relativa de las piernas y del peso durante el crecimiento. El peso al nacer muestra una asociación directa con las variables de adiposidad. La presión arterial no muestra asociaciones significativas con el tamaño al nacimiento. El orden al nacimiento, la edad de la madre al tener al sujeto y/o la edad gestacional no parecen ser la causa principal de las asociaciones entre el tamaño al nacimiento y la variabilidad antropométrica observada.

En conclusión, en la muestra estudiada hay asociación entre el tamaño al nacimiento y la variación antropométrica durante la niñez y adolescencia, lo cual puede tener relación con diversas patologías durante la vida adulta.

Bajo peso al nacimiento, indicadores de tamaño fetal y edad gestacional en Argentina

GB. Revollo, J. Martínez, EL. Alfaro, JE. Dipierri

¹INECOA-UNJu-CONICET/INBIAL-UNJu, Avenida Bolivia 1661,

gabrielarevollo@gmail.com

Introducción: El Bajo Peso al Nacer (BPn) ($<2500\text{g}$) incluye niños pequeños para la edad gestacional (PEG) ($<\text{P10 Peso/EG}$) y pretérminos (≤ 36 semanas) y la combinación de ambas condiciones. Se analizó la prevalencia regional de PEG en recién nacidos (RN) a término y pretérmino con y sin BPn en Argentina en el año 2013.

Material y métodos: Los datos provinieron del Ministerio de Salud de la Nación. Los nacimientos se clasificaron en pretérmino y término, con BPn y sin BPn, PEG y AEG (acordes para edad gestacional $\text{P}>10$ Peso/EG) con el estándar INTER-GROWTH-21st[1] por sexo; y se estimaron las prevalencias por regiones: Noroeste Argentino (NOA), Noreste Argentino (NEA), Cuyo, Centro, Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA) y Patagonia.

80

Resultados: De todos los niños PEG (n=41039) el 84,5% (n=34667) nacieron a término, de los cuales el mayor porcentaje no presentó BPn. Esta tendencia se repite en casi todas las regiones, observando los valores más altos en Patagonia y los más bajos en Centro. En Argentina el 2,4% de los niños nacieron a término, PEG y con peso $>2500\text{g}$. (Tabla1)

Tabla 1: Prevalencias de PEG a término con y sin BPn por región

REGIÓN	PEG Término			TOTAL NACIMIENTOS	
	>2500g %	<2500g %	Total PEG Término	Término PEG >2500g	RN
NOA	54,7	45,3	4230	2,3	98980
NEA	55,6	44,4	4111	3,0	76283
CUYO	54,3	45,7	2598	2,5	56962
CENTRO	48,5	51,5	20818	2,4	418497
CABA	52,9	47,1	1591	2,0	42821
PATAGONIA	56,3	43,7	1319	1,8	41948
ARGENTINA	51,04	48,96	34667	2,4	735491

Conclusión: El BPn es un indicador epidemiológico frecuentemente utilizado que no permite desagregar a los RN según EG. La identificación de RN a término PEG con y sin BPn aportaría nueva información de importancia epidemiológica para la valoración del crecimiento intrauterino y su impacto en la morbi-mortalidad de los recién nacidos.

Referencias

[1] Villar et al. Lancet., 2014, 6, 384(9946):857-68.

Human specific numts: Variation in human populations

M. A. Riaño-Vivanco¹, A. Ramos^{1,2,3}, C. Santos¹

¹ Unitat d'Antropologia Biològica, Dep. Biologia Animal, Biologia Vegetal I Ecologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, Spain. ainhoa2393@gmail.com

² Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade dos Açores, Ponta Delgada, Portugal

³ Instituto de Investigação e Inovação em Saúde - Instituto de Biologia Molecular e Celular (IBMC), Universidade do Porto, Portugal

Recently inserted NUMTs (Nuclear Insertions of Mitochondrial Origin) appear as excellent genetic markers and interesting tools in the study of evolutionary history of human populations. In this sense, different NUMTs compilation and classification has been performed. Recently, using the archaic human genomes (Neanderthal and Denisovan), NUMTs absent in chimpanzee and present in the human genome were classified as *Homo* genus or as Human specific. Some of them were present in Neanderthal and were polymorphic in human populations, suggesting the occurrence of introgression from Neanderthals to modern humans. The main goal of this work was to develop a deep study of NUMTs inserted into the nucleus during the divergence of *Homo* genus, specifically, those NUMTs that were presumably cases of introgression. Four NUMTs were selected to be analysed (Hs_Chromosome3_25508995-25509033; Hs_Chromosome4_83616162-83616166; Hs_Chromosome18_45379606-45379808 and Hs_Chromosome20_9149571-9149612). A PCR based study in different human populations from Africa, Asia, Europe and America was performed and NUMTs data from several studies was compiled. Moreover, phylogenetic reconstruction was performed to evaluate the position of the NUMTs sequence in relation to present day human mtDNA variability. The four NUMTs analysed were polymorphic in human populations with the highest frequency of NUMTs presence in Africa. Moreover, all NUMTs were in HW equilibrium in all populations. The phylogenetic reconstruction indicate that the insertion of the NUMT Hs_Chromosome18_45379606-45379808 took place before the divergence of modern humans and Neanderthals. In conclusion, the results obtained allowed to refute the hypothesis that the analysed NUMTs were cases of introgression from Neanderthal to modern humans, suggesting that the analysed NUMTs could be polymorphic in the common ancestor of Neanderthals and modern humans. The future enhancement of the quality of reference genomes of archaic humans will certainly allow refining the classification of some NUMTs and differentiating true introgression cases between *Homo* genus species.

Crecimiento diferencial de segmentos corporales en condiciones de estrés ambiental

Luis Ríos¹, José Manuel Terán², Carlos Varea², Barry Bogin³

¹ Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC),

José Gutiérrez Abascal 2, Madrid 28006, lrios@mncn.csic.es,

² Comisión Docente de Antropología Física, Departamento de Biología,

Universidad Autónoma de Madrid, Darwin 2, Madrid 28049,

³ School of Sport, Exercise & Health Sciences, Loughborough University, LE11 3TU, Reino Unido

Introducción

La hipótesis del fenotipo ahorrador establece que bajo condiciones de estrés durante el crecimiento existe una preservación diferencial de determinados tejidos a expensas de otros. Recientemente se ha sugerido una preservación del crecimiento de la mano y pie respecto al antebrazo y pierna [1,2]. En este estudio exploramos este gradiente de crecimiento en tres dimensiones lineales (talla sentado, longitud de la pierna, longitud media de los metacarplos segundo a cuarto) entre los 7 y los 16 años, incluyendo otras variables de crecimiento y maduración (pliegues de grasa, un índice de salud ósea).

Material y métodos

Se estudiaron tres muestras de niños guatemaltecos de origen Maya (N=3348, edad 7-16 años). Las medidas incluyeron talla, talla sentada, longitud de la pierna, pliegues de grasa, longitud media de metacarplos 2-4 e índice de salud ósea (BHI, bone health index). Las variables óseas se obtuvieron mediante el programa BoneXpert [3] a partir de 1098 casos. Se calcularon las puntuaciones z para cada variable (referencias: NHANES III, Estudio Longitudinal de Zúrich, BoneXpert).

82

Resultados

El orden de variables según las puntuaciones z fue: longitud de la pierna (-2.87), longitud metacarplos (-1.37), talla sentada (-0.89), pliegues de grasa (-0.3/-0.54) y BHI (-0.4). Las diferencias entre variables lineales fueron significativas para la muestra total y la mayoría de las comparaciones teniendo en cuenta sexo y grupo de edad. Se observó diferencias entre sexos en algunas variables pero no en el orden de afectación de las mismas.

Conclusiones

Se observó un gradiente de crecimiento en las medidas lineales, siendo la longitud de la pierna la más afectada, seguida de la longitud de los metacarplos y con la talla sentada la menos afectada. Estos resultados apoyan la existencia de una preservación diferencial del crecimiento de diferentes segmentos del cuerpo en condiciones de estrés ambiental.

Referencias

- [1] Pomeroy E, Stock J, Stanojevic S, Miranda J, Cole TJ, Welss JCK, Trade-Offs in relative limb length among Peruvian children: extending the thrifty phenotype hypothesis to limb proportions. PLoS ONE 2012, 7(12):e51795/journal.pone.005179
- [2] Betti L, Lycett SJ, von Cramon-Taubadel N, Pearson OM, Are human hands and feet affected by climate? A test of Allen's rule. Am J Phys Anthropol 2015, 158: 132-140.
- [3] Martin DD, Heckmann C, Jenni OG, Ranke MB, Binder G, Thodberg HH, Metacarpal thickness, width, length and medullary diameter in children--reference curves from the First Zürich Longitudinal Study, Osteoporos Int 2011, 22 (5): 1525-1536.

Estudio del desarrollo y del dimorfismo sexual del fémur durante la etapa puberal mediante morfometría geométrica aplicada a telemetrías

C. Rissech¹, A. Pujol², J. Ventura³, D. Turbón²

¹Dept. de Ciències Mèdiques, Facultat de Medicina,
Universitat de Girona, C/ Emili Grahit, 77, Girona, carme.rissech@udg.edu

²Dept. de Biología Animal, Facultat de Biologia,
Universitat de Barcelona, Avd. Diagonal 643, Barcelona

³Dept. de Biología Animal, de Biología Vegetal i d'Ecología, Facultat de Biociències,
Universitat Autònoma de Barcelona, Campus de Bellaterra, Cerdanyola del Vallès (Barcelona)

Con el objeto de estudiar el desarrollo femoral durante el brote puberal se examinaron 420 telemetrías de fémures izquierdos de 240 chicos y 180 chicas con edades comprendidas entre 9 y 14 años. La variación del tamaño y la forma del fémur en función de la edad y el sexo se analizó mediante morfometría geométrica tras digitalizar en cada hueso 22 landmarks bidimensionales. Asimismo, se determinó la variación de los ángulos cuello diafisario y bicondilar, y la posible existencia de dimorfismo sexual en estas variables. Los resultados obtenidos indicaron que el tamaño y la forma del fémur varían significativamente con la edad. En ambos sexos los principales cambios morfológicos consisten en un incremento de la robustez femoral y modificaciones de la forma en las epífisis. A su vez, el tamaño de los trocánteres aumenta y el ángulo del cuello diafisario decrece. Se observó un incremento significativo del tamaño de la epífisis distal, principalmente del cóndilo medial. En los chicos los cambios más notables consisten en el incremento en longitud de la diáfisis y el aumento de tamaño de los dos trocánteres, teniendo menor importancia la remodelación angular del fémur. Por el contrario, en las chicas la modificación más importante se encuentra justamente en la remodelación angular, resultando el resto de cambios menos evidentes. La variación de los ángulos femorales considerados mostró diferencias sexuales. En concreto, los chicos presentan respecto a las chicas una mayor variabilidad en los ángulos cuello diafisario y bicondilar. En los dos性os, la remodelación angular del fémur continúa hasta los 14 años en chicas y los 16 en chicos. Las diferencias sexuales de ambos ángulos son significativas a partir de los 10 años. Los resultados obtenidos en la presente investigación pueden ser de utilidad en los ámbitos antropológico, paleontológico y evolutivo.

Metanálisis de asociación del SNP C677T del gen MTHFR y el cáncer de mama

Lara García Ozores, Nerea Aguín Losada, Nuria López Trigo, José Luis Blázquez Caeiro,
Javier Rodríguez Luis¹

¹Área de Antropología Física, Facultade de Biología, Universidade de Santiago de Compostela.

javier.rodriguez luis@usc.es

Introducción

El gen MTHFR codifica una enzima implicada en el metabolismo del folato, el cual juega un papel clave en la síntesis, estabilidad, integridad y reparación del ADN. Su deficiencia aumenta el riesgo de padecer cáncer, ya que el ADN no es reparado ni metilado, lo que deriva en la activación de protooncogenes [1]. Se ha identificado una mutación en el gen MTHFR (C677T/rs1801133) que reduce la actividad de la enzima [2].

El objetivo fundamental de este trabajo es evaluar la posible asociación entre el genotipo del polimorfismo C677T y la susceptibilidad a padecer cáncer de mama mediante la realización de un metanálisis.

84

Material y métodos

Tras la recopilación de toda la bibliografía disponible correspondiente a estudios caso-control en pacientes con cáncer de mama relacionados con el gen MTHFR, hemos realizado un metanálisis de asociación global, y análisis adicionales en función del estado de menopausia, niveles de folato y origen geográfico. Para dichos análisis se han calculado las odds ratio ponderadas mediante un modelo de efectos aleatorios utilizando el software MetaXL, y se ha evaluado la posible existencia de sesgo de publicación, aplicando el método del “funnel plot” combinado con el test de Egger, utilizando el paquete estadístico Comprehensive Metanalysis.

Resultados

En el metanálisis a nivel global se observan odds ratio menores de uno en las relaciones de genotipos CC/CT, CC/TT y CT/TT, aunque en el último caso la desviación no es significativa.

Conclusiones

De los resultados obtenidos se deduce un efecto protector leve del alelo C frente al alelo T, ya que se han observado odds ratio significativamente menores que uno al comparar la incidencia de cáncer de mama entre mujeres portadoras de dos copias del alelo protector y mujeres portadoras del alelo T.

Referencias

- [1] S. Brustolin, R. Giugliani, T.M. Felix, T.M. Braz. J. Med. Biol. Res., 2010, 43, 1-7.
- [2] Y.I. Kim. Nutr. Rev., 2005, 63, 398-407.

Cúspide de Carabelli y variación morfométrica del diente

A. Romero¹, S. Torrijo-Boix¹, MªJ. Gómez-Torres¹, J. Galbany², A. Pérez-Pérez³

¹Departamento de Biotecnología, Universidad de Alicante, arr@ua.es

²Department of Anthropology, The George Washington University, USA

³Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona

La forma y tamaño de las cúspides depende del espacio entre nudos de esmalte durante el desarrollo del diente. Los cambios en las zonas de inhibición durante la morfogénesis inducen la formación de una nueva cúspide. Este modelo epigenético se vincula con la formación de la cúspide de Carabelli [1]. Estudios previos sugieren que su expresión infiere la disposición de cúspides en molares superiores [2]. No obstante, la evaluación del modelo considerando la variabilidad inter-individual no se ha explorado con detalle. En este trabajo, analizamos la relación entre la expresión del Carabelli y la morfometría del primer molar (M^1) en una amplia muestra ($n=335$) de individuos adultos de ambos sexos. El Carabelli se clasificó en grados de ausencia (~50%) y presencia de ligera (~40%) o marcada (~10%) expresión en función de clasificaciones establecidas [2,3]. El tamaño de la corona y distancias entre cúspides fueron cuantificadas en imágenes digitales calibradas de la superficie occlusal sobre réplicas de alta resolución. Encontramos que la expresión de Carabelli influye en la configuración morfométrica del diente entre individuos y a nivel de población. De acuerdo con predicciones previas [2], distancias menores entre cúspides confieren una mayor probabilidad de presentar Carabelli de marcada expresión. El dimorfismo sexual registrado en el tamaño del diente en relación al tipo de Carabelli (t -test $P<0,05$), no condiciona una covarianza significativa entre hombres y mujeres relacionado con el espacio entre cúspides. El mayor tamaño de la corona en expresiones marcadas del tubérculo únicamente se observa a nivel de población. Nuestros resultados apoyan el modelo de desarrollo morfogenético [1], donde el grado de Carabelli contribuye a la disposición de cúspides. No obstante, una mayor frecuencia de la cúspide en población Europea con respecto a los complejos dentales Sunda- y Sinodonte, predice un efecto de variabilidad morfogenética entre poblaciones.

85

Referencias

- [1] Jernvall J, Jung HS. *Yrb. Phys. Anthropol.*, 2000, 48, 171-190.
- [2] Hunter JP, Guatelli-Steinberg D, Weston TC *et al.* *PLoS ONE*, 2010, 5, e11844.
- [3] Hasegawa Y, Rogers J, Scriven G. *Dent. Anthropol.*, 2010, 23, 7-14.

Uso de polygenic risk scores para el estudio de factores genéticos implicados en fenotipos no clínicos

M. de Castro-Català^{1,2}, A. Mora-Solano¹, E. Peña^{1,2}, P. Cristóbal-Narváez³,
N. Barrantes-Vidal^{3, 4, 5, 6}, A. Rosa^{1, 2, 6,*}

¹ Secció de Zoologia i Antropologia Biològica, Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona (UB), Barcelona, Spain.

² Institut de Biomedicina de la Universitat de Barcelona (IBUB), Barcelona, Spain.

³ Departament de Psicologia Clínica i de la Salut, Facultat de Psicologia, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), Bellaterra, Barcelona, Spain.

⁴ Department of Psychology, University of North Carolina at Greensboro, Greensboro, North Carolina, United States.

⁵ Sant Pere Claver – Fundació Sanitària, Barcelona Spain.

⁶ Centro de Investigaciones Biomédicas en Red de Salud Mental (CIBERSAM), Madrid, Spain.

* araceli.rosa@ub.edu

Una de las aproximaciones desarrolladas recientemente para el estudio de las enfermedades o rasgos poligénicos, en los cuales existen múltiples variantes genéticas de efecto menor, es el cálculo de *polygenic risk scores* (PRS). Para un individuo el PRS representa la suma de todos los alelos de riesgo de los cuales es portador, multiplicado por el logaritmo del *odds ratio* (OR) asociado a cada variante identificado previamente en un estudio a lo largo del genoma (GWAS) independiente.

Ésta prometedora estrategia se ha utilizado para detectar variantes de riesgo para enfermedades complejas, como la esquizofrenia, mostrando diferentes polimorfismos de riesgo asociados [1]. Teniendo en cuenta: i) que la enfermedad es poligénica y ii) que existe una base genética común con otros fenotipos del trastorno que se pueden evaluar en población sana (ej. vulnerabilidad para psicosis), esperaríamos que los individuos con mayor carga genética también presentaran puntuaciones más altas en dichos fenotipos [2].

En el presente estudio se analizó la relación entre diferentes rasgos de personalidad y el riesgo genético mediante una estrategia de PRS en una muestra de 808 sujetos sanos. Para ello, se analizaron 20 SNPs en 9 genes candidatos para psicosis.

Nuestros resultados basados en análisis exploratorios parecían sugerir que existe un subgrupo de genes que se asociarían a rasgos de personalidad relacionados con los síntomas positivos de la enfermedad. No obstante, los PRS calculados con este subgrupo de genes no confirmaron estos resultados.

A pesar de estos hallazgos, dada la complejidad de nuestro cerebro, el uso de PRS para la identificación de asociaciones genéticas con fenotipos intermedios como los utilizados en este estudio sigue siendo plausible en estudios futuros donde se analice un mayor número de variantes genéticas.

References

- [1] Ripke et al. 2014. Nature 511, 421–427
- [2] Hatzimanolis et al. 2015. Am J Med Genet Part B 168B: 392-401 polygenic risk nonclinical population

North african gene-flow into its coastal surroundings

L. R. Arauna¹, D. Comas¹

¹ Institute of Evolutionary Biology (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), Doctor Aiguader 88 Barcelona,

lara.rubio@upf.edu

The proximity of North Africa to the European shores in the Western Mediterranean has promoted episodes of shared history and the movement of people. Our aim is to understand those migrations in the coastal surroundings of North Africa by focusing on three populations from the Western coast: Tuscany, the Iberian Peninsula and the Canary Islands.

In this study we analyze genome-wide data of more than 1000 samples from current populations, including samples from the three locations in the spotlight. In order to provide a fine resolution of the genetic structure, we apply haplotype-based methods that allow us to estimate in which proportion and when the different studied populations participated in the demographic process that conformed the current populations.

87

Our results show that the gene flow from North Africa into Tuscany and the Iberian Peninsula arrived mainly from the North coast. In the case of Tuscany the admixture that we detect took place around the 4th century, during Roman times. In the Iberian Peninsula the North African component derives from an admixture around the 9th century, showing the impact of the Al-Andalus. In the other hand, the North African gene-flow into the Canary Islands is mainly associated to the western North African coast. Gene-flow also points to trans-Saharan migrations from the Sub-Saharan North Atlantic coast. A fine structure of the European colonization footprint in the Canary Islands shows a predominant Iberian component, but also gene-flow from different origins including Northwest Europe. All these components admixed in the Islands around the 15th century, soon after the Castilian conquest.

In conclusion, the gene-flow from North Africa into the surrounding coast has been frequent and differential in the Mediterranean and the Atlantic coasts. Our results show that specific historical events have not only implied a socio-cultural impact, but modified the demography of the region.

Topographic analysis of molar crowns in western plain gorillas and eastern chimpanzees

J.J. Rueda¹, A. Romero², A. Pérez-Pérez¹

¹ Dept. Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona. Av. Diagonal 643, 08028, Barcelona, jorgejuanrueda@gmail.com

² Departamento de Biotecnología, Universidad de Alicante.

Topographic and morphometric analysis offers a great number of possibilities for anatomical research in the field of geometric, morphological and phylogenetic comparison. In this research, we analyze the morphology of the dental cusps of the first and second lower molars of the Western Lowland Gorilla and the Eastern Chimpanzee in order to make inferences on dietary adaptations and ecological diversity. Despite the phylogenetic proximity between *Gorilla* and *Pan*, their distinct dietary behaviors may have determined specific anatomical adaptations in dental morphologies that can be analyzed using morphometric techniques. In the present analysis, the age-related variability of molar shape in both taxa was also analyzed and phylogenetic inferences of molar development and shape were discussed. The studied sample includes 99 individuals from the Powell-Cotton Museum (Great Britain), 52 gorillas and 47 chimpanzees of known sexes and various ages derived from dental development patterns. 3D scans of the dental crowns were obtained (DAVID scan) at maximum resolution. The 3D meshes were processed with *Geomagic* and *MeshLab* [1,2] to isolate the molar teeth and homogenize the meshes to 10,000 polygons for numerical analysis in *Geomorph*(R Project) and *MorphoJ* [3,4]. Significant differences in molar crown topography (DNE, CRI, OPCR) were detected, which reflect the very distinct molar adaptations of the two species considered. Despite the small age ranges in the samples studied, the anatomical comparisons showed a distinct trend in molar morphology and topography with respect to dental age, reflecting the effects of dental use and wear rates through time. Linear regression models were highly significant in both species and explained the reduction in molar crown height with dental age. However, the rates of dental wear differed in the two species, likely reflecting differences in ecological niches and dietary adaptations.

References

- [1] Geomagic Wrap 2014 software (3D Systems, Rock Hill, SC, USA)
- [2] MeshLab v.1.3.3 software (ISTI - CNR research center, University of Pisa)
- [3] D. C. Adams, E. Otarola-Castillo. Methods in Ecol. Evol. 2013, 4, 393-399.
- [4] J. M. Winchester. PLoS One 2016, 11(2), e0147649.

Estudio de la variabilidad poblacional en el inicio de osificación de las epífisis humerales

Azahara Salazar^{1*}, Rebeca García-González¹, José Miguel Carretero¹.

¹ Laboratorio de Evolución Humana. Área de Paleontología.

Dpto. de Historia, Geografía y Comunicación . Email address: azahara_sf@hotmail.com

Objetivo

Conocer la variabilidad en los tempos de desarrollo en poblaciones modernas es imprescindible a la hora de llevar a cabo estudios paleoantropológicos o forenses. Aunque ya existen numerosos estudios relacionados con la variabilidad poblacional del desarrollo dental, hay muchos menos relacionados con la variabilidad en la maduración esquelética (1,2). Por ello el objetivo de este trabajo es el de documentar la edad de la primera aparición de los centros de osificación secundaria del húmero en una muestra procedente de Ciudad del Cabo (Sudáfrica). De esta forma se aportan nuevos datos para el estudio de la variabilidad de este evento de la maduración esquelética.

Materiales y métodos

La muestra utilizada comprende las radiografías de 531 varones y 326 mujeres con edades comprendidas entre los 0 y los 12 años.

Resultados

Nuestro resultados muestran que la edad de la primera aparición del centro de osificación de la cabeza del húmero es a los 2 meses de edad, mientras que la edad para la primera aparición del centro de osificación del tubérculo mayor varía desde los 15 hasta los 18 meses. El momento dónde se aprecia por primera vez la fusión entre la cabeza, tubérculo mayor y menor varía desde los 26 meses a los 5 años y tres meses. En la parte distal, la edad para la primera aparición del centro de osificación del capítulo es a los 5 meses y de 5 años para los epicóndilos medial y laterales. La edad primera dónde se aprecia la fusión de prácticamente toda la epífisis distal es a los 12,7 años.

89

Conclusión

Las edades en las que están presentes por primera vez los centros de osificación de las epífisis entran dentro de los rangos ofrecidos por otros estudios (3). Sin embargo se ha observado una tendencia a que la formación de las epífisis compuestas en esta muestra tenga lugar a edades más tempranas.

Agradecimientos

Prof(a) Kyra Stull

Prof.(a) Heather Garvin Elling

Mercyhurst University (Erie, EEUU)

Hospital Red Cross War Memorial Children's (Cape Town, South Africa)

Al proyecto, CGL2015-65387-C3-2-P (MINECO/FEDER)

Referencias

- [1] Eveleth PB, Tanner JM. 1990. World variation in human growth: Cambridge University Press.
- [2] Roche AF. 1992. Growth, maturation, and body composition: the Fels Longitudinal Study 1929-1991: Cambridge University Press.
- [3] Scheuer L, and Black S. 2000. Developmental juvenile osteology. London: Academic press.

Preliminary results of the frequency of Cuboid facet of Navicular bone in contemporary Spanish collections: Midtarsal biomechanic implications.

Eduardo Saldias¹, Assumpció Malgosa¹, Albert Isidro²

¹ Universitat Autònoma de Barcelona, Spain. eduardo.saldias@uab.cat

² Hospital Universitari Sagrat Cor de Barcelona, Spain

The cuboid facet of the navicular, localized next to the third cuneiform surface, is described by the literature as an “occasionally find”. However, until this date, there is not a biomechanical explanation about the presence or absence of this facet in contemporary skeletal remains and neither current statistical data that allow approaching a new focus of this study. Taking in consideration the above, we analyzed 267 pairs of navicular bones from documented collections from Spain (Granada, Barcelona and Madrid) through morphoscopical and morphometrical methods, emphasizing in its presence and the implications in the modern gait.

Summarizing our results, we found similar quantifies between individuals with and without surface, replying alike information comparing populations, sexes and lateralization. By means of morphometrical methods, we observed a relationship between the proportions of the talar surface and the presence of the cuboid facet. Our hypothesis is related with the change of position of the talo-navicular joint due to its progressive torsion in feet prone to pronation. Nowadays and considering the above, the authors have been working in new skeletal collections and testing new methods in other midtarsal bones.

90

Referencias

- [1] L. Aiello and C. Dean, “The hominoid foot,” in *An introduction to human evolutionary anatomy*, 6th ed., Eastbourne: Elsevier Academic Press, 2002, pp. 507–538.
- [2] T. C. Prang, “Reevaluating the functional implications of Australopithecus afarensis navicular morphology,” *J. Hum. Evol.*, vol. 97, pp. 73–85, 2016.
- [3] T. Manners-Smith, “A study of the navicular in the human and anthropoid foot,” *J. Anat. Physiol.*, vol. 41, no. 4, pp. 255–279, 1907.
- [4] D. N. Gomberg, “Functional Differences of Three Ligaments of the Transverse Tarsal Joint in Hominoids,” *J. Hum. Evol.*, vol. 14, pp. 553–562, 1985.
- [5] R. H. Crompton, T. C. Pataky, R. Savage, M. R. Bennett, M. H. Day, K. Bates, S. Morse, and W. I. Sellers, “Human-like external function of the foot , and fully upright gait , confirmed in the 3 . 66 million year old Laetoli hominin footprints by topographic statistics , experimental footprint- formation and computer simulation,” *J. R. Soc. Interface*, vol. 9, pp. 707–719, 2012.
- [6] D. Gebo, “Musculo skeletal system,” in *Primate comparative anatomy*, 1st ed., Baltimore: John Hopkins University Press, 2014, pp. 57–59.
- [7] M. Dagosto, “Implications of postcranial evidence for the origin of euprimates,” in *The primate postcranial skeleton*, E. Strasser and M. Dagosto, Eds. Academic Press, 1988, pp. 47–53.

- [8] E. E. Sarmiento and L. F. Marcus, “The Os Navicular of Humans , Great Apes , OH 8 , Hadar , and Oreopithecus : Function , Phylogeny , and Multivariate Analyses,” *Am. museum Novit.*, vol. 3288, pp. 1–38, 2000.
- [9] C. O. Lovejoy, B. Latimer, G. Suwa, B. Asfaw, and T. D. White, “Combining prehension and propulsion: the foot of *Ardipithecus ramidus.*,” *Science*, vol. 326, no. October 2, p. 72e1-72e8, 2009.
- [10] J. Hicks, “The mechanics of the foot: II. The plantar aponeurosis and the arch,” *J. Anat.*, no. 88, pp. 25–30, 1954.
- [11] J. M. Desilva and S. V Gill, “Brief Communication : A Midtarsal (Midfoot) Break in the Human Foot,” *Am. J. Phys. Anthropol.*, vol. 151, no. April, pp. 495–499, 2013.
- [12] P. Wolf, A. Stacoff, A. Liu, C. Nester, A. Arndt, A. Lundberg, and E. Stuessi, “Functional units of the human foot,” *Gait posture*, vol. 28, pp. 434–441, 2008.
- [13] P. Lundgren, C. Nester, A. Liu, A. Arndt, R. Jones, A. Stacoff, P. Wolf, and A. Lundberg, “Invasive in vivo measurement of rear- , mid- and forefoot motion during walking,” *Gait posture*, vol. 28, pp. 93–100, 2008.
- [14] R. Donatelli, “Abnormal Biomechanics of the Foot and Ankle,” *J. Orthop. Sports Phys. Ther.*, vol. 9, no. 1, pp. 11–16, 1987.

Diferencias sexuales en la densidad de crestas epidérmicas durante el crecimiento

A. Sánchez-Andrés^{1,2}, N. Rivaldería^{1,2}, J. Martín³, A. Boillos¹, C. Velázquez¹,
E. Gutiérrez-Redomero^{1,2}

¹ Universidad de Alcalá, Dpto. Ciencias de la Vida, Edificio de Ciencias,
Campus Científico-Tecnológico, 28805 Alcalá de Henares. angeles.sanchez@uah.es

² Instituto Universitario de Investigación en Ciencias Policiales (IUICP)

³ Universidad Autónoma de Madrid, Dpto. Biología, Edificio de Biología

Es de sobra conocida la amplia aplicación que los dermatoglifos han tenido en el campo forense para la identificación personal desde hace más de un siglo. En la última década, además, se ha demostrado que la variación de la anchura de las crestas epidérmicas puede utilizarse para inferir el sexo a partir de impresiones dactilares o palmares de origen desconocido. Sin embargo, poco se sabe sobre cuándo aparece este dimorfismo sexual, por lo que el objetivo de este estudio fue analizar la variación de la anchura de crestas a lo largo del crecimiento.

92

Para ello se ha cuantificado la densidad de crestas (DC), como indicador de la anchura de crestas, en una muestra de 939 escolares (453 niños y 486 niñas), de entre 6 y 14 años.

El recuento de la DC se ha realizado en tres áreas (radial, ulnar y proximal) del extremo distal de cada dedo, analizándose estadísticamente para cada variable la variación topológica, bimanual y sexual a lo largo del periodo analizado. Los resultados muestran que, en ambos sexos y en las tres áreas de recuento analizadas, la DC decrece con la edad, manteniendo, durante todo el periodo analizado, una mayor DC las áreas distales (radial y ulnar) en relación al área proximal. En ambos sexos y para todas las edades, la DC es mayor en la mano izquierda que en la derecha, invirtiéndose las diferencias en el área proximal. En cuanto a las diferencias sexuales comprobadas en el adulto, aparecen claramente establecidas a los 14 años en las áreas ulnar y radial, pero no se detectan en el área proximal.

Por tanto, el patrón adulto (crestas epidérmicas más finas en las mujeres) ya es detectable a los 14 años en la región distal del dedo, pero no en la región proximal.

En gran silencio: estudio de restos esqueléticos encontrados en claustros femeninos de la Península Ibérica, del siglo XVI al XX

Nataša Šarkić¹, Rosa Dinarès², Lucía Muñoz¹, Aurora Grandal-D'anglade³,
Olalla López-Costas⁴, Jesús Herrerín¹

¹Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid

²Radiodiagnóstico, Hospital Universitaria General de Catalunya

³Instituto Universitario de Xeoloxía, Universidade da Coruña

⁴Departamento de Geografía, Universidad de Santiago de Compostela;
Archaeological Research Laboratory, Stockholm University, Sweden;

Laboratorio de Antropología, Universidad de Granada

Introducción

Las monjas enclaustradas, aquellas que pasan toda su vida escondidas detrás de gruesas paredes, siempre han despertado mucha curiosidad. Vivir en el claustro no era tarea fácil ya que, aparte del aislamiento total, estas mujeres también tuvieron que soportar un duro trabajo físico, ayuno y abstinencia.

Material y métodos

Los restos esqueléticos encontrados en 3 necrópolis de monasterios femeninos: 2 de Belmonte en España (siglos XVI-XVII y XIX-XX) y 1 de Alcácer do Sal en Portugal (siglo XVI-XIX), fueron examinados detalladamente. El estudio presenta un intento de analizar todos los aspectos de su vida, para lo que se utilizó información obtenida de diversas fuentes: datos históricos y arqueológicos, análisis antropológico y paleopatológico, análisis de isótopos estables, fuentes zoológicas y radiología. Los resultados obtenidos se compararon con población femenina secular del mismo período y de la misma región, con el fin de determinar en qué manera diferían sus modos de vida.

93

Principales resultados

En total, 90 esqueletos de monjas y 46 de mujeres adultas de población secular fueron analizados.

Los resultados muestran parámetros demográficos diferentes, con monjas que presentan una vida más larga en promedio.

Los isótopos estables, fuentes zooarqueológicas y enfermedades metabólicas indican una dieta restringida y muy homogénea.

El número de traumas es sorprendentemente alto para el lugar tranquilo que el monasterio suele considerarse.

La presencia de artrosis, marcadores de estrés ocupacional y marcadores de estrés musculoesquelético revela movimientos repetitivos y patrones de actividad muy similares entre poblaciones monásticas.

Conclusiones

El estudio de los restos óseos femeninos de los claustros representa una importante fuente de información, no sólo para una mejor comprensión de la vida de estas monjas, sino también de cómo la industrialización afectó a la sociedad, incluso a las partes más ocultas de ella.

Las prácticas funerarias de las poblaciones prehistóricas durante el holoceno en el sitio arqueológico toca do Gongo III, parque nacional serra da capivara, piaui, brasil. / Funerary practices of prehistoric populations during the holocene at the archaeological site toca do Gongo III, serra da capivara national park, piaui, brazil

A. Solari¹, A.M. Pessis², G. Martin³

¹UFPE – Universidade Federal de Pernambuco. Av. Prof. Moraes Rego, 1235

Cidade Universitária, Recife - PE - CEP: 50670-901, e-mail: anasolari74@gmail.com

²FUMDHAM –Fundação Museu do Homem Americano. Centro Cultural Sérgio Motta, s/n.

Bairro Campestre. São Raimundo Nonato– PI. CEP: 64770-000, e-mail: annepessis@gmail.com

³FUMDHAM –Fundação Museu do Homem Americano. Centro Cultural Sérgio Motta, s/n.

Bairro Campestre. São Raimundo Nonato– PI. CEP: 64770-000,

e-mail: gabrielamartinavila@gmail.com

Presentamos una aproximación a los comportamientos mortuorios de las poblaciones prehistóricas que habitaron durante el Holoceno el área que actualmente ocupa el Parque Nacional Serra de Capivara, Piaui, Brasil. Más de 900 sitios arqueológicos con pinturas y grabados rupestres, entierros humanos, artefactos líticos y cerámicos, entre otros, reflejan las manifestaciones socio-culturales de los diversos grupos humanos que ocuparon la región, durante más de 10.000 años antes de la llegada de los europeos al continente americano. En particular, los nuevos datos obtenidos a partir de las excavaciones arqueológicas y los análisis bioarqueológicos en laboratorio de 12 entierros humanos provenientes del sitio arqueológico Toca do Gongo III, nos permiten reconstruir las formas de tratar con la muerte de estos grupos originarios del nordeste brasileño. Entierros directos simples en fosas e indirectos en urnas funerarias, en su mayoría infantiles de corta edad y adolescentes, en variadas posiciones de depósito y con poco o ningún acompañamiento funerario además de las urnas cerámicas y opérculos con decoración corrugada, alisada o pintada, datados entre 260 y 3540 años A.P. son algunos de los resultados obtenidos que permiten interpretar el perfil funerario de este sitio, a pesar del precario estado de preservación de los restos humanos por causas tafonómicas naturales, que incluyen el pH ácido de los suelos y la acción de raíces y radículas. En definitiva, este sitio aporta nuevas informaciones que enriquecen nuestro entendimiento del modo de vida en que los diversos grupos de sociedades cazadoras-recolectoras y horticultores-ceramistas del pasado dejaron su huella en esta región del continente sudamericano.

We present an approximation to the mortuary behavior of the prehistoric populations that inhabited during the Holocene the area that at present occupies the Serra de Capivara National Park, Piaui, Brazil. More than 900 archaeological sites with cave paintings and engravings, human burials, lithic and ceramic artifacts, among

others, reflect the socio-cultural manifestations of the various human groups that occupied the region, more than 10,000 years before the arrival of Europeans to the American continent. The new data obtained from the archaeological excavations and the bioarchaeological laboratory analyzes of 12 human burials from the Toca do Gongo III archaeological site, allow us to reconstruct the ways of dealing with the death of these groups originals of the Brazilian northeast. Simple direct burials in pits and indirect burials in funerary urns, mostly young children and adolescents, in varied positions of deposit and with little or no funeral goods, in addition to the ceramic urns with corrugated decoration, smoothed or painted, dated between 260 and 3540 years B.P., are some of the results obtained that allow interpreting the funerary profile of this site, despite the precarious state of preservation of the human remains by natural taphonomic causes, which includes the acid pH of soils and the action of roots and rootlets. In short, this site brings new information that enriches our understanding of the way of life and death in which the various groups of hunter-gatherer societies and horticulturists-ceramists of the past left their mark on this region of the South American continent.

Nuevos datos de la Barcelona prehistórica. Los enterramientos de la Gardunya

N. Montes¹, Arnau Barquer¹, Rubèn Sempere¹, M. E. Subirà¹

¹ Grup de Recerca Aplicada al Patrimoni Cultural (GRAPAC), Unitat d'Antropologia Biològica,
Departament de Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona),

Eulalia.Subira@uab.cat

Entre noviembre de 2010 y noviembre del 2012 se realizaron obras en la Plaza de la Gardunya en Barcelona dentro del Proyecto de las obras de construcción de un aparcamiento y de un área de actividades del mercado de San Josep-la Boqueria, en el sótano de la plaza de la Gardunya. Entre todas las estructuras excavadas se localizaron, un sepulcro de fosa del neolítico medio y un área de necrópolis con cinco estructuras de tipo hipogeo de enterramientos colectivos del bronce antiguo.

El sepulcro de fosa datado en 5.150±30 BP contenía los restos de una mujer de 21-30 años que llevaba un brazalete y un collar de cuentas de variscita [1].

96

Respecto a las estructuras tipo hipogeo: en la estructura UF 4 S 4 UE 4389 se han identificado un total de 37 individuos, de los que 28 son adultos, mayoritariamente de sexo femenino y 9 subadultos que representan todos los grupos de edad; en la UF3 S 4, formada por dos unidades estratigráficas se han identificado restos únicamente de individuos adultos, dos individuos en UE 4463, y 5 individuos en la UE 4328; en la UF 3 UE 4430, se han identificado 11 individuos, 10 adultos y un subadulto; la UF 2 S 4 UE 4319 con 4 individuos; y finalmente la UF 1S 5 UE 50574 ha aportado 5 individuos adultos y 3 subadultos [2].

Hasta la actualidad, si bien se habían excavado necrópolis de sepulcros de fosa, no se había hallado una necrópolis del bronce tan densa como la de la Gardunya. Su estudio permite valorar el uso de estas estructuras complejas de enterramientos múltiples, donde se hallan representados ambos sexos, de edades diversas incluyendo en las más grandes individuos subadultos.

Referencias

- [1]. El jaciment de plaça de la Gardunya. A: (A. Gómez y M. Molist eds) La prehistòria al pla de Barcelona. Documents per a una nova síntesi.. MUHBA documents 11: 222-225.
- [2]. Montes N; Barquer A; Sempere R; Subirà ME. 2014. Estudi antropològic de les restes recuperades a la intervenció arqueològica de la plaça de la Gardunya (Barcelona). (inèdit)

El papel de las mutaciones de la región control del ADN mitocondrial en las enfermedades cardiovasculares: accidente cerebrovascular e infarto de miocardio

Miriam Umbria¹, Amanda Ramos¹, Cristina Santos¹ and Maria Pilar Aluja¹.

¹ Unitat d'Antropologia Biològica, Departament de Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia. Facultat de Biociències edifici C. Universitat Autònoma de Barcelona.
08193 Cerdanyola del Vallès.
miriam.ubr@gmail.com

Introducción: Estudios recientes han analizado la posible asociación de la enfermedad cardiovascular (ECV) con defectos específicos del ADN mitocondrial (ADNmt), impulsados principalmente por el papel central de las mitocondrias en el metabolismo celular [1]. Considerando la importancia de la región control (RC) - no codificante-, sobre la regulación de la expresión génica del ADNmt [2-4], el objetivo del presente estudio fue investigar el papel de las mutaciones en esta región del ADNmt, en dos ECV: accidente cerebrovascular (ACV) e infarto de miocardio (IM).

Material y métodos: Para encontrar esta asociación, analizamos tanto las mutaciones fijas como en heteroplásmia de la RC del ADNmt en dos poblaciones demográficamente emparejadas de casos y controles, utilizando 154 casos con ACV, 211 casos con IM y sus correspondientes controles.

97

Resultados: Se encontraron diferencias significativas entre casos y controles, reportando las mutaciones 16.145G>A y 16.311T>C como un potencial factor de riesgo genético para el ACV (regresión logística: $p = 0.038$ y $p = 0.018$, respectivamente), mientras que las mutaciones 72T>C, 73A>G y 16.356T>C podrían actuar como posibles factores genéticos neutros o beneficiosos para el IM (regresión logística: $p = 0.001$, $p = 0.009$ y $p = 0.016$, respectivamente). Por otro lado, nuestros resultados también mostraron un alto porcentaje de heteroplásmia puntual en los controles de IM ($p = 0.022$, prueba de McNemar).

Conclusiones: Estos resultados demuestran el posible papel de las mutaciones en la RC del ADNmt sobre la patogénesis del ACV y el IM, y muestran la importancia de incluir esta región reguladora en los estudios de asociación genética.

Referencias

- [1] Panth N., Paudel K., and Parajuli K. Reactive Oxygen Species: A Key Hallmark of Cardiovascular Disease. *Adv Med.* 2016, 9152732.
- [2] Ide T., Tsutsui H., Hayashidani S., Kang D., Suematsu N., et al. Mitochondrial DNA damage and dysfunction associated with oxidative stress in failing hearts after myocardial infarction. *Circ Res.* 2001, 88: 529-535.
- [3] Tsutsui H., Kinugawa S., and Matsushima S. Oxidative stress and mitochondrial DNA damage in heart failure. *Circ J.* 2008, 72 Suppl A: A31-37.
- [4] Huang J., Tan L., Shen R., Zhang L., Zuo H., and Wang, D.W. (2016). Decreased Peripheral Mitochondrial DNA Copy Number is Associated with the Risk of Heart Failure and Long-term Outcomes. *Medicine.* 2016, 95: e3323.

Importancia del análisis del proceso de cremación de cadáveres en el ámbito forense mexicano

Valencia Caballero L¹, Pineda Martínez D¹, Zepeda Rodríguez A², Díaz-Martín RD³,
Camacho Martínez, Z^{1,2}.

¹ Universidad Nacional Autónoma de México, Departamento de Anfiteatro,
Facultad de Medicina. Av. Universidad 3000, Ciudad Universitaria CP.04510, Ciudad de México.

² Universidad Nacional Autónoma de México, Laboratorio de Microscopía Electrónica.
Departamento de Biología Celular y Tisular. Facultad de Medicina. Av. Universidad 3000,
Ciudad Universitaria CP.04510, Ciudad de México.

³ Universidad Nacional Autónoma de México, Laboratorio de Biología del Citoesqueleto,
Departamento de Parasitología, Facultad de Medicina. Av. Universidad 3000,
Ciudad Universitaria CP.04510, Ciudad de México.

E-mail: loreval@unam.mx

En México los actos y conductas criminales se han incrementado y diversificado sobremanera. Ante tal situación, la antropología forense mexicana se enfrenta a grandes retos en materia de investigación, actualización de métodos y técnicas empleadas durante el proceso de identificación humana en casos forenses (1, 2, 3). Al respecto, se contribuye con un trabajo de investigación en el que se analiza el proceso de cremación de cadáveres y los cambios estructurales en el tejido duro, conservación de material orgánico y la identificación de sustancias que aceleren la combustión.

98

La investigación se lleva a cabo en el Departamento de Anfiteatro de la Facultad de Medicina, UNAM. Los cadáveres estudiados corresponden al material docente suministrado durante el año académico para la asignatura de disección de la Licenciatura en Médico Cirujano, los cuales por Reglamento deben ser cremados en el citado Departamento. Los análisis realizados fueron: microscopía electrónica de barrido y espectrometría de masas.

Los resultados obtenidos permintieron conocer a qué tiempo y temperatura se modifica la estructura ósea; si se conserva, o no materia orgánica; y qué sustancias químicas se utilizaron para acelerar la combustión.

Todos estos datos contribuyen en el proceso de investigación de casos forenses donde se lleva a cabo una práctica de cremación de cuerpos humanos.

Bibliografía

- (1) Correia, P. Fire modification of bone: a new review of the literature. En: Haglund W. Sorg, M. Eds. *Forensic Taphonomy: The Postmortem fate of Human Remains*. New York; CRC Press 1997; pp.275-293.
- (2) Shipman, P.; Foster, G. Schoeningger, M. Brunt Bones and Teeth: an experimental Study of color, Morphology, Crystal Structure and Shrinkage. *Journal of Archaeological Science*. 1984;11:pp.307-325.
- (3) Patricio López, M.; Cartajena I.; Olivares, G.; López, O.; Carabias, A. y Morales C. Aplicación de microscopio electrónico de barrido (MEB) y espectroscopía de energía dispersiva(EDS) para distinguir alteraciones térmicas en restos osteofaunísticos de un sitio sumergido del pleistoceno final de la costa de Chile central. En: Temas de Arqueología: Estudios Tafonómicos y Zooarqueológicos (II) 2011. A. Acosta, D. Loponte y l: Mucciolo (compiladores), pp.25-44.

Valoración de la Densidad Mineral Ósea (DMO) en función de algunas variables del ciclo reproductor femenino en población española > 50 años

T. Vaquero¹, C. Prado¹

¹ Universidad Autónoma de Madrid, ¹ Calle Darwin nº 2 (28049),

tamara.vaquero@predoc.uam.es, consuelo.prado@uam.es

Introducción

En la menopausia la alteración del tejido óseo se caracteriza por una merma de efectividad y un enrarecimiento tanto en su morfología como en su composición, con el consecuente cambio del contenido mineral. Las variables del ciclo fértil constituyen uno de los principales factores biológicos de riesgo de pérdida acelerada de masa ósea asociada a la función estrogénica.

Muestra y método

Se ha estudiado a 990 mujeres en etapa climatérica > 50 años, usuarias de la Unidad de Metabolismo óseo de la Fundación Jiménez Díaz de Madrid, siendo aprobado el estudio por el Comité Bioético del Centro.

A todas las mujeres incluidas en el estudio se les realizó una Densitometría en Columna Lumbar (CL) (media entre L2 y L4) y en Cuello Femoral (CF).

99

Resultados

Un 87,2% de la muestra presenta alteraciones en la DMO. La prevalencia de osteoporosis en CL es del 35%, del 15% en CF y de osteopenia 47% y 60% respectivamente.

La edad de menarquia se correlaciona negativa y significativamente con los valores de DMO en CL (-0,088 p=0,006) y CF (-0,144 p=0,000) y la edad de menopausia positiva y significativamente (CL: 0,073 p=0,025; CF: 0,069 p= 0,033).

Las mujeres cuyo cese fue natural y a una edad tardía presentan de media mayor DMO en CF y CL que a una edad temprana.

A medida que aumenta la duración del Periodo Reproductivo (PR) la DMO media aumenta de manera significativa en CL. Los picos máximos de DMO lo alcanzan tanto en CF como en CL las mujeres con PR superiores a 35 años.

Conclusiones

El presente estudio vincula el proceso de cambio óseo en la menopausia con la historia del ciclo reproductor y no sólo con la edad de menopausia y menarquia, también con el tipo de menopausia y la duración del PR, interesantes variables biológicas influyentes en la calidad ósea en esta etapa.

Paleopatología en restos humanos de época Carolingia

L. Aguiló 1, A. Malgosa 1, X. Jordana 1

1 Unitat d'Antropologia Biològica, Dep BABVE, Universitat Autònoma de Barcelona,

laura.aguilocabot@gmail.com

En este estudio, se ha trabajado con restos humanos exhumados en 1995 de la necrópolis medieval de las Iglesias de San Pere, Terrassa (Barcelona), pertenecientes a la época Carolingia, (s VIII-X) [1]. Las Iglesias de San Pere son un complejo de tres edificios de carácter románico, construido sobre la antigua Catedral Episcopal de Egara, de época visigoda (s V-VII). El objetivo del trabajo fue realizar un estudio antropológico y paleopatológico de los restos humanos. Se ha estudiado el perfil biológico de 20 individuos siguiendo los métodos antropológicos clásicos [2]. La distribución de edad y sexo de la muestra comprende desde individuos infantiles hasta maduros y seniles, con predominio de estos últimos, y un ligero mayor porcentaje de individuos masculinos. En relación al estudio paleopatológico, se han diagnosticado fracturas remodeladas, en costillas y huesos largos, y otras alteraciones de tipo traumático y degenerativo, como espondilolisis, entesopatías severas, y osteoartrosis en diferentes expresiones. También se ha observado patologías de carácter inflamatorio y/o infeccioso como periostitis, discitis, y osteomielitis. Los esqueletos presentaban algunas patologías orales, como caries, fistulas, reabsorción alveolar, cálculo dental y destaca la presencia en un individuo femenino con un desgaste extraalimentario en la zona cervical de los dientes anteriores compatible la Abfracción dental. La prevalencia de patologías óseas muestra diferencias entre sexos, siendo el masculino el que presenta mayor prevalencia de patologías de carácter inflamatorio y traumático. El sexo femenino presenta un mayor porcentaje de patologías de etiología degenerativa, como la osteoartrosis. Este hecho puede atribuirse a los diferentes roles sociales de la época. La edad predominante de la muestra concuerda con las patologías observadas teniendo en cuenta los recursos poblacionales de los siglos VIII-X.

100

Referencias

- [1] Gracia i Llinars, G. Moro, A. et all. 2003. Del conjunt Paleocristià i catedralici a conjunt parroquial. Transformacions i canvis d'ús de les esglésies de Sant Pere de Terrassa. Terme. Revista d'història. – Núm. 18 – Terrassa: Centre d'Estudis Històrics de Terrassa i Arxiu Històric Comarcal de Terrassa, 1986.ISSN 0213-6678. Pàg. 243.
- [2] Buikstra, J. E., & Ubelaker, D. H. (1994). Standards for data collection from human skeletal remains: proceedings of a seminar at the Field Museum of Natural History.
- [3] Jordana, X., Isidro, A., & Malgosa, A. (2010). Interpreting diachronic osteological variation at the medieval necropolis of the Sant Pere churches (Terrassa, Spain). International Journal of Osteoarchaeology, 20(6), 670-692.

El índice cintura-talla: una buena variable para predecir el riesgo metabólico en mujeres con exceso de peso

A. Alaminos-Torres¹, N. López-Ejeda^{1,2}, I. Rincón¹, I. Alférez³,
JR. Martínez-Álvarez^{1,2}, MD. Marrodán^{1,2}

¹Grupo de Investigación EPINUT. Facultad de Medicina. Universidad Complutense de Madrid, Pza. Ramón y Cajal, s/n Ciudad Universitaria 28040 Madrid, alaminostorres.ana@gmail.com

²Sociedad Española de Dietética y Ciencias de la Alimentación (SEDCA), APTDO. N ° 60055. 28080 Madrid.

³Laboratorios Arkopharma España, C/ Amaltea, 9, 28045 Madrid.

Introducción: La antropometría es una herramienta clave en la detección precoz del riesgo metabólico y numerosos estudios señalan al índice cintura-talla (ICT) como la variable antropométrica más adecuada para predecir el síndrome metabólico (SMET) en la población infanto-juvenil y adulta.

Objetivos: Analizar comparativamente la eficacia diagnóstica de distintas variables antropométricas para la detección del SMET y sus componentes en mujeres con sobrepeso y obesidad.

Materiales y métodos: Se analizaron 2425 mujeres asistentes a consulta dietética en 14 comunidades españolas durante 2016. Se tomaron: peso, estatura, perímetro umbilical y de la cadera, presión arterial, glucosa, colesterol y triglicéridos. Se calcularon índice de masa corporal (IMC), de cintura-cadera (ICC) y de cintura-talla (ICT), estableciendo categorías para el IMC (sobrepeso: 25,0-29,9 kg/m²; obesidad tipo 1: 30,0-34,9; tipo 2: 35,0-39,9 y mórbida: ≥40) y para el ICT (obesidad central ≥0,59). Las variables séricas se categorizaron según criterio de la Federación Internacional de la Diabetes. Se aplicaron curvas ROC para analizar la utilidad de las variables antropométricas en el diagnóstico de cada componente del SMET y del riesgo metabólico global (RMG: presencia de 3 o más componentes) a través del área bajo la curva (ABC).

101

Resultados: El 44,6% de la muestra presentó obesidad y el 61,5% presentaron ICT ≥0,59. El 29,1% hipertensión (HTA), el 28,9% hipercolesterolemia, el 8,7% hiperglucemia y el 5,1% triglicéridos elevados. Las ABC-ROC fueron para HTA: ICT=0,692; umbilical=0,662; IMC=0,647; ICC=0,612; cadera=0,572. Para la hiperglucemia: ICT=0,683; umbilical=0,661; IMC=0,640; ICC=0,645; cadera=0,541. Respecto hipercolesterolemia: ICT=0,623; umbilical=0,594; IMC=0,566; ICC=0,601; cadera=0,514 y para triglicéridos elevados: ICT=0,604; umbilical=0,591; IMC= 0,574; ICC=0,595; cadera=0,518. Para el riesgo metabólico global: ICT=0,681; umbilical=0,650; IMC=0,644; ICC=0,596; cadera=0,564.

Conclusiones: El ICT es la variable antropométrica que mejor predice cada uno de los componentes del SMET y el RMG. Por su eficacia diagnóstica y facilidad de medida se recomienda en la práctica clínica.

A survey of sub-Saharan gene flow into the Mediterranean at risk loci for coronary artery disease

M. Álvarez-Álvarez¹, D. Zanetti¹, R. Carreras-Torres¹, P. Moral¹ and G. Athanasiadis²

¹Faculty of Biology, Department of Evolutionary Biology, Ecology and Environmental Sciences, Biodiversity Research Institute, University of Barcelona, Barcelona, Spain: Avinguda Diagonal 645, 08028, Barcelona, Spain. mmalvarez@ub.edu

²Bioinformatics Research Centre, Aarhus University, Aarhus, Denmark.

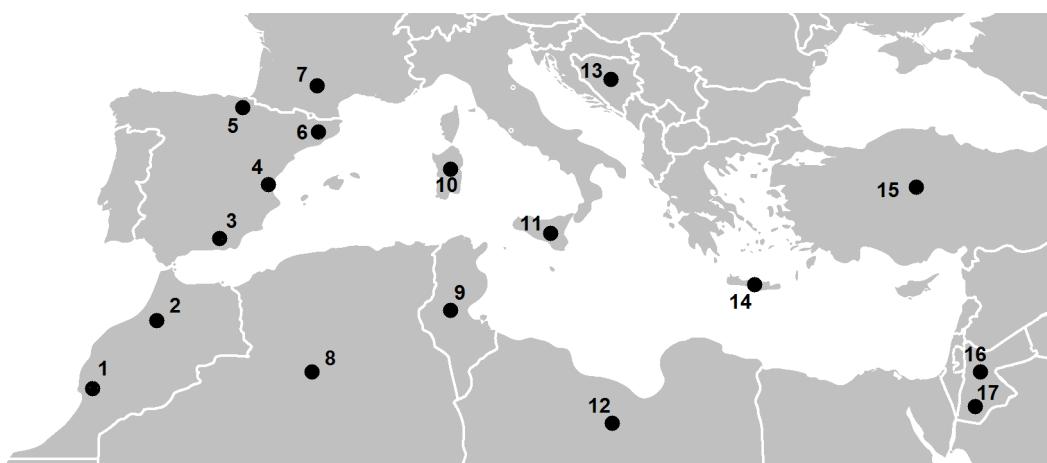
Introduction: This study tries to find detectable signals of gene flow of Sub-Saharan origin into the Mediterranean in four genomic regions previously associated with coronary artery disease.

Materials & Methods: A total of 366 single-nucleotide polymorphisms were genotyped in 772 individuals from 10 Mediterranean countries.

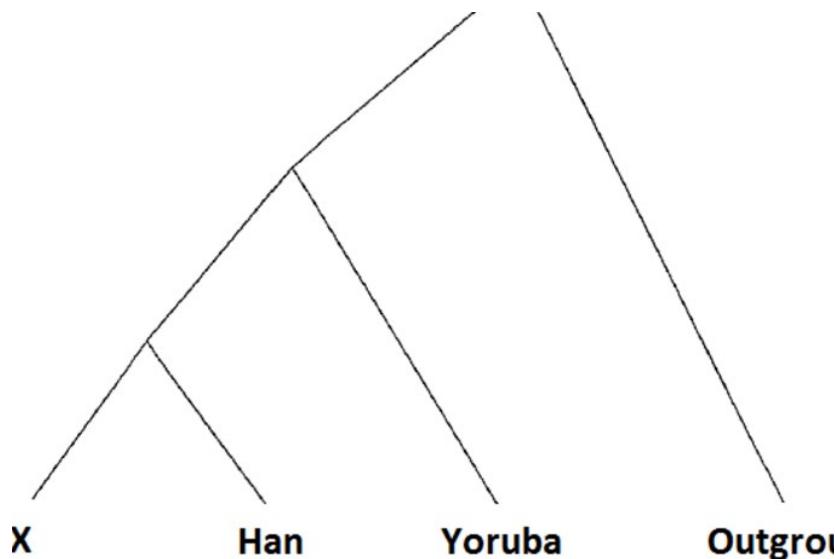
102

Results: Population structure analyses were performed, in which a noticeable Sub-Saharan component was found in the studied samples. The overall percentage of this Sub-Saharan component presents differences between the two Mediterranean coasts. D-statistics suggest possible Sub-Saharan introgression into one of the studied genomic regions (10q11). We also found differences in linkage disequilibrium patterns between the two Mediterranean coasts, possibly attributable to differential Sub-Saharan admixture.

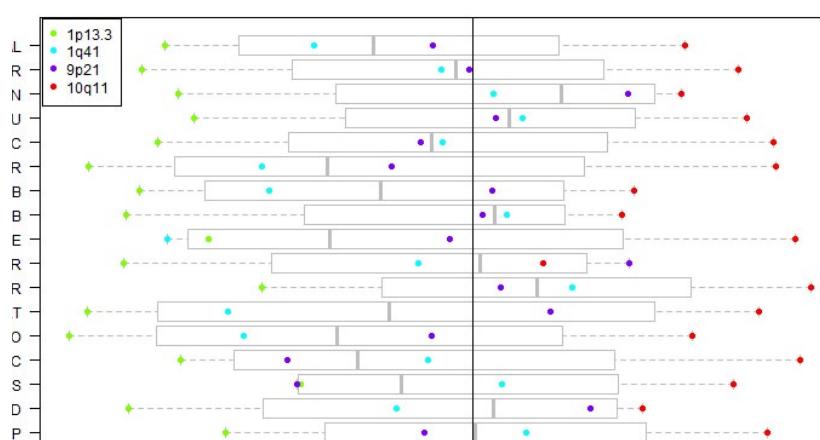
Conclusions: Our results confirm the potentially important role of human demographic history when performing epidemiological studies.



Populations studied. 1, Chouala; 2, Khenifra; 3, Las Alpujarras; 4, Valencia; 5, Basque Country; 6, Girona; 7, Toulouse; 8, M'zab; 9, Tunisia; 10, Sardinia; 11, Sicily; 12, Libya; 13, Bosnia-Herzegovina; 14, Crete; 15, Turkey; 16, General Jordan; 17, Bedouin.



) Topology 'X - CHB - YRI - Ancestral'



103

(a) Topology assumed for the D-statistics, where X represents a Mediterranean population.

(b) Boxplots showing the results of the D-statistics. The points represent the Z-score values (abscissas axis) obtained for each genomic region in a given Mediterranean population X (ordinates axis). As the topology assumed is (((X, CHB), YRI), Ancestral), significant Z-score-positive values indicate a gene flow event between YRI and X. The significance threshold is set at ± 2 .

Legend: ALP, Las Alpujarras; BED, Bedouin; BOS, Bosnia-Herzegovina; BSC, Basque Country; CHB, Han Chinese from Beijing; CHO, Chouala; CRT, Crete; GIR, Girona; JOR, Jordan; KHE, Khenifra; LIB, Libya; MZB, M'zab; SAR, Sardinia; SIC, Sicily; TOU, Toulouse; TUN, Tunisia; TUR, Turkey; VAL, Valencia; YRI, Yoruba.

Impact of polymorphisms in apoptosis-related genes on the outcome of childhood acute lymphoblastic leukemia

Maria Cabezas¹, Mireia Camós², Susana Rives², África García-Orad^{3,4}, Josep Lluís Dapena⁵, María Rosa Caballín¹, Gemma Armengol¹

¹ Unit of Biological Anthropology, Department of Animal Biology, Plant Biology and Ecology, Faculty of Biosciences, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Catalonia, Spain

² Institut de Recerca Pediàtrica, Hospital Sant Joan de Déu de Barcelona (IRP-HSJD), Barcelona, Catalonia, Spain.

³ Department of Genetics, Physic Anthropology and Animal Physiology, University of the Basque Country, UPV/EHU, Leioa, Spain

⁴ BioCruces Health Research Institute, Barakaldo, Spain.

⁵ Service of Pediatric Oncology and Hematology, Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona, Catalonia, Spain

Children with acute lymphoblastic leukemia (ALL) respond differently to chemotherapy, and inherited genetic variants, e.g. single nucleotide polymorphisms (SNPs) and copy number variants (CNVs), may partially explain these differences. We aimed to evaluate the association of CNVs and/or SNPs at genes encoding drug-metabolizing enzymes and apoptotic proteins with early response, minimal residual disease, relapse, and survival in childhood ALL. One hundred and seventy-three patients were genotyped for CNVs at *CYP2D6*, *GSTT1*, *GSTM1*, *UGT2B17*, and *SULT1A1* genes and for the most common SNPs at *CYP2D6*, *SULT1A1*, and *TP53* genes. Results revealed that *GSTM1* non-null genotype was associated with poor outcome (overall survival (OS), p=0.002; event free survival (EFS), p=0.005). Additionally, there was a trend to reduced survival in patients with Pro variant at the Arg72Pro *TP53* SNP. The combined effect of *GSTM1* non-null and *TP53* Pro/Pro or Pro/Arg genotype resulted in a highly significant reduction of survival (OS, p=0.0005; EFS, p=0.003). To validate these results, an *in vitro* assay was performed with leukemic Jurkat cell line. Interestingly, Jurkat p53Pro *GSTM1* non-null cells exhibited much lower sensitivity to an antileukemic drug compared to Jurkat p53Arg *GSTM1* null cells. Both *GSTM1* and p53 have been associated with apoptosis. It is known that the expression of *GSTM1* inhibits glucocorticoid-induced cell death and that p53Arg variant is a more efficient inducer of apoptosis than p53Pro variant. In conclusion, our results suggest that *GSTM1* non-null genotype and p53Pro variant at codon 72 might be responsible for poorer outcome in some childhood ALL patients.

Who were alum miners? A multidisciplinary approach to investigate their daily tasks

Marica Baldoni¹⁻², Matteo Borrini³, Fabrizio Vallelonga⁴, Luigi Tonino Marsella², Cristina Martínez-Labarga¹

1. *Laboratorio di Biologia dello Scheletro e Antropologia Forense, Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Roma “Tor Vergata”, via della ricerca scientifica n. 1, 00173 Roma Italia. marica.baldoni@gmail.com, cristina.martinez@uniroma2.it*

2. *Laboratorio di Medicina Legale, Dipartimento di Biomedicina e Prevenzione, Università degli Studi di Roma “Tor Vergata”.*

3. *School of Natural Science & Psych, Liverpool John Moores University, Byrom Street, Liverpool L3 3AF, United Kingdom*

4. *Sapienza Università di Roma, Dipartimento di Scienza dell’Antichità, Cattedra di Archeologia Cristiana e Medievale.*

Objective: The aim of this study is to offer a biological reconstruction of the Medieval community of Allumiere (mountains of Tolfa, Rome, Italy). The anthropological research is based on the archaeological and historical hypothesis that the “La Bianca” cemetery area, next to the church “Cappella dei minatori” in Allumiere, hosted local alum miners.

105

Materials and Methods: The morphological analysis was performed according to scientifically established methods in order to reconstruct the biological features of this Medieval community (sex [1-7], age at death [8-20], stature [21-25]) with the aim to find a support to the archaeological hypothesis and to investigate daily tasks [26-28] of ancient alum workers.

Results: The collection investigated consists of 63 individuals (89% adults and 11% sub-adults). Adults exhibit a high prevalence of males (M:F=7.8). Demographic data confirm that the sample could be related to alum production so the analysis took into account entheses (muscle, tendon and capsules insertions on bones) and enthesopathies (pathological alterations of an enthesis) [27] in order to relate each individual to a specific work task according to his biomechanical stress. The sample represents a valuable opportunity as historical records describe in details each phase of alum extraction and production so it had been possible to lead each individual back to a specific work task.

Conclusions: The present study offers a better understanding of the potentials of musculoskeletal stress markers as an additional tool for biological profiling of unknown skeletal remains.

References

- [1] Acsádi G, Nemeskéri J. History of Human Life Span and Mortality. Akadémiai Kiadó, Budapest. 1970.
- [2] Ferembach D, Schwidetzky I, Stloukal M, Rivista di Antropologia, 1979, 60, 5-51.
- [3] Phenice TW, Am. J. Phys. Anthropol., 30, 297-302.
- [3] DiBennardo R, Taylor JV, Am. J. Phys. Anthropol., 1979, 50, 635-638.
- [4] Bass WM. Human Osteology. A laboratory and field manual. 3rd ed., Missouri Archaeological Society, Columbia. 1987.
- [5] Berrizbeitia EL, J. For. Sci., 1989, 34, 1206-1213.
- [6] Cowal LS, Pastor RF, Am. J. Phys. Anthropol., 2008, 135, 469-478.
- [7] Safont S, Malgosa A, Subirá ME, Am. J. Phys. Anthropol., 2000, 113, 317-328.
- [8] Todd TW, Am. J. Phys. Anthropol., 1920a, 3, 285-334.
- [9] Todd TW, Am. J. Phys. Anthropol., 1920b 4, 1-70.
- [10] Brothwell DR. Digging Up Bones: The Excavation, Treatment, and Study of Human Skeletal Remains. 3rd ed., Cornell University Press, Ithaca. 1981.
- [11] İşcan MY, Loth SR, Wright RK, Am. J. Phys. Anthropol., 1984, 65(2), 147-156.
- [12] İşcan MY, Loth SR, Wright RK, J. For. Sci., 1985, 30(3), 853-863.
- [13] Lovejoy CO, Am. J. Phys. Anthropol., 1985, 68, 47-56.
- [14] Meindl RS, Lovejoy CO, Am. J. Phys. Anthropol., 1985, 68, 57-66.
- [15] Brooks ST, Suchey JM, Hum. Evol., 1990, 5(3), 227-238.
- [16] Cattaneo C, Grandi M. Antropología ed Ontología Forense. Guida allo Studio dei Resti Umani, Monduzzi Editore, Bologna. 2004.
- [17] Fazecas IG, Kósá F. Forensic Fetal Osteology, Akadémiai Kiadó, Budapest. 1978.
- [18] Stloukal M, Hanáková H, Homo, 1979, 29, 53-69.
- [19] Ubelaker DH. Human Skeletal Remains: Excavation, Analysis, Interpretation. 2nd ed., Taraxacum Washington, Washington. 1989.
- [20] Minozzi S, Canci A. Archeología dei resti umani. Dallo scavo al laboratorio, Carocci Editore, Roma. 2015.
- [21] Pearson K, Philos. Trans. R. Soc. Lond. (Biol), 1899, 192, 169–244.
- [22] Telkkä A, Acta Anat. (Basel), 1950, 9 (1–2), 103–117.
- [23] De Mendonça MC, Am. J. Phys. Anthropol., 2000, 112, 39–48.
- [24] Rodoinova D, Tenekedjiev K, Yordanov Y, Homo, 2002, 52 (3), 221–232.
- [25] Belmonte Expósito MT, Estimación de la estatura a través de la tibia en población española contemporánea. (PhD thesis). Universidad de Granada. 2012.
- [26] Mariotti V, Facchini F, Belcastro MG, Coll. Antropol., 2004, 28, 145-159.
- [27] Mariotti V, Facchini F, Belcastro MG, Coll. Antropol., 2007 31, 291-313.
- [28] Borgognini Tarli S, Reale B, Rivista di Antropologia, 1997, 75, 1-39.

Diversité alimentaire chez la population de la région de Khénifra

Naciri Kaoutar, Kalili Adil, Tbattou Manal, El Mahri Nadia, Moustakim Rachida,
Ahaji Azzelarab, Belahsen Rekia

Laboratoire de Biotechnologie, Biochimie et Nutrition.

*Unité de Recherche «Nutrition et Sciences de l'Alimentation» Département de Biologie.
Faculté des Sciences, Université Chouaib Doukkali, El Jadida, Maroc.*

Email: b.rekia@gmail.com

La durabilité et la protection des ressources alimentaires et de l'environnement contribuent à la valorisation nutritionnelle des aliments plantes et des plats les utilisant pour sauvegarder le patrimoine culinaire. La région de Khénifra est une région montagnarde du Maroc connue par sa richesse en biodiversité. L'**objectif** ici est d'étudier la variété des aliments chez cette population.

Méthodes

Une enquête est menée dans 2 douars des zones rurales (lborj et lehri) et 5 quartiers de la zone urbaine de la région de Khénifra. L'enquête a concerné unde d' 35% ruraux et 65% citadins.

107

Les données ont été collectées à l'aide d'un questionnaire comprenant types d'informations: les fréquences et les quantités de consommation de 130 aliments appartenant à 9 groupes alimentaires (légumes, fruits, viandes et poissons, céréales et féculents, épices et condiments, légumineuses, produits laitiers, boissons, produits oléagineux), une description des recettes et leur préparations, des informations sociodémographiques et des données sur les connaissances culinaires, médicinales des plantes et leurs effets toxiques collectées sur un focus groupe.

Les **résultats** montrent que plus de 30 recettes traditionnelles étaient enregistrées comprenant celles qui sont encore consommées fréquemment, celles qui étaient consommées auparavant ainsi que des recettes consommées dans des périodes de pénuries alimentaires.

La population de la région de Khénifra utilisent fréquemment différentes plantes aromatiques et médicinales dans leurs vie quotidienne.

L'étude rapporte aussi une grande variété alimentaire.

La diversité alimentaire observée dans cette région du Maroc est liée à la diversité des traditions et la culture culinaires, ceci attire l'attention sur l'importance de sauvegarder cette richesse.

Estructura de la población Española y factores relacionados. La influencia del entorno

María José Blanco-Villegas¹, R. Rodríguez-Díaz¹, V. Colino², S. Peris², M. Lizana¹

¹Área de Antropología Física, Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología,
Universidad de Salamanca. Salamanca. Spain.

²Área de Biología Animal, Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología,
Universidad de Salamanca. Salamanca. Spain.

Introducción: Sabemos que la estructura de la población española, sus relaciones internas, muestra una estrecha relación con su historia [1,2]. Pero esta estructura podría obedecer a un sistema de factores más complejo, por esta razón se hace necesario profundizar en el análisis de las relaciones poblacionales en el interior de la población española.

Métodos: Con el propósito de conocer mejor este sistema se ha analizado la relación entre la estructura de la población española (distancias por apellidos) [3], la distribución geográfica (distancias geográficas), la historia (distancias históricas) y la influencia ambiental (distancias ecológicas) comparando las cuatro matrices de distancias.

Resultados: Los resultados muestran una relación significativa de la estructura de la población española con los tres factores, curiosamente, el más estrechamente relacionado parece ser el ambiental.

108

La estructura de la población española muestra dos grupos principales uno en el Norte-Oeste y otro en el Sur-Este. Una organización similar mostrarían las estructuras históricas, pero con una organización ligeramente diferente, un grupo en el Este y otro en el Oeste, pero dividido entre Norte y Sur. El parecido visual con la organización ecológica es más evidente, muestra un grupo a partir del Mediterráneo y otro en el Norte-Oeste.

Conclusiones: Este parecido, va más allá de la correlación espacial, por otro lado, las principales variables climáticas (temperatura y pluviosidad) son significativamente diferentes entre los grupos tanto en los que resultan del análisis de los apellidos como en los grupos resultantes de las distancias ecológicas. Parece por lo tanto que la estructura actual de la población española obedecería a la influencia de un amplio sistema de factores que deben ser considerados de manera conjunta y que la influencia ambiental ocupa un importante papel en ese sistema.

Referencias

- [1] Footprints of Middle Ages Kingdoms Are Still Visible in the Contemporary Surname Structure of Spain. Roberto Rodríguez-Díaz, Franz Manni, María José Blanco-Villegas. PLOS ONE 10(4): e0121472.
- [2] Five centuries of internal migrations in Spain: The influence of migration on surname and linguistic diversity. Roberto Rodríguez-Díaz, María José Blanco-Villegas, Franz Manni. Journal of Anthropological Science (En Revision).
- [3] Manni F, Toupance B, Sabbagh A, Heyer E. 2005. New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling. Am J Phys Anthropol 126: 214-228.

Variables antropológicas, demográficas y clínicas de las poblaciones de cinco comarcas del Pirineo oriental: análisis de la lateralidad manual.

J.Burillo, M.M. Alvarez, P.Moral

*Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals. Facultat de Biologia.
Universitat de Barcelona.*

En el marco de la definición antropológica, demográfica y clínica contemplada en el proyecto GENPIR (genómica de las poblaciones pirenaicas) se presenta el análisis específico de la lateralidad manual. La lateralidad manual se define como la preferencia que muestra la mayoría de los seres humanos para desarrollar habilidades con una u otra de sus manos. En general, el 90 % de los individuos son diestros, mientras que solo un 10% son zurdos. Esta singularidad parece propia del linaje humano, no siendo compartida con otros grupos taxonómicos, ni tan solo con los más próximos filogenéticamente. La causalidad de la lateralidad individual es un tema controvertido. De hecho, los resultados parecen depender de las variables usadas para su determinación, así como de características genéticas, antropométricas, demográficas y culturales de las poblaciones estudiadas.

109

En este estudio se presenta un análisis descriptivo de una muestra global de 960 individuos procedentes de cinco comarcas del Pirineo Oriental. La lateralidad manual ha sido determinada con la ayuda de 11 variables correspondientes al test de lateralidad de Harris y se ha correlacionado con datos antropométricos, demográficos y clínicos.

Los resultados confirman una clara predominancia de diestros (91.7%) en la muestra global sin diferencias estadísticas ni por comarca, sexo, edad, número de hijos ni variables clínicas. En cambio, en diestros se observa que el índice de masa corporal tiende al sobrepeso mientras que en zurdos predominan valores normales. Los porcentajes de lateralidad son diferentes cuando se analizan las distintas habilidades por separado, especialmente en aquellas que posiblemente precisan de áreas donde la dominancia hemisférica no está tan marcada. Los resultados encontrados son discutidos en relación con otros datos descritos en previos estudios.

Registros históricos frente a análisis genómicos avanzados en las estimas de los niveles de autozigosis (*inbreeding*) en humanos

Andrea Ortega, Candela L. Hernández & Rosario Calderón

Departamento de Zoología y Antropología Física. Facultad de Biología.

Universidad Complutense de Madrid. 28040 MADRID (España)

Objetivo. Desde la segunda mitad del siglo XIX hasta la actualidad, la genética de poblaciones ha intentado explicar mediante modelos teóricos, conceptos y datos empíricos, las implicaciones evolutivas y el coste biológico de los cruzamientos entre parientes. El presente trabajo busca establecer un análisis comparativo y, cronológicamente secuencial, de los métodos y datos conducentes a estimar los patrones y niveles de *inbreeding* en las poblaciones humanas contemporáneas, así como valorar la fiabilidad de los resultados disponibles en la literatura sobre historias de la población.

Material y Métodos. Datos de *pedigrees* referidos a parejas biológicamente relacionadas han sido la fuente central de información para estimar los niveles y patrones de homozigosis en poblaciones humanas. Actualmente, el genotipado masivo de marcadores de un único nucleótido (*genome wide SNPs level*) está permitiendo conocer, con muy altos niveles de resolución, la diversidad humana. Entre el amplio espectro de resultados proporcionados por estos nuevos enfoques, está el “*inbreeding genómico*” conocido como *ROHs* (*Runs of Homozygosity*). El software PLINK permite gestionar esta abundante información, aportando resultados detallados sobre la arquitectura y la frecuencia de *ROHs* (identificación de SNPs idénticos por descendencia) tanto a nivel individual como poblacional.

Resultados. Los niveles y patrones de homozigosis, usando *ROHs* se comparan con los valores de basados esencialmente en *pedigrees*. Estas estrategias son pertinentes para valorar el peso de diferentes metodologías utilizando datos de distinta naturaleza. Las historias demográficas de poblaciones concretas constituyen resultados de primer orden que emergen del estudio de los *ROHs*. Endogamia local e histórica, prácticas y modelos de consanguinidad (reciente o lejana), niveles de aislamiento y movilidad, exogamia local y no-local, son algunas de esas expresiones, y de especial interés también para la Genética Médica.

Conclusión. El interés de aplicar estas nuevas perspectivas en poblaciones antropológicas, que estén bien definidas por su autoctonía, como las de la Península Ibérica, estaría incluso más justificado. A diferencia de otras poblaciones de Europa occidental, el conocimiento que se dispone hoy sobre patrones y niveles de *inbreeding*, basados en registros históricos y eclesiásticos de muchas poblaciones ibéricas es muy considerable.

Morphological differences between the *facies articularis carpalis* of distal radius in humans and chimpanzees

A. Casado¹, JM. Potau¹, M. Gómez¹, F. de Paz², M. Barbosa², JF. Pastor²

¹ Unit of Human Anatomy and Embryology, University of Barcelona, Barcelona, Spain.

² Department of Anatomy and Radiology, University of Valladolid, Valladolid, Spain.

Introduction: In this study, we analyze the carpal articular surface of the radius in humans and chimpanzees, which is divided into two surfaces for the articulation of the lunate and scaphoid bones (*facies articularis carpalis*). The morphology of this articular surface is related to the different types of locomotion developed by hominoid primates. Our objective is to identify anatomical differences in the *facies articularis carpalis* between chimpanzees and humans to determine their relationship with their particular locomotion.

Material and methods: The analysis is characterized by a two 3D point-cloud mesh set across the two articular surfaces for the lunate and scaphoid bones with Geometric Morphometrics package. A total of 4.800 points were used as surface pseudo-landmarks to build a cloud mesh indicative of the topography and compare the articular surface of chimpanzees and humans. A total of 51 distal radius were studied: 31 belonging to *Homo sapiens* came from the Unit of Human Anatomy and Embryology of the University of Barcelona and 20 belonging to *Pan troglodytes* came from the Museum of Anatomy of the University of Valladolid.

111

Results: Significant differences were observed in the morphology of both articular surfaces between human and chimpanzee. The lunate articular showed the greatest variability (31,5%), being mainly represented by a greater width and a shorter surface length in the case of chimpanzees compared to humans. In the case of the articular surface of the scaphoid, the morphological variability between humans and chimpanzees was 26,9%. Chimpanzees showed a broader and more curved articular surface for the scaphoid bone compared to humans.

Conclusions: Chimpanzees and humans have a particular and differentiated pattern of the *facies articularis carpalis* and this feature may be related to their particular postural habit and locomotion.

This study was supported by the Ministerio de Economía y Competitividad of Spain (project CGL2014-52611-C2-2-P).

Dieta y cambio cultural: estudio isotópico en la necrópolis del conjunto monumental de las iglesias de Sant Pere (Terrassa, Barcelona)

Bruno Casté¹, Xavier Jordana², Carlos Tornero³

¹ Universitat Autònoma de Barcelona, Unitat d'Antropologia Biològica, brunocaste@hotmail.es

² Universitat Autònoma de Barcelona, Unitat d'Antropologia Biològica, xavier.jordana@uab.cat

³Institut Català de Paleoecología Humana i Evolució Social

Universitat Autònoma de Barcelona, Departament de Prehistòria, cotornero@iphes.cat

Este estudio analiza la relación entre dieta y cambios socioculturales en la población inhumada en el conjunto monumental de las Iglesias de Sant Pere (Terrassa, Barcelona), cuya necrópolis se caracteriza por un uso continuo desde el siglo IV hasta el XIII. En un primer momento el conjunto monumental funciona como sede episcopal del obispado de Egara durante el periodo visigótico (siglos IV-VIII), y al perder esta función de centro político-religioso durante las incursiones musulmanas del siglo VIII, pasa a convertirse en una parroquia local durante el periodo carolingio (siglos IX-XIII) [1]. Los estudios antropológicos llevados a cabo sobre una muestra de 128 individuos del periodo Visigótico y 131 del Carolingio sugieren que la pérdida del estatus episcopal se refleja en un deterioro de las condiciones de vida así como cambios en el patrón demográfico, con una distribución de sexos progresivamente más uniforme [2,3].

112

Para confrontar estos resultados, se ha analizado la composición isotópica ($\delta^{13}\text{C}$ y $\delta^{15}\text{N}$) [4] del colágeno óseo extraído de una muestra significativa de los individuos inhumados que representa de forma homogénea ambos períodos (n=28 Visigótico; n=22 Carolingio), sexos y cohortes de edades. El objetivo del estudio es describir las diferencias de dieta entre ambos períodos así como inferir las posibles diferencias entre grupos de población por sexo o la relación entre dieta y patologías orales que se pueden observar en este yacimiento.

Los resultados del estudio aportan datos novedosos sobre la evolución de la población del nordeste peninsular durante un período poco conocido como es la transición de la época tardoantigua al período medieval.

Referencias

- [1] MG. Garcia, A. Moro, F. Tuset, De conjunt paleocristià i catedralici a conjunt parroquial. Transformacions i canvis d'ús de les esglésies de Sant Pere de Terrassa. Segles IV al XVIII. *Terme*, 2003, 18, 29-58.
- [2] M. Montañés, *Salud y Demografía en Época Carolingia*. (trabajo de fin de máster) UAB, Barcelona. 2016.
- [3] X. Jordana, A. Isidro, A. Malagosa, Interpreting Diachronic Osteological Variation at the Medieval Necropolis of the Sant Pere Churches (Terrassa, Spain) *Int. J. Osteoarchaeol.*, 2010, 20, 670-692.
- [4] C. Tornero, M. Saña, Anàlisi d'isòtops estables en arqueologia: aplicació i integració a la recerca arqueològica. *Cota Zero*, 2006, 21, 31-46.

Dermatoglifos digitales de la población cubana en la segunda década del siglo XX

S. Clavero¹, M. Hernández¹

¹Dept. BEECA, Universitat de Barcelona (UB), Fac. Biología, Av. Diagonal, 643, Barcelona.

soy_driu@hotmail.es

Introducción:

Se han estudiado las huellas digitales de 632 individuos masculinos cubanos, obtenidas por el Gabinete Nacional de Identificación de Cuba entre los años 1911 y 1922, clasificados por la policía en tres grupos según la pigmentación de su piel como “blancos”, “mulatos” o “negros”. El objetivo de este estudio es el de fenotipar cualitativa y cuantitativamente las huellas dactilares de estos grupos para obtener las frecuencias de los tipos de figuras dactilares, analizar sus diferencias y caracterizar la población cubana después de la independencia, comparándola con sus orígenes ancestrales en el contexto de la historia de Cuba y la diversidad de las poblaciones humanas.

Material y métodos:

Se han analizado dactiloscópicamente las huellas de los 6320 dedos. Tras su fenotipación se construyó una base de datos con las variables cualitativas y cuantitativas (recuento de crestas) de los 10 dedos de cada individuo, así como su número de referencia, grupo y año de obtención de las huellas. Se codificaron las variables de grupo y de figura dactilar. A partir del Excel inicial se realizó el análisis mediante el paquete estadístico SPSS.

113

Resultados y conclusiones:

Los resultados establecieron la distribución de porcentajes de los tipos de figura para cada grupo y mostraron que existen diferencias estadísticamente significativas entre ellos.

	N	Arches	Ulnar L	Radial L	Whorls	PII	Dankmei.
“Blancos”	210	4,2	60,2	4,9	30,7	12,7	13,6
“Negros”	210	8,2	66,1	1,9	23,8	11,6	34,7
“Mulatos”	212	6,6	59,0	2,6	31,8	12,5	22,0

Estos grupos fueron comparados con poblaciones españolas y europeas, así como con poblaciones africanas de la zona de donde procedían la mayoría de los esclavos cubanos. “Blancos” y “negros” quedan bien diferenciados, parecidos a europeos y africanos, respectivamente, mientras que la posición de los “mulatos” resulta discutible.

Diversidad lingüística y biodiversidad responden a la teoría biogeográfica de islas

V.J. Colino-Rabanal¹, R. Rodríguez-Díaz², M.J. Blanco-Villegas², M. Lizana¹, S.J. Peris¹

¹Área de Zoología. Departamento de Biología Animal, Ecología, Parasitología, Edafología y Química Agrícola. Universidad de Salamanca. 5^a Planta Facultad de Farmacia.

Campus Unamuno. 37071. Salamanca

vcolino@usal.es

²Área de Antropología Física. Departamento de Biología Animal, Ecología, Parasitología, Edafología y Química Agrícola. Universidad de Salamanca.

Darwin en el Origen de las Especies ya sugería que los factores relacionados con la especiación biológica también podrían estar involucrados en los procesos de diferenciación cultural en el ser humano como, por ejemplo, la diferenciación lingüística [1]. La teoría de la biogeografía de islas de MacArthur y Wilson (años 60) sostiene que el número de especies encontrado en una isla (número del equilibrio) es determinado por dos factores, el efecto de la distancia del continente y el efecto del tamaño de la isla. Éstos afectarían al índice de extinción en las islas y el nivel de inmigración [2]. Esos mismos factores quizás pueden contribuir a explicar la diversidad lingüística en islas, esto es, cuanto más cerca del continente y cuanto mayor sea la isla, mayor será el número de lenguas diferentes. Para comprobar la hipótesis de partida se trabajó con las 117 islas mayores a 100 km² del Pacífico Sur (Micronesia, Melanesia y Polinesia). Las características básicas de las islas se extrajeron de la base de datos de islas del UNEP. Las distribuciones de biodiversidad se obtuvieron de la base cartográfica de la UICN. Para la distribución de lenguas indígenas se empleó el Ethnologue. Los resultados muestran que existe una correlación significativa entre biodiversidad (nº de especies) y diversidad lingüística (Spearman correlation $r=0.59$, $p<0.01$), y que ambas están directamente correlacionadas con la superficie de la isla (biodiversidad: $r=0.63$, $p<0.01$; diversidad lingüística: $r=0.62$, $p<0.01$) y la cercanía a continente (biodiversidad: $r=0.69$, $p<0.01$; diversidad lingüística: $r=0.48$, $p<0.01$), ajustándose así al modelo biogeográfico de islas.

114

Referencias

- [1] C. Darwin. On the origin of species by means of natural selection. John Murray, London. 1859.
- [2] RH. MacArthur, EO. Wilson. The theory of island biogeography. Princeton University Press, Princeton (N.J.). 1967.

3D geometric morphometric analysis of the proximal ulna in chimpanzees and humans

de Diego M¹, Potau JM¹, Casado A¹, de Paz F², Barbosa M², Pastor JF²

¹ Unit of Human Anatomy and Embryology, University of Barcelona, Barcelona, Spain.

² Department of Anatomy and Radiology, University of Valladolid, Valladolid, Spain.

The elbow joint is a complex structure involving three separate articulations, which share a common synovial cavity. In the present study we analyzed by 3D geometric morphometrics the proximal epiphysis of the ulna in chimpanzees (*Pan troglodytes*) and modern humans (*Homo sapiens*). While modern humans are strictly bipeds, chimpanzees are knuckle-walkers and eventually show arboreal climbing or suspensory behavior. Specifically, chimpanzees require upper limbs able to support the weight of the individual. They also have to guarantee an efficient knuckle-walking locomotion. The purpose of this study is to find differences between the morphology of the proximal ulna of chimpanzees and modern humans which could be explained by the different types of locomotion. The human sample is composed by 10 individuals and came from the Unit of Human Anatomy and Embryology of the University of Barcelona, while the 10 chimpanzees came from the Museum of Anatomy of the University of Valladolid. 20 landmarks were placed on each proximal epiphysis and a PC analysis allowed the study of the morphology of the triceps brachialis insertion, the brachialis insertion and the trochlear notch. The main differences between chimpanzees and humans were observed in the position of the brachialis and the triceps brachialis insertions, which means the modification of the lever movement of these muscles, allowing more precise movements in humans and stronger ones in chimpanzees. In conclusion, the differences involve particular adaptations about the locomotion in both species of hominoid primates.

115

This study was supported by the Ministerio de Economía y Competitividad of Spain (project CGL2014-52611-C2-2-P).

Testeo y validación de funciones discriminantes para estimar el sexo en la colección osteológica San José (Granada, España)

B. Desántolo¹, M. Plischuk ^{1,2}, R. García Mancuso^{1,2}, AM. Inda¹

¹Cátedra de Citología, Histología y Embriología A. Facultad de Ciencias Médicas.

Universidad Nacional de La Plata. Calle 60 y 120 s/Nº, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

Email: barbaradesantolo@hotmail.com

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

Calle 8 N° 1467, La Plata, Buenos Aires, Argentina

Uno de los principales criterios para la estimación del sexo a partir de restos óseos no documentados es el análisis morfométrico a través de las funciones discriminantes. La exactitud de dicha estimación depende de la pieza ósea analizada y de los estándares de referencia utilizados [1]. Estos últimos, adquieren un rol protagónico en el análisis comparativo, ya que deberían ajustarse a grupos humanos de la misma ancestría para lograr una mayor confiabilidad en el diagnóstico. Esto justifica ampliamente la realización de investigaciones regionales que, en este sentido, acrecienten la confiabilidad en los métodos de caracterización. Respondiendo a esta problemática, varios autores, han enfatizado en la necesidad de comparar los resultados obtenidos, en diferentes colecciones documentadas, a fin de evaluar el grado de variabilidad intra y/o interpoblacional de la morfología esquelética [2,3,4,5]. En este marco, el propósito del presente trabajo consiste en testear la fiabilidad y validez de cuatro funciones discriminantes, de cráneo y fémur, derivadas de la Colección Lambre [6] en una muestra independiente. La muestra analizada pertenece a la colección osteológica del Cementerio de San José, alojada en el Departamento de Medicina Legal, Toxicología y Antropología Física (Universidad de Granada, España). Se seleccionaron 70 individuos adultos, de ambos sexos, de los cuales se midieron 61 cráneos y 66 fémures. Se relevaron variables métricas utilizadas en las funciones discriminantes propuestas por nuestro equipo de investigación [7,8,9] y convenidas internacionalmente [10]. Las exactitudes observadas en el presente estudio (88,05 – 64,91%) se compararon con las tasas de clasificación originales (85,6 – 80,8%), confirmando así la validez de las ecuaciones propuestas a nivel local. Los resultados alcanzados permiten arrojar luz acerca del poder discriminatorio de las funciones, considerando que la expresión del dimorfismo sexual está estrechamente relacionada con la biología de grupo y fuertemente influenciada por aspectos medioambientales, tanto físicos como culturales.

[1] T.D. White, M.T. Black, P.A. Folkens. The Human Osteology. 3Th Edition. Elsevier Academic Press. 2012.

[2] I. Alemán, M.C. Botella López, P. du Souich Henrici. Aplicación de las funciones discriminantes en la determinación del sexo. Estudios de Antropología Biológica. Vol. IX. UNAM-INAH-AMAB. México. 1999.

[3] E. Cunha, L. Baccino, F. Martrille, J. Ramsthaler, Y. Prieto, N. Schuliar, C. Lynn-erup, C. Cattaneo. 2009. The problem of aging human remains and living individuals: A review. Forensic Sci. Int. 193(1):1-13.

- [4] I. Alemán, J. Irurita, A.R. Valencia, A. Martínez, S. López-Lázaro, J. Viciano, M.C. Botella. 2012. Brief Communication: The Granada Osteological Collection of Identified Infants and Young Children. *Am J Phys Anthropol* 149(4): 606-610.
- [5] K. Krishan, P. M. Chatterjee, T. Kanchan, S. Kaur, N. Baryah, R.K. Singh. 2016. A review of sex estimation techniques during examination of skeletal remains in forensic anthropology casework. *Forensic Sci. Int.* 261: 165e1-165e8.
- [6] S. Salceda, B. Desántolo, R. García Mancuso, M. Plischuk, A.M. Inda. 2012. The ‘Prof. Dr. Romulo Lambre’ collection: An Argentinian sample of modern skeletons. *HOMO* 63(4): 275-281.
- [7] B. Desántolo, S. Salceda. 2009. Estimación del sexo mediante funciones discriminantes en fémur. En 9nas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Asociación de Antropología Biológica Argentina. CENPAT. Puerto Madryn.
- [8] B. Desántolo, R. García Mancuso, M. Plischuk. Hacía la búsqueda de estándares osteológicos regionales: poblaciones documentadas versus poblaciones no documentadas. Entre pasados y presentes II. Estudios contemporáneos en ciencias antropológicas / edición literaria a cargo de Tirso Bourlot [et.al.] 1^a ed. Fundación de Historia Natural Félix de Azara. Buenos Aires. 2009.
- [9] A. Cariaga, B. Desántolo, R. Paggi, L. Andriani, M.N. García, A.M. Inda. Análisis cuantitativo del dimorfismo sexual en cráneos contemporáneos. En Libro de resúmenes del VI Congreso y 12º Jornadas de Educación en Ciencias Morfológicas de La Plata. 2013.
- [10] J. Buikstra, D. Ubelaker. Standards for data collection from human skeletal remains. Fayetteville: Arkansas Archaeological Survey Research Series N ° 44. 1994.

Análisis de la expresión de proteínas en tejido óseo humano post-mortem proveniente de cráneo y costilla

Díaz-Martin RD^{1,2}, Valencia Caballero L¹, Ambrosio JR²

1. Departamento de Anfiteatro, Facultad de Medicina (FM), UNAM. Av. Universidad 3000,
Ciudad Universitaria CP.04510, Ciudad de México.
loreval@unam.mx_rubendario025@gmail.com
2. Departamento de Parasitología y Microbiología, FM-UNAM. Av. Universidad 3000,
Ciudad Universitaria CP.04510, Ciudad de México.
jrah@unam.mx.

Introducción: El tejido óseo guarda información valiosa respecto al estatus fisiológico de los individuos debido a que los componentes celulares del tejido y la matriz extracelular mineralizada participan en diversos eventos metabólicos [1]. Por lo tanto, es posible que las diferentes estructuras óseas presenten un patrón diferencial de expresión de moléculas.

Objetivo: Identificar marcadores proteicos órgano-específico en tejido óseo proveniente de cráneo y costilla, para obtener información respecto a los eventos pre-mortem como patologías o causas del deceso.

118

Metodología: Las piezas óseas de hueso parietal y costilla, fueron obtenidas post-mortem de individuos ingresados al Instituto Nacional de Ciencias Forenses (IN-CIFO) en la Ciudad de México. La extracción de proteínas se realizó en esterilidad siguiendo un protocolo de extracción desmineralizante, seguido de una extracción con un agente desnaturizante para recuperar las proteínas asociadas a la matriz ósea [2]. Las proteínas aisladas, fueron separadas por medio de electroforesis (SDS-PAGE) y los patrones de expresión fueron determinados por medio de un análisis densitométrico. Finalmente, se realizaron ensayos de inmuno-detección para determinar la presencia de algunos marcadores proteicos.

Resultados y conclusiones: El método de extracción, permitió la recuperación de proteínas provenientes de dos tipos de tejido óseo con características estructurales diferentes. El análisis del patrón electroforético de los marcadores proteicos observados, indica que existen diferencias en la expresión de proteínas entre las piezas óseas analizadas. Esto sugiere, que la expresión de proteínas en el tejido óseo es un evento órgano-específico.

DMRD agradece al Departamento de Anfiteatro de la Facultad de Medicina de la UNAM y al programa de becas postdoctorales de la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA).

Referencias

- [1] Forslund JM, Archdeacon MT. Am J Orthop (Belle Mead NJ)., 2015, 44: 453-457.
[2] Jiang X, Ye M, Jiang X, Liu G, *et al.* J Proteome Res., 2007, 6: 2287-2294.

Las displasias esqueléticas en la Prehistoria europea. El caso del sujeto 169 de Camino del Molino (Caravaca de la Cruz, Murcia).

S. Díaz-Navarro¹, M. Haber-Uriarte², J. Lomba-Maurandi³,
A. Avilés-Fernández, M. C. Botella-López⁵.

¹ Departamento de Medicina Legal, Toxicología y Antropología Física.

Universidad de Granada, 18004. soniadiaznv@correo.ugr.es

² Departamento de Prehistoria, Arqueología, Historia Antigua Historia Medieval y Técnicas y Ciencias Historiográficas, Universidad de Murcia, 30001.

³ Departamento de Prehistoria, Arqueología, Historia Antigua Historia Medieval y Técnicas y Ciencias Historiográficas, Universidad de Murcia, 30001.

⁴ Departamento de Prehistoria, Arqueología, Historia Antigua Historia Medieval y Técnicas y Ciencias Historiográficas, Universidad de Murcia, 30001.

⁵ Departamento de Medicina Legal, Toxicología y Antropología Física.
Universidad de Granada, 18004.

El estudio de los casos de displasias esqueléticas resulta de gran interés, ya que si es poco frecuente en la actualidad (1 de cada 5.000 nacimientos), lo encontramos en contadas ocasiones en la Prehistoria. En este caso, se presenta un caso de osteocondrodisplasia en la Edad del Cobre de la Península Ibérica partir del cual se aborda la representación de las displasias esqueléticas en la Prehistoria europea.

119

El sujeto 169, protagonista de este estudio, procede del enterramiento colectivo de Camino del Molino (Caravaca de la Cruz, Murcia). Se trata de una mujer adulta menor de 30 años, de estatura baja (139-140 cm.), que presenta acortamiento y malformación bilateral en los antebrazos, con ausencia de la fóvea articular en el radio (figuras 1-2), así como principio de aplastamiento lateral de los discos vertebrales dorsales (Fig. 6), no viéndose afectados el resto del esqueleto craneal y postcraneal.

Tras analizar minuciosamente el esqueleto completo, se han tomado diferentes medidas para la determinación de la estatura y los ángulos de los huesos afectados mediante escáner 3D Artec Space Spider con software Artec Studio 11 y Geomatic Design, se han comparado con otros casos de displasia con representaciones similares en el esqueleto, de entre los más de 400 tipos existentes, para finalmente establecer un diagnóstico diferencial seleccionando la discondrosteosis de Léri Weill (LWD) y la Displasia mesomélica de Langer (LMD) como las dos posibles patologías causantes de la morfología del sujeto 169, desarrollándose ambas por haploinsuficiencia del gen SHOX (Short StatureHomeobox, Xp22.33 y Yp11.32).

Se han documentado otros cuatro casos de displasias esqueléticas en la Prehistoria del continente europeo: en Dolni Vestonice (República Checa) (26.640 ± 110 B.P.)

[1], Sunghir (Rusia) (24.000 B.P.) [2], Riparo del Romito (Italia) (11.150±150 B.P.) [3, 4] y Schweizersbild (Suiza) (4.905–4.785 años B.P.) [5].



Figura 1. Cúbito y radio de ambos lados del sujeto 169.



Figura 2. Detalle cúbito y radio izquierdos del sujeto 169.

Referencias

- [1] V. Formicola, A. Pontrandolfi, J. Svoboda. The Upper Paleolithic triple burial of Dolní Věstonice: Pathology and funerary behavior. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2001, 115(4), 372–379.
- [2] V. Formicola, AP. Buzhilova. Double child burial from Sunghir (Russia): Pathology and inferences for Upper Paleolithic funerary practices. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2004, 124(3), 189–198.
- [3] DW. Frayer, WA. Horto, R. Macchiarelli, M. Mussi. Dwarfism in an adolescent from the Italian late Upper Palaeolithic. *Nature*, 1987, 330, 60–62.
- [4] DW. Frayer, R. Macchiarelli, M. Mussi. A case of chondrodystrophic dwarfism in the Italian late Upper Paleolithic. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1988, 75(4), 549–565.
- [5] M. Milella, C. P. E. Zollikofer, M. S. Ponce de León. A Neolithic Case of Mesomelic Dysplasia from Northern Switzerland. *Int. J. Osteoarchaeol.*, 2015, 25: 981–987.

Fertility increase in high developed countries: a revision (2006-2014)

S. Delgado / A. Gavrus-Ion / M. Esparza

Universitat de Barcelona Avda. Diagonal 643, Barcelona,

mesparza@ub.edu

Introduction: In 2009, Myrskylä and his collaborators found that, in 2005, countries with a very high human development index (more or equal than 0,9) presented a reverse in fertility declines [1]. In this way, the correlation between Human Development Index (HDI) and Total Fertility Rate (TFR) turned into positive and significant for that year. The aim of our investigation is to confirm whether this reversal continues in 2014, after the global economic crisis of 2008.

Material and methods: We analysed the relationship between HDI and TFR of an average of 180 countries from 2006 to 2014. For each year, we estimated the correlation between the parameters for all countries and for groups of them based on their level of development.

121

Results and conclusions: For all countries, the results show that the correlation between the HDI and the TFR is negative and significant. However, the findings indicate that the reversal of the fertility declines is also present in 2014, but in countries with a HDI more or equal than 0,85 (a lower development level compared to 2005), whereas in countries with a very high development level (HDI more or equal than 0,9) the relationship between the variables is negative (nonsignificant). Therefore, the reversal has shifted to countries with a lower level of development which have not reduced their policies to increase fertility rates. This may be as a result to the effect of the global economic crisis but also to methodological changes regarding Myrskylä et al. paper. Anyway, the reversal continues until 2014. This could mean the end of the “lowest-low” fertility period and the stabilisation of the population size in some developed countries.

Referencias

- [1] M. Myrskylä, H.P. Kohler, F.C. Billari. *Nature*. 2009, 460(6): 741-743.

**Polimorfismos en genes relacionados con el metabolismo de fármacos:
Datos en poblaciones norteafricanas**

M.E. Esteban¹, A. Novillo², A. Romero-Lorca², P. Moral¹, N. Harich³, A. Fernández-Santander²,
M. Gaibar²

¹ Secció Zoologia i Antropologia Biològica, Dep. Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, UB. Diagonal, 643. 08028 Barcelona. mesteban@ub.edu

² Dpto de Ciencias Biomédicas Básicas, Facultad de Ciencias Biomédicas y de la Salud, Universidad Europea de Madrid, 28670 Madrid.

³Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université de Chouaïb-Doukkali, El Jadida, Morocco.

Introducción y Objetivos

Los citocromos, las sulfotransferasas y las glucuronidasas son familias de enzimas que tienen un papel relevante en el metabolismo de fármacos, especialmente en aquellos relacionados con tratamiento para distintos tipos de cáncer, como por ejemplo tamoxifeno o tacrolimus [1-3]. Ciertos SNPs de estos genes presentan una gran diversidad entre grupos étnicos, lo que puede influir en la farmacogenética de diferentes fármacos así como en el riesgo de padecer cáncer [4]. El objetivo principal de este estudio es el análisis conjunto de diversos SNPs de los genes CYP3A4, CYP3A5, SULT1A1, SULT1A2, SULT1E1, UGT1A4, UGT2B7, UGT2B15, UGT2B17 en un conjunto de 6 poblaciones norteafricanas. El presente trabajo ha permitido la obtención de nuevos datos para los genes de las glucuronidasas y el análisis global de la presencia de alelos de riesgo para las tres familias de enzimas en población norteafricana.

122

Material y Métodos

La muestra analizada es representativa de Marruecos (3 poblaciones bereberes), Argelia, Túnez y Libia. Los SNPs se determinaran mediante técnicas convencionales de Biología Molecular (PCR-RFLP y qPCR), y los datos han sido tratados desde una aproximación clásica de genética de poblaciones.

Resultados y Conclusión

Globalmente, la variación norteafricana analizada excede las frecuencias descritas para poblaciones Europeas debido a su diversidad genética y a una contribución sub-sahariana que en algunos SNPs es muy marcada, y que puede conferir un riesgo diferencial a algunos tipos de cáncer.

Referencias

- [1] Daniels J, Kadlubar S. Sulfotransferase genetic variation: from cancer risk to treatment response. Drug Metab. Rev. 2013, 45, 415–422.
- [2] Fernández-Santander A, Gaibar M, Novillo A, Romero-Lorca A, Rubio M,

Chicharro LM, Tejerina A, Bandrés F. Relationship between genotypes SU LT1A 2 and CYP2D6 and tamoxifen metabolism in breast cancer patients. PLoS ONE, 2013, 8, e70183.

[3] Romero-Lorca A, Novillo A, Gaibar M, Bandrés F, Fernández-Santander A. Impacts of the Glucuronidase Genotypes UGT1A4, UGT2B7, UGT2B15 and UGT2B17 on Tamoxifen Metabolism in Breast Cancer Patients. PLoS ONE, 2015, 10, e0132269.

[4] Fernández-Santander A, Novillo A, Gaibar M, Romero-Lorca A, Moral P, Sánchez-Cuenca D, Amir N, Chaabani H, Harich N, Esteban ME. Cytochrome and sulfotransferase gene variation in north African populations. Pharmacogenomics, 2016, 17, 1415-23.

Patologías antemortem y perimortem en un soldado portugués de la guerra de la independencia enterrado en Villalaín

M.E. Fernández¹

¹ Investigador Profesional Independiente,

mariaeden.fernandez@gmail.com

El objetivo del presente trabajo es el de realizar el análisis paleopatológico de un individuo enterrado con una casaca del ejército francés de finales del s. XVIII y principios del XIX en Villalaín (Burgos) y que fue identificado por los arqueólogos como un soldado portugués que participó en la Guerra de la Independencia.

El individuo aquí presentado fue estudiado junto con otros individuos procedentes de la necrópolis de Villalaín. Se determinó el sexo y la edad de muerte del mismo, tratándose de un varón adulto de aproximadamente 30 años de edad. Así mismo se realizó un análisis paleopatológico macroscópico de su esqueleto, que estaba muy bien representado y en un óptimo estado de conservación.

124

El soldado muestra varios procesos cariosos e importantes cúmulos de sarro, evidiendo una deficiente higiene bucodental. Sus marcadores de estrés ocupacional nos hablan de una persona que ejercitaba con asiduidad las extremidades superiores pero no las inferiores y que realizaba esfuerzos con la espalda. Además, presenta lesiones traumáticas de origen violento antemortem y perimortem. La lesión perimortem se encuentra en la parte inferior de su fémur derecho y la antemortem fue producida en una de sus costillas pocos días antes de morir.

Análisis histológico de fracturas perimortem y postmortem en huesos humanos

Ana Ferragut Planas¹, Ignasi Galtlés^{2,3} y Xavier Jordana¹

¹ Unitat d'Antropologia Biològica, dep BABVE, UAB

²Institut de Medicina Legal i Ciències Forenses de Catalunya

³Unitat de Medicina Legal i Forense, UAB

En la actualidad, la distinción entre fracturas peri y postmortem sigue siendo controvertida[1]. Esta diferenciación es sumamente importante desde los puntos de vista antropológico y forense, pues, en caso de deberse a un traumatismo perimortem, una lesión puede estar asociada a las circunstancias de la muerte y tener, por tanto, implicaciones médico-legales[1]. En el caso de restos esqueletizados y al carecer de la información proporcionada por los tejidos blandos asociados a la zona de fractura, la dificultad es aún mayor. Frente a este problema, numerosos estudios han tratado de proporcionar criterios unificados para determinar el momento en que se produjo una determinada fractura [2-4] obteniendo resultados prometedores aunque, en algunos casos, poco concluyentes. Por ello, el objetivo principal de este estudio fue identificar rasgos microscópicos cualitativos y cuantitativos que permitiesen diferenciar entre ambos tipos de fracturas. Se analizó una muestra de 9 fracturas provocadas por objeto contundente en huesos largos frescos y secos. De todas ellas, se realizó una lámina delgada (100-130µm), que se examinó mediante microscopio óptico y el programa FIJI para caracterizar: (1) los patrones de fractura diferenciales a nivel de las osteonas secundarias, y (2) la distribución y la morfología de las microfracturas. Los resultados apuntaron a un patrón diferencial de microfracturas en hueso fresco respecto al hueso seco, pues en este último predominan patrones anárquicos, con una gran densidad de microfracturas de mayor longitud. Los resultados sugieren que la formación de microfracturas presentaría patrones distintos según se produzca en hueso fresco o seco. Ello coincide con lo observado en estudios realizados desde la perspectiva macroscópica[2], otros estudios microscópicos[5] y análisis de remodelación ósea[6].

125

Referencias

- [1] Christensen AM, Passalacqua NV, Bartelink E. *Forensic Anthropology Current Methods and Practice*. Elsevier, Oxford. 2014.
- [2] Scheirs S., et al. New insights in the analysis of blunt force trauma in human bones. Preliminary results. *Int J Legal Med* , 2016, 137.
- [3] Pechníková M, Porta D, Cattaneo C. Distinguishing between perimortem and post-mortem fractures: are osteons of any help? *Int J Legal Med* , 2011, 125, 591-595.
- [4] Ebacher V, Guy P, Oxland TR, Wang R. Sub-lamellar microcracking and roles of canaliculi in human cortical bones. *Acta Biomater*, 2012, 8, 1093-1100
- [5] Najafi AR, Arshi AR, Eslami MR, Fariborz S, Moeinzadeh MH. Micromechanics fracture in osteonal cortical bone: A study of the interactions between microcrack propagation, microstructure and the material properties. *Journal of Biomech*, 2007, 40, 2788-2795
- [6] Robling AG, Castillo AB, Turner CH. Biomechanical and Molecular Regulation of Bone Remodelling. *Annu Rev Biomed Eng*, 2006, 8, 455-498

Estimación del sexo a partir de metatarsos y falanges en población de la Península Ibérica.

E. Sada¹, E. Fuentes¹, A. Malgosa¹ X. Jordana¹

¹ Unitat d'Antropologia Biològica, Dept BABVE, Universidad Autónoma de Barcelona,

Bellaterra-Cerdanyola del Vallès, España. e

ster.fuente12@gmail.com – elsa.fuentes.alonso@hotmail.com – xavier.jordana@uab.cat
assumpcio.malgosa@uab.cat

En los estudios forenses es muy importante determinar con la mayor certeza posible el perfil biológico de los individuos, y uno de los datos más importantes junto con la edad, la estatura y el origen poblacional, es el sexo. En muchas ocasiones los restos óseos más indicativos como pelvis o cráneo se encuentran dañados o incluso se han perdido, por lo que es necesario utilizar otros tipos de restos esqueléticos. En este trabajo se han estudiado los restos óseos de los pies, concretamente los cinco metatarsianos y las falanges del primer dedo, puesto que por razones culturales tienden a estar más protegidos por el uso de zapatos y por tanto, suelen conservarse mejor [1] El objetivo de este trabajo es realizar funciones discriminantes para la determinación de sexo a partir de medidas osteométricas de dichos huesos. Las colecciones utilizadas corresponden a la colección documentada de la Universidad Autónoma de Barcelona y otras colecciones de la Península. Se tomaron las longitudes máximas y fisiológicas de todos los metatarsos y falanges, así como altura dorso-plantar y anchura medio-lateral de base, punto medio de la diáfisis y cabeza [2]. Se calculó el error intraespecífico e interespecífico de ambos observadores. Como resultado, se presentan fórmulas discriminantes combinando las variables anteriormente descritas así como los valores umbrales para la determinación del sexo con elevada fiabilidad. Estas fórmulas tendrán gran utilidad y aplicación en cualquier estudio poblacional dentro de la Península, así como en casos forenses y casos de identificación en fosas de la Guerra Civil.

[1] R. Janaway. Soil Analysis in Forensic Taphonomy: Chemical and Biological Effects of Buried Human Remains The decomposition of materials associated with buried cadavers. CRC Press, Boca Rato. 2008

[2] R. Martin, y K. Saller. Lehrbuch der Anthropologie in Systematischer Darstellung. 1st ed., Gustav Fischer Verlag. Stuttgart. 1966

Portuguese childhood Overweight and Obesity and Regional Development

Augusta Gama^{1,2}, Vítor Rosado-Marques^{3,2}, Aristides M. Machado-Rodrigues²,
Helena Nogueira^{2,4}, Isabel Mourão⁵, Cristina Padez^{2,6}

¹Faculty of Sciences, University of Lisbon, Portugal, augusta.gama@fc.ul.pt

²Research Centre for Anthropology and Health, University of Coimbra, Portugal;

³Faculty of Human Kinetics, University of Lisbon, Portugal

⁴Department of Geography, University of Coimbra, Portugal

⁵Research Center in Sport Science and Health (CIDESD),

University of Trás-os-Montes e Alto Douro, Portugal

⁶Department of Life Sciences, University of Coimbra, Portugal

Aim: Obesity is related with socioeconomic inequalities. The Portuguese national indicators of economic growth and living conditions showed regional differences. The objectives of the present study were to evaluate the role of the competitiveness index, cohesion index, environmental quality index and per capita purchasing power on regional variations in childhood overweight and obesity.

Methods Analysed data are from the *Portuguese Prevalence Study of Obesity in Childhood*, who was a random cross-sectional survey conducted between 2009 and 2010 at schools from all the Portuguese mainland districts. Analysed data are 17,277 children (8746 girls and 8531 boys), aged 3-10 years old. The study protocol was approved by *Direção Geral de Inovação e Desenvolvimento*. The BMI (Kg/m²) of each child was classified, taking into account the World Health Organization's standards. Three categories were considered: non-overweight and non-obese, overweight without obesity, and obesity. The three components of the *Regional Development Composite Index 2009* studied were the competitiveness index, cohesion index and environmental quality index. The performance of the NUTS 3 level sub-regions' index scores were used. The chi-square test and logistic regression was applied to search association between overweight/obesity and the predictive variables.

127

Results: The observed prevalences were for overweight 20.7% (girls 21.5% and boys 20%) and for obesity 16.1% y (girls 14.7% and boys 17.6).The prevalence of overweight/obesity was different for each indexes of Regional Development. Children at competitiveness levels two, three and four were more likely to be overweight/obese (OR=1.12, OR=1.32 and OR=1.22, respectively, and p<0.001) than children at competitiveness higher level.

Conclusion: The probability of Portuguese children being overweight or obese depends on inequalities in regional development. Children were more likely to be overweight/obese if they were from territories with greater competitiveness, greater cohesion and less environmental quality Therefore, the reduction of socioeconomic inequalities is fundamental to supporting healthy childhood growth.

Diagnóstico diferencial de las espondiloartropatías (SpAs): Registro de datos en restos esqueléticos

N. G. Ventades¹, I. Martín¹, M. Hervella¹, C. de la Rúa¹

¹Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Barrio Sarriena s/n, 48940 Leioa, Bizkaia,

nereagv@hotmail.com

Las espondiloartropatías (SpAs) constituyen un grupo de enfermedades inflamatorias crónicas que comparten un conjunto de manifestaciones clínicas [1]. Dentro de este grupo se incluye a la Espondilitis Anquilosante (EA), Artritis Psoriásica (APs) y Artritis Reactiva (ARe), entre otras [2]. A pesar de tener en común algunas características, es posible establecer el diagnóstico diferencial de estas patologías siguiendo un adecuado registro de los datos. Entre los rasgos más importantes para establecer el diagnóstico diferencial están: la región de la columna vertebral afectada y la afectación unilateral o bilateral de la articulación sacroilíaca [3]. Por otro lado, en la ARe y APs las articulaciones afectadas no se encuentran distribuidas uniformemente, de manera que es frecuente encontrar vértebras normales próximas a vértebras fusionadas (“skip lesions”). En la APs las falanges de pies y manos pueden adquirir una apariencia característica propia de la enfermedad, denominada “pencil in cup” [4]. En conclusión, se puede establecer el diagnóstico diferencial de estas patologías a nivel óseo atendiendo a manifestaciones diferenciales en cada caso.

128

Referencias

- [1] Inoue, K., Hukuda, S., Nakai, M., *et al.*, Int. J. Osteoarchaeol., 1999, 9 (1), 1-7, Erosive peripheral polyarthritis in ancient Japanese skeletons: A possible case of rheumatoid arthritis.
- [2] Rudwaleit M, van der Heijde, Khan MA, *et al.*, Ann Rheum Dis., 2004, 63: 535-543, How to diagnose axial spondyloarthritis early.
- [3] Rajic Sikanjic, P., Vlak, D., Rheumatol Int., 2010, 30 (3), 349-356, Autoimmune joint diseases in Late Medieval skeletal sample from Croatia.
- [4] Rogers, J., Waldron, T., Dieppe, P., *et al.*, J. Archaeol. Sci., 1987, 14: 179-193, Arthropathies in Palaeopathology: The basis of Classification according to Most Probable Cause.

The deltoid muscle in vertical clinger primates

M. Gómez¹, JM. Potau¹, J. Arias¹, G. Bello¹, A. Casado¹, F. de Paz², M. Barbosa², JF. Pastor²

¹ Unit of Human Anatomy and Embryology, University of Barcelona, Barcelona, Spain.

² Department of Anatomy and Radiology, University of Valladolid, Valladolid, Spain.

Introduction: The research analyzed the relative proportions of the pars clavicularis, pars acromialis and pars spinalis of the deltoid muscle in arboreal quadruped primates, semiterrestrial quadruped primates and vertical clinger primates. Our aim is to identify anatomical differences of the deltoid muscle in vertical clinger primates that can be related to the particular anatomic corporal pattern and locomotion of this type of primates.

Material and methods: The weights of the three portions of the deltoid muscles were obtained in 7 arboreal quadruped primates, 7 semiterrestrial quadruped primates and 12 vertical clinger primates. All the primates came from the Museum of Anatomy of the University of Valladolid.

Results: It was observed that there are no significant differences in the proportion of the three portions of the deltoid between arboreal and semiterrestrial quadruped primates. However, we find significant differences in the proportion of pars clavicularis between arboreal quadruped and vertical clinger primates and in the proportion of pars clavicularis and pars acromialis between semiterrestrial quadrupeds and vertical clinger primates. Vertical clinger primates have a significant higher proportion of the pars clavicularis of the deltoid muscle than arboreal and semiterrestrial quadruped primates.

129

Conclusions: Vertical clinger primates have a particular pattern of the deltoid muscle, with a high proportion of the pars clavicularis, and this characteristic can be related to their particular postural habit and locomotion.

This study was supported by the Ministerio de Economía y Competitividad of Spain (project CGL2014-52611-C2-2-P).

Sensitivity of mitochondrial DNA heteroplasmy detection using Next Generation Sequencing

MM.González¹, A.Ramos^{1,2,3}, MP. Aluja¹, C.Santos¹

1. Unitat Antropologia Biològica, Dep. Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Cerdanyola del Vallès, Barcelona. Spain.

mmar.glez.ga@gmail.com

2. Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade dos Açores, Ponta Delgada, Portugal.

3. Instituto de Investigação e Inovação em Saúde - Instituto de Biologia Molecular e Celular (IBMC), Universidade do Porto, Portugal.

The use of Next Generation Sequencing (NGS) in mitochondrial DNA (mtDNA) studies related to forensic and human genetics has contributed to the report of heteroplasmy in very low levels (lower than 1% and even 0.5%). However, the detection of low-level variants is not a straightforward process even using NGS. The aim of this work is to establish mitochondrial heteroplasmy detection limits through the generation of mixed bases at low frequencies. A mitochondrial region (6511-9220) was amplified in 2 samples, using a primer set that could potentially co-amplify a nuclear insertion of mitochondrial origin (NUMT) located in chromosome 1 and presenting an identity of 98% with the corresponding region of mtDNA. For each sample, independent Nextera XT® (Illumina) NGS libraries were generated and sequenced in different MiSeq (Illumina) runs. Data from each run were analysed using the mtDNA NGS analysis pipeline from mtDNA-Server. NUMT co-amplification is detected in both samples, although the average percentage differs between them (3.79% and 1.84%). All positions expected as mixed bases between mtDNA and NUMT are detected, at least, in one of the runs for each sample. Even with a high depth, when the limit of mixed base detection is <1.5% there are false negative and false positive heteroplasmy detection. However, when the limit is >3%, no presence of false positive or negative are detected, even with a minimal depth of 1000X. Between 1.5%-3% limit of mixed base detection, a minimal depth of 3000X is necessary to avoid false positive or negative detections. These results demonstrate an alternative strategy to establish a reliable limit of mitochondrial heteroplasmy detection. In addition, they also confirm the importance of an exhaustive primer design to avoid misleading results due to NUMTs co-amplification.

AKT1 gene and cannabis interaction effects on cognitive performance in healthy subjects

M. Guardiola^{1,2}, J. Soler^{2,3}, I. Ibáñez^{2,4}, J. Moya^{2,5}, G. Ortet^{2,4}, L. Fañanás^{2,3}, B. Arias^{2,3},
M. Fatjó-Vilas^{1,2,3}

¹ FIDMAG Germanes Hospitalàries Research Foundation, Barcelona, Spain,
mguardiola@fidmag.com

² Centro de Investigación Biomédica en Red de Salud Mental (CIBERSAM).

³ Departament Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Facultat de Biología,
Universitat de Barcelona, Spain.

Institut de Biomedicina de la Universitat de Barcelona (IBUB), Spain.

⁴ Department of Basic and Clinical Psychology and Psychobiology, Universitat Jaume I, Castelló, Spain

⁵ Department of Psychology, Faculty of Education, Psychology and Social Work,
University of Lleida, Spain

Objective. AKT1 is involved in multiple cellular processes, mediates neural survival in the developing nervous system and has emerged as the focal point for many signal-transduction pathways [1]. The deregulation of these processes may probably alter the needed homeostasis for the correct brain functioning. Cannabis has been reported to activate the AKT1/PI3K pathway through cannabinoid receptors [2] and impairments in attention after cannabis use have been described in many studies [3]. Therefore, this study aimed to explore whether AKT1 variability and cannabis use interact on cognitive performance (attention) in healthy individuals.

Methods. Sustained attention performance (CPT-IP), cannabis use and two SNPs at the *AKT1* gene (rs2494732 and rs1130233) were examined in a sample of 393 Caucasian subjects from the general population. Linear regressions were conducted to test the effect of *AKT1* SNPs, cannabis use and their interaction on CPT-IP scores (d' shapes and d' digits). Sex and anxiety scores (evaluated with SCL) were included as covariates.

Results. A main effect of *AKT1* was found on d' shapes (rs2494732: $\beta=0.14$ $p=0.003$; rs1130233: $\beta=0.16$ $p<0.001$). As regards to the d' digits, the rs2494732 did not show any effect, while the rs1130233 did so (rs1130233: $\beta=0.10$ $p=0.029$). Individuals with the CC genotype for rs2494732 and the AA for rs1130233 presented better d' shapes and digits scores. No evidence for *AKT1*-cannabis interaction was found.

Discussion. The *AKT1* moderation of cannabis-induced attention alterations has been previously reported in disorders characterized with cognitive deficits such as psychotic disorders [4]. Our results add to this evidence by showing the *AKT1* effects on measures of sustained attention independently of cannabis use in healthy subjects.

Acknowledgements. CIBERSAM; ERANET-NEURON-PIM2010ERN; Spanish Ministry of Economy and Competitiveness, Instituto de Salud Carlos III (PI15/01420, PI12/00018); 2014SGR1636; Fundació Caixa Castelló-Bancaixa (P1·1B2010-40-P1·1B2011-47).

References.

- [1] E.J. Joo, K.Y. Lee, S.H. Jeong, M.S. Roh, S.H. Kim, Y.M. Ahn, Y.S. Kim, Psychiatry Investig., 2009, 6, 102-107.
- [2] M.G. Sanchez, L. Ruiz-Lorente, A.M. Sanchez, I. Diaz-Laviada, Cell Signal., 2003, 15, 851-859.
- [3] N.A. Crane, R.M. Schuster, P. Fusar-Poli, R. González, Neuropsychol Rev., 2013, 23(2), 117-137.
- [4] R. van Winkel, N.J. van Beveren, C. Simons, Neuropsychopharmacology., 2011, 36, 2529-2537.

Análisis de microrestos del cálculo dental de la necrópolis altomedieval de cal guardià (Argentona, Barcelona)

Maria Herrero Otal¹, Elena Fiorin¹, Assumpció Malgosa Morera¹,

¹ Grup de Recerca en Osteobiografia (GROB), Unitat d'Antropologia Biològica, Departament de Biología Animal, Vegetal i Ecologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra-Cerdanya del Vallès 08193, Spain.

mariaa.ho.55@gmail.com - elenafiorin84@gmail.com - assumpcio.malgosa@uab.cat

El cálculo dental es la placa bacteriana calcificada adherida a la superficie de los dientes [1], atrapando elementos que puedan entrar en la cavidad oral. Varios factores se ven implicados en su etiología: ambiente oral, dieta, presencia bacteriana y otros aspectos individuales tal como el sexo, edad, genética e higiene [2], [3]. Los análisis del cálculo en contextos arqueológicos son una fuente de información directa de aspectos dietéticos y de hábitos de las poblaciones [4].

En el presente estudio, se analiza el cálculo dental de los individuos de la necrópolis altomedieval de Cal Guardià (Argentona). Se estudia un total de ocho individuos, tres de los cuales presentan un desgaste anómalo en algunas de sus piezas dentales, evidenciando el uso de la boca como una tercera mano [5]. El objetivo de este estudio es la identificación de los microfósiles hallados en el cálculo dental para contextualizar el desgaste anómalo de los dientes, así como inferir en la dieta de la población estudiada.

La metodología utilizada es la disagregación de los depósitos de cálculo mediante ácido clorhídrico. Cuando no se disgregan únicamente con ácido se procede a la pulverización manual [6]. Posteriormente se montan las preparaciones para microscopía óptica con glicerina, se observan a diferentes aumentos y bajo el filtro de luz polarizada. Lo que éste permite es el reconocimiento de algunos microfósiles. Su identificación se realiza mediante la comparación morfométrica a partir de atlas y colecciones de referencia [2].

Los resultados muestran la presencia de almidones, fitolitos, fibras vegetales y esporas fúngicas.

Referencias

- [1] Blatt, S. H., Redmond, B. G., Cassman, V., Sciulli, P. W. 2011. *Dirty teeth and ancient trade: Evidence of cotton fibres in human dental calculus from Late Woodland, Ohio*. International Journal of Osteoarchaeology, 21(6): 669–678.
- [2] Henry, A. G., Piperno, D. R. 2008. *Using plant microfossils from dental calculus to recover human diet: a case study from Tell al-Raqā'i, Syria*. Journal of Archaeological Science, 35(7): 1943–1950.
- [3] Jepsen, S., Deschner, J., Braun, A., Schwarz F., Eberhard, J. 2011. *Calculus removal and the prevention of its formation*. Periodontal 2000. 55: 167–188.
- [4] Hardy, K., Blakeney, T., Copeland, L., Kirkham, J., Wrangham, R., Col-

lins, M. 2009. *Starch granules, dental calculus and new perspectives on ancient diet*. Journal of Archaeological Science, 36: 248–255.

[5] Gimeno-Jiménez, E. 2013. *Estudio de patología oral y desgastes anómalos de la población altomedieval de Cal Guardià, Argentona (Mataró)*. Trabajo de Fin de Máster (2012-2013). Máster en Antropología Biológica (UB/UAB). Departamento de Biología Animal, Vegetal i Ecología (BABVE) – Unidad de Antropología Biológica de la Universidad Autónoma de Barcelona.

[6] Fiorin, E. 2015. *The necropolis of Can Reiners (7th c. AD, Mallorca, Spain): Demography, health and lifestyle*. PhD Dissertation. Departamento de Biología Animal, Vegetal i Ecología (BABVE) – Unidad de Antropología Biológica de la Universidad Autónoma de Barcelona.

El efecto de la temperatura en la forma epifisaria de los huesos largos

P. Ibáñez-Gimeno^{1,2}, T. G. Davies^{1,3}, M. E. Cameron^{1,4}, L. T. Buck^{1,2,5}, J. T. Stock¹

¹ PAVE Research Group, Department of Archaeology and Anthropology,
University of Cambridge, Pembroke Street, Cambridge, CB2 3QG, United Kingdom,
pereibgi@gmail.com

² McDonald Institute for Archaeological Research, Department of Archaeology and
Anthropology, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, CB2 3ER, United Kingdom
³ School of Earth Sciences, University of Bristol, Wills Memorial Building, Queens Road,
Bristol, BS8 1RJ, United Kingdom

⁴ Department of Anthropology, University of Toronto, 19 Russell Street,
Toronto, Ontario, M5S 2S2, Canada

⁵ Earth Sciences Department, Natural History Museum, Cromwell Road,
London, SW7 5BD, United Kingdom

134

Varios aspectos de la forma y el tamaño esquelético están correlacionados con la variación climática, ya sea por selección natural o por plasticidad durante el crecimiento. Estudios previos se han centrado en el efecto de la temperatura sobre la morfología craneal, pélvica y de las diáfisis de los huesos largos, mientras que la forma de las epífisis no ha sido investigada en detalle. En este trabajo aplicamos técnicas de morfometría geométrica para analizar el efecto de la temperatura sobre la forma de las epífisis proximales y distales de húmeros, radios, fémures y tibias de cazadores-recolectores de todo el mundo. Los resultados muestran que la forma de ambas epífisis del radio y la tibia y de la epífisis distal del fémur guarda relación con la temperatura ambiental. Cuando ésta relación es controlada por los efectos de la evolución neutra, se mantiene una correlación significativa entre la temperatura y la forma de las epífisis proximales del radio y tibia y la distal del fémur. En el radio, ambientes fríos están asociados con un alargamiento del cuello y una expansión anteroposterior de la cabeza. En el fémur, una reducción proximodistal y alargamiento posterior de los cóndilos se encuentran en poblaciones de climas fríos. En la tibia, temperaturas frías se asocian con una expansión anteroposterior de la epífisis proximal y una posición más proximal de la tuberosidad tibial. Cuando el efecto de la actividad también es controlado, la correlación con la temperatura solamente se da con la epífisis proximal de la tibia. Este estudio preliminar sugiere que la forma de las epífisis de los huesos largos ha evolucionado siguiendo distintos procesos. La temperatura parece ser uno de los componentes clave en la determinación de la forma de algunas epífisis, pero el efecto otros factores debe de ser analizado.

Treponemal disease in Spain: Insights from a Medieval Age skeleton of Castilla-Leon

B. López¹, J.M. López-García², S. Costilla³, F. Pardiñas A.⁴

1: Departamento de Biología de Organismos y Sistemas, Universidad de Oviedo.

C/ Catedrático Rodrigo Uria s/n. 33071-Oviedo, Spain.

2: Departamento de Morfología y Biología Celular, Facultad de Medicina,

Universidad de Oviedo. C/ Julián Clavería s/n. 33071-Oviedo, Spain.

3: Hospital Universitario Central de Asturias, Servicio de Radiodiagnóstico.

Calle Carretera de Rubín, s/n, 33011-Oviedo, Spain.

4: MRC Centre for Neuropsychiatric Genetics and Genomics, School of Medicine,

Cardiff University. Hadyn Ellis Building, Maindy Road, CF24 4HQ-Cardiff, United Kingdom.

Introduction: The hypothesis of an American origin of acquired (venereal) syphilis and other infectious diseases carried by Christopher Columbus's crew has been considered for a long time as the most plausible one, and has been supported recently by considerable anthropological and molecular evidence. In this line of thought, it can be argued that Spain would have been the gateway of acquired syphilis, which quickly expanded after the return of Columbus in the late 15th century. However, the hypothesis that syphilis previously existed in Europe but went unrecognized has been also considered by many authors. **Material and Methods:** The present work reports one Pre-Columbian putative case of venereal syphilis found in a Spanish necropolis and radiocarbon dated to the 9th-11th century. The complexities of carrying out accurate diagnoses in remains from archaeological timeframes are addressed by the combined use of paleopathological, medical and histological techniques. **Results:** The results, which suggestively point toward a third-stage acquired syphilis, **Conclusion:** spark discussion about the need to revisit or complement the theories and hypothesis on the origin of syphilis in the light of a growing body of cases from European historical populations.

135

Referencias

[1] N. Autor1, N. Autor 2, N. Autor 3, J. Nuestro. Nal., 2014, 137, XXX-XXX.

[2] N. Autor 1, N. Autor2. Título del libro. n^o ed., Editorial, Ciudad. 2014.

References

[1] N. Author1, N. Author2, N. Author3, J. Our. Nal., 2014, 137, XXX-XXX.

[2] N. Author1, N. Author2. Book title. n^o ed., Editorial, City. 2014.

Análisis del Haplogrupo Q de individuos Mexicanos y su aplicación forense.

Yadira Lizethe López Ramírez, Blanca Zoila González Sobrino, María Eugenia Ambriz Franco Romero, Mariana Ruíz Hernández y Mauro López Armenta.

Instituto de Investigaciones Antropológicas, UNAM e Instituto de Ciencias Forenses, Tribunal Superior de Justicia del Distrito Federal.

En México, la cantidad de personas desaparecidas aumenta considerablemente; de ahí la importancia de generar una base de datos genéticos para búsqueda de cuerpos en calidad de desconocidos. Estudios en poblaciones contemporáneas muestran que el Haplogrupo Q se presenta en mayor porcentaje en comunidades consideradas como nativas americanas, y que además es constante en todo el continente americano, Oaxaca fue la población urbana con mayor presencia de este haplogrupo. Battaglia y col. analizaron este haplogrupo en algunas comunidades nativas americanas de Latinoamérica encuentra una serie de variaciones en dicho haplogrupo y que además México es el país con mayor número de haplotipos en éste. Es por eso que analizar los haplotipos de este haplogrupo en la población Mexicana es de utilidad para la búsqueda de individuos desconocidos que incluso pudiera permitir la aproximación de su origen biológico y por ende origen geográfico.

136

Objetivo: Identificar variaciones el haplogrupo Q que nos permita diferenciar y/o asociar a los diferentes grupos amerindios en México de la población Mexicana.

Metodología: Se extrajo y purificó el Ácido Desoxirribonucleico de individuos pertenecientes a comunidades Tepehuanas, Mixes, Mayas, Mixtecos y Coras para su posterior amplificación mediante el sistema de identificación humana Power Plex Y23 System (Applied Biosystems) y a este producto se le realizó corrimiento electroforético en Analizador genético 3130 (Applied Biosystem). Finalmente se vaciaron los alélelos en el Software Navgen.org para identificar al haplogrupo y haplotipo.

Resultados: Los tarahumaras, coras, Mixtecos y zapotecos las poblaciones con mayor frecuencia de Q; Sonora y Zacatecas presentan menor frecuencia de Q. Oaxaca fue la población urbana con mayor Q y superpuesto la población otomí es la población indígena con menor Q. El haplotipo Q1a3a ha sido registrado casi en su totalidad en América, solo uno de los haplotipos Q se encontró en las poblaciones examinadas, y otro más se encontró solo en individuos mayas.

Conclusión: Es posible ubicar distribución consistente a las diferentes comunidades analizadas, además de haber encontrado una diversidad no antes reportada de haplotipos correspondientes al Haplogrupo Q de la población mexicana.

Genetic variability in the population of Granada, Málaga and Almería and its relation with the former inhabitants of north Africa

N. Lupiáñez-Corpas¹, M. Saiz¹, L.J. Martínez-González², M.J. Álvarez-Cubero², J.C. Álvarez¹, J.A. Lorente^{1,2}

¹ Laboratorio de Identificación Genética. Departamento de Medicina Legal, Toxicología y Antropología Física. Universidad de Granada. Av. Investigación 11 - PTS. 18016 Granada

² GENYO. Centro de Genómica e Investigación Oncológica: Pfizer / Universidad de Granada / Junta de Andalucía. PTS Granada. Avenida de la Ilustración 114 - PTS. 18016 Granada

For the nearly 800 years of the Arab invasion in the Peninsula, North African groups spread through the country except the Basque Country, Galicia, Cantabria, Asturias and most of the Pyrenees; but it was in the south of the Peninsula where they had a greater influence [1].

After the study of 245 samples from the provinces of Granada, Málaga and Almería for both autosomal STRs and autosomal INDELs, Y chromosome STRs and mitochondrial DNA control region, a great homogeneity is observed in the results despite the different heritage of the markers studied. Very high discrimination power values have been achieved for autosomal STRs, autosomal INDELs and Y chromosome STRs, as far as haplotype diversity and discrimination capacity in lineage markers.

137

Both Y chromosome and mitochondrial DNA haplogroups, clearly show big differences between North African populations and Spanish ones, more specifically with the studied population. Furthermore, the data obtained from the study of allelic frequencies and mitochondrial DNA haplogroups as far as genetic distances analysis claim that the current population of the provinces of Granada, Málaga and Almería show no significant genetic influence of the inhabitants of the ancient Kingdom of Granada compared to other Spanish populations or southern Europe ones.

There have been many cultural traits that the people of the kingdom of Granada left in this region as evidenced. However, the study of genetic markers indicates that the current population of the provinces of Granada, Málaga and Almería has no significant genetic influence of the inhabitants of the ancient Kingdom of Granada compared to the rest of Spanish or southern Europe populations. After the Reconquest of the region by the Catholic Monarchs, the region was repopulated with entire families from the rest of the peninsula so effectively [2] that any possible North African genetic influence was totally eliminated.

Referencias

- [1] M. Brion, A. Salas, A. González-Neira, M. V Lareu, A. Carracedo, Insights into Iberian population origins through the construction of highly informative Y-chromosome haplotypes using biallelic markers, STRs, and the MSY1 minisatellite, Am. J. Phys. Anthropol. 2003, 122, 147–161.
- [2] P. Bueno, El reino de Granada (De orígenes a 1936), Don Quijote Editorial, Granada. 2004.

Los primates fósiles del Eoceno (34-56 ma) de las cuencas pirenaicas

J. Marigó¹, R. Minwer-Barakat¹, J. Femenias-Gual¹, S. Moyà-Solà^{1,2,3}

¹ Institut Català de Paleontologia Miquel Crusafont, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain, judit.marigo@icp.cat

² Unit of Anthropology, BABVE Department, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain

³ ICREA, Pg. Lluís Companys 23, Barcelona, Spain

Durante el Eoceno, una de las épocas más cálidas del Cenozoico, se documentan los primeros registros de varios órdenes de mamíferos modernos, entre ellos los euprimates. Entonces este grupo sufrió una gran diversificación, favorecida por el desarrollo de densos bosques en todo el hemisferio norte. Dos grupos principales alcanzaron gran abundancia durante el Eoceno, los Adapiformes y los Omomyiformes, relacionados con los estrepsirrhinos y haplorhinos actuales, respectivamente.

En la Península Ibérica, los primates eocenos se conocen desde los años sesenta, cuando se descubrieron varios yacimientos con restos de prosimios fósiles. Sin embargo, no fue hasta 2010 que la investigación sobre estos primates ha aumentado notablemente y los resultados alcanzados en esta última etapa han superado los de todo el siglo pasado en número de publicaciones. Además de algunos hallazgos interesantes en otras cuencas españolas, los Pirineos han proporcionado el registro más abundante de primates eocenos de la Península.

138

En los depósitos continentales del Eoceno inferior del área de Àger se han descrito tres especies del género *Agerinaria*, además del único registro de Plesiadapiformes (primates arcaicos) de España. En la sección de Sant Jaume de Frontanyà (Eoceno medio) se han descrito tres especies de primates: *Anchomomys frontanyensis*, *Pseudoloris pyrenaicus* y *Necrolemur anadoni*. El yacimiento más relevante del Eoceno superior es Sossís, una localidad descubierta durante los años cuarenta, que nos ha permitido describir recientemente abundante material de *Pseudoloris parvulus*, así como erigir dos especies: *Nievesia sossensis* y *Microchoerus hookeri*.

Actualmente se hace trabajo de campo en todas las áreas mencionadas, y se está estudiando el material de nuevas localidades. Las Cuencas Pirenaicas representan por lo tanto un área excepcional para el estudio de la evolución de los primeros primates que habitaban Europa, desde su aparición en el Eoceno inferior hasta su casi completa desaparición del continente a finales del Eoceno.

Are Humanin-like genes being expressed in humans?

C. Martín-Muñoz¹, A. Pérez-Isidro¹, G. García-Erill¹, A. Ramos^{1,2,3}, K. Beyer⁴, C. Santos¹

¹ Unitat d'Antropologia Biològica, Dep. Biologia Animal, Biologia Vegetal I Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, Spain claramartinmunoz@gmail.com

² Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade dos Açores, Ponta Delgada, Portugal
³ Instituto de Investigação e Inovação em Saúde - Instituto de Biologia Molecular e Celular
(IBMC), Universidade do Porto, Portugal

⁴ Servei d'Anatomia Patològica, Institut de Recerca Germans Trias i Pujol,
Universitat Autònoma de Barcelona, Spain

Introduction: Thirteen Humanin-like genes were identified in the nuclear genome in regions corresponding to Nuclear Insertions of Mitochondrial Origin (NUMTs). Putatively, these genes could code isoforms of Humanin, a small peptide encoded in the mitochondrial genome (mtDNA), that appear to have a cytoprotective effect. None of the peptide sequences deduced from NUMTs are fully identical to the original sequence coded by mtDNA. However, it seems that they do retain some activity.

Objectives: The main goal of this work is to investigate if Humanin-like genes are expressed in humans.

139

Material and Methods: To evaluate the expression of Humanin-like genes, two methodologies were followed. First, we obtained information concerning the isoform's expression using data from the Genotype-Tissue Expression (GTEx) Project, available in GTEx portal (<http://www.gtexportal.org/home/>). Otherwise, we analysed RNA from brain samples from 8 Parkinson's disease patients and 8 healthy individuals. Specific primers were designed to amplify and sequence each isoform.

Results: The results obtained from GTEx project showed expression of 7 isoforms: MTRNR2L8, MTRNR2L4, MTRNR2L2, MTRNR2L9, MTRNR2L5, MTRNR2L3 and MTRNR2L12 (from the highest to lowest expression levels, ranging from 2.138 RPKM in MTRNR2L8 to 0.027 RPKM in MTRNR2L12) in different tissues, highlighting the brain. The remaining isoforms appear not to be expressed. We are now investigating the expression of Humanin-like genes in brain samples of Parkinson's disease patients and healthy individuals.

Conclusion: Our results show that some Humanin isoforms are being expressed in humans. However, further analysis to know the functionality of the Humanin isoforms are required to better understand the significance of the expression of these nuclear regions commonly accepted to be pseudogenes.

The Achavanich Beaker Burial Project

Hoole Maya ; Morrison Hew; Evans Jane ; Timpany Scott; Booth Tom; Boyle Angela;
Sharpe Michael; McGlynn Hannah

The Achavanich Beaker Burial Project is an independent archaeological research project aiming to reconstruct the life of an individual in Bronze Age Scotland. The utilisation of forensic facial reconstruction, bone histology, isotope analysis, osteological analysis, and pollen analysis have allowed the life of this individual, Ava, to be retold and reconstructed. The findings have also opened the door to innovative and engaging outreach through methods such as graphic design illustration, comic design, virtual and augmented reality, language translation and public lectures. Utilising these methods have allowed the data collected to be presented to national and international audiences. It is the findings of this research which will be presented here.

Análisis de la cara sínfisial del pubis por el método de Suchey-Brooks para determinar edad de individuos de origen mexicano

Valencia Caballero L¹, Mendez Vega Gil AM², Pineda Martínez D¹.

¹ Universidad Nacional Autónoma de México, Departamento de Anfiteatro,
Facultad de Medicina, Av. Universidad 3000, Ciudad Universitaria CP.04510, Ciudad de México.

² Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Ciencias, Av. Universidad 3000,
Ciudad Universitaria CP.04510, Ciudad de México.

E-mail: marissa.mendez@ciencias.unam.mx

La determinación de edad en antropología física y forense a partir del esqueleto es indispensable en investigación (1). La síntesis pública es utilizada para determinar la edad gracias a su conservación y valoración de los cambios morfológicos y degenerativos (2) . Los métodos más utilizados para estudiarla se basan en esas características. El método de Suchey-Brooks es el más utilizado en el mundo (3) y en este estudio se comprobó si éste sirve para estimar edad de individuos mexicanos.

La muestra es de 50 cadáveres, (15 femeninos y 35 masculinos), entre 20 y 88 años, de origen mexicano y edad cronológica confirmada. La investigación se llevó a cabo en el Departamento de Anfiteatro de la Facultad de Medicina, UNAM.

141

Una vez que se concluyó la utilización docente del cadáver, se procedió a hacer una disección de la región pública para seccionar la estructura del pubis. Su limpieza consistió en hervir y blanquear las estructuras. Finalmente, las síntesis fueron fotografiadas y analizadas por el método de Suchey-Brooks.

Como resultados preliminares se observa una disparidad en los datos ya que para la población mexicana este método emite resultados en los que se sobre estima o subestima la edad cronológica de la persona.

Este método a pesar de ser muy sencillo presenta varios inconvenientes: Primero los correspondientes a la amplitud de los rangos de edad que establecen, segundo: la muestra utilizada por Suchey-Brooks dista biológicamente de la mexicana, tercero: el proceso degenerativo no es similar en ambas muestras, cuarto: hay una diferencia temporal entre las muestras pues la primera se conformó hace 36 años y actualmente la esperanza de vida en mexicanos es mayor.

Referencias.

- (1) Sakawe, K. (2006) *Application of the Suchey-Brooks system of pubic age estimation*. Anthropological Sience, 114: 59-64.
- (2) Harnett, K. (2010) *Analysis of Age-at-Death Estimation Using Data from a New, Modern Autopsy Sample – Part I: Pubic Bone*. Journal of Forensic Sciences, 55(5): 1145-1151.
- (3) Kimmerle, E., Konigsberg, L., Jantz, R. & Baraybar, J. (2008) *Analysis of Age-at Death Estimation Through the Use of Pubic Symphyseal Data*. Journal of Forensic Sciences, 53(3): 558-568.

Perikymata counts and the enamel growth-pattern in a geographically diverse sample of modern *Homo sapiens*

M. Modesto-Mata^{1,2}, C. García-Campos¹, M. Martínez de Pinillos^{1,3}, L. Martín-Francés^{1,3}, A. Romero⁴, A. Pérez-Pérez⁵, M. Lozano⁶, M. Martinón-Torres^{3,7}, M.C. Dean⁸, J.M. Bermúdez de Castro^{1,3}

¹ Centro Nacional de Investigación sobre la Evolución Humana (CENIEH), Paseo Sierra de Atapuerca 3, 09002 Burgos, Spain.

² Equipo Primeros Pobladores de Extremadura, Casa de la Cultura Rodríguez Moñino, Av. Cervantes s/n, 10005 Cáceres, Spain.

³ Anthropology Department, University College London, 14 Taviton Street WC1H 0BW London, UK.

⁴ Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad de Alicante, Ap. C. 99, 03080 Alicante, Spain

⁵ Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Secció Zoologia i Antropologia Biològica, Universitat de Barcelona. Av. Diagonal, 643, 08028 Barcelona

⁶ IPHES, Institut Català de Paleoecología Humana i Evolució Social, C/ Marcel.lí Domingo s/n, Campus Sescelades URV (Edifici W3), 43007 Tarragona, Spain

⁷ Laboratorio de Evolución Humana, Área de Paleontología, Dpto. de Ciencias Históricas y Geografía, Universidad de Burgos, Edificio I+D+i, Plaza Misael Bañuelos s/n, 09001 Burgos, Spain.

⁸ Department of Cell and Developmental Biology, University College London, London, UK

142

Introduction

Knowing the total number of perikymata on the crown of a tooth is valuable when estimating enamel formation times [1]. Studies on enamel formation times and perikymata counts have often been carried out on relatively limited geographical modern human samples [2]. However, they have identified not only differences in the total number of perikymata between modern humans and Neandertals, but also it shows distinct patterns of enamel growth between populations [3]. Widening our knowledge of modern human variability of the total number of perikymata and the pattern of growth in crown height is clearly important.

Materials and methods

A broad sample of modern human unworn teeth were studied. They derive from either archaeological sites of the Iberian Peninsula or current modern human populations from Africa, Europe, South America, North America and Asia. In all cases environmental scanning electron microscopy (ESEM) was employed to obtain images of the surface of the teeth.

Results and discussion

We show that the total number of perikymata is remarkably variable among and between all the modern human populations studied. However, the growth-pattern across all geographic samples displays a common tendency. The first two deciles of the crown height contain a relatively low number of perikymata compared to the last deciles, where the density is relatively high.

References

- [1] FitzGerald CM, Rose JC. Reading Between the Lines: Dental Development and Sub-adult Age Assessment Using the Microstructural Growth Markers of Teeth. In: Katzenberg MA, Saunders SR, editors. Biological anthropology of the human skeleton. 2nd ed. Wiley Liss; 2008. pp. 237–263.
- [2] Reid DJ, Dean MC. Variation in modern human enamel formation times. *J Hum Evol.* 2006;50: 329–346.
- [3] Guatelli-Steinberg D, Reid DJ. What molars contribute to an emerging understanding of lateral enamel formation in Neandertals vs. modern humans. *J Hum Evol.* 2008;54: 236–250.

Condiciones tempranas de vida y calidad del envejecimiento

R. Baena, A.I. Mora Urda, P. Acevedo, MP Montero López

Comisión Docente de Antropología Física. Departamento de Biología. Facultad de Ciencias.

Universidad Autónoma de Madrid.

CD. Antropología Física. Dpto. Biología.

Facultad de Ciencias. Universidad Autónoma de Madrid

e-mail: pilar.montero@uam.es

Introducción: El envejecimiento de la población y las previsiones del incremento de enfermedades crónicas es un tema de creciente interés para la Biología Humana. Aunque se van acumulando evidencias, aún se sabe poco sobre el impacto de las malas condiciones de vida en etapas tempranas del ciclo vital sobre la salud de adultos mayores [1].

Objetivo: Valorar el impacto de las condiciones del pasado en la calidad del proceso de envejecimiento en nacidos durante la Guerra Civil Española y la Postguerra (entre 1936 y 1945) y en nacidos posteriormente.

Material y Métodos: 207 individuos de edades comprendidas entre 56 y 81 años ($68,98 \pm 4,88$) cuya participación fue voluntaria. Se recogieron datos antropométricos, de salud, socioeconómicos y de estilo de vida. Se realizó un análisis de Correspondencias Múltiples (ACM) con las variables enfermedades diagnosticadas (0, 1, 2, 3, 4 o más), salud percibida (*Muy buena, Buena, Regular, Mala*) y satisfacción con la vida (*Mucho, Bastante, Algo, Muy poco*). Las puntuaciones del Factor 1 (54,5% de variabilidad explicada), fueron consideradas como un indicador cuantitativo de calidad de envejecimiento. Una vez corregido por edad, se compararon sus valores entre los nacidos durante la Guerra Civil Española y Postguerra y los nacidos después.

Resultados: Los valores obtenidos para el indicador en los nacidos entre 1936 y 1945 fueron, mediana=-0,059 (P25=-0,14; P75=0,62) y para los nacidos después de 1945, mediana=0,264 (P25=0,22; P75=0,34) ($p < 0,001$).

Conclusión: Se observaron valores más bajos de calidad de envejecimiento en los nacidos durante la Guerra Civil y Postguerra, lo que indica una relación entre peores condiciones fetales y menor calidad de envejecimiento.

Agradecimientos: Dirección General de Universidades e Investigación. Comunidad de Madrid. Proyecto: Población, familia y envejecimiento en el mundo contemporáneo. Ref: H2015/HUM3321.

Referencias:

[1] M. McEniry. Early-life conditions and older adult health in low- and middleincome countries: a review. J Dev Orig Health Dis. 2013, February 4(1), 10–29.

Calidad de la alimentación y salud cardiovascular en escolares de la Comunidad de Madrid

AI. Mora-Urda, I. Ledesma, P. Acevedo, P. Montero

CD. Antropología Física. Dpto. Biología.

Facultad de Ciencias. Universidad Autónoma de Madrid

ana.mora@uam.es

Introducción: Estudios recientes han sugerido que la calidad de la grasa de la dieta está asociada con el aumento de la prevalencia de factores de riesgo cardiovascular (obesidad e hipertensión). El objetivo fue evaluar el efecto de la calidad de la grasa en la dieta sobre el estado nutricional, presión arterial y rigidez arterial en escolares.

Material y métodos: Estudio de diseño mixto, transversal y retrospectivo. La muestra está formada por 343 escolares de la Comunidad de Madrid con edades comprendidas entre los 8 y 11 años. Se recogieron medidas antropométricas y hemodinámicas: Peso (kg), Talla (cm), Índice de Masa Corporal (IMC), Porcentaje de masa grasa corporal (%MG), Presión Arterial Sistólica (PAS) y Diastólica (PAD), Presión Arterial Media (PAM) y Velocidad de onda de pulso a nivel carotideo-femoral (cfVOP) como indicador de rigidez arterial. Además de datos cuantitativos sobre todos los alimentos consumidos durante tres días, mediante encuestas de recuerdo alimentario de 24 horas y analizados con el programa DIAL®. Se han considerado como indicadores de calidad de la dieta: Porcentaje de energía consumida de ácidos grasos saturados (AGS), poliinsaturados (AGP) y monoinsaturados (AGM), colesterol (mg/1000kcal) y relación AGM +AGP/AGS.

145

Resultados: En los modelos de regresión realizados para IMC, %MG, PAS y cfVOP, el % AGM consumido es el único factor significativo en el modelo para el conjunto de la muestra, Para IMC ($\beta = -0,178$; $p=0,002$), para % MG ($\beta = -0,439$; $p=0,005$), PAS ($\beta = -1,476$; $p=0,002$), cfVOP ($\beta = -0,012$; $p=0,007$).

Conclusiones: Los niños y niñas con un mayor consumo de AGM tienen un mejor estado nutricional y menores valores de PAS y cfVOP, indicadores de rigidez arterial.

Agradecimientos: al Ministerio de Ciencia e Innovación por la financiación del proyecto “Estado nutricional durante el embarazo, peso al nacer y elasticidad arterial en niños y niñas” Ref: FEM2009-13434-C02-01 (I+D+i).

Diversity of the genomic regions of the NOS family genes in the Iberian Peninsula.

U Cereijo, MM Alvarez, R Carreras, P Moral

*Departament de Biología evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Facultat de Biología,
Universitat de Barcelona*

Located on the westernmost part of Europe, the Iberian Peninsula has experienced many migratory events that may have led to a genetic structuration of the populations. In this context, the genetic status of the Basques (a population of the north Iberian Peninsula) has constantly been put on debate and revised, with many surveys pointing to the genetic uniqueness of this populations but many other with opposite or incongruent results. Here, we assessed the genetic analysis of a wide set of fifteen populations from the Iberian Peninsula for a battery of SNPs located on three genomic regions related to the NOS family genes (non-neutral markers). We tested if there is a genetic geographical or cultural structuration within the Iberian Peninsula populations, the usefulness of non-neutral markers to reveal the genetic structuration and the effect of the imputation on these analyses. Our results revealed that no geographical or cultural genetic structuration could be associated with the distribution of these markers, but pointed, as many previous works, to the differentiation of two population from the other Iberian Peninsula populations, the Basques and the Pas valley population for two of the three genomic regions analyzed. Likewise, our results suggest that potentially non-neutral markers provide similar genetic information as the neutral ones and, as long as we can see, imputation does not provide a significant increase of the information provided from the genotyped battery of markers.

Modelización y caracterización de la capacidad tumorigénica en células linfoblastoides tratadas con Doxorubicina y radiación ionizante

Álex Navarro¹, Gemma Armengol¹, Joan Francesc Barquinero¹

¹ Unidad de Antropología Biológica, Departamento de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Biociencias, Universidad Autónoma de Barcelona, Barcelona,

anavarba30@alumnes.ub.edu

El uso de fármacos y la aplicación de radiaciones ionizantes como tratamientos quimioterapéuticos y radioterapéuticos aumenta considerablemente la supervivencia de los pacientes diagnosticados con neoplasias primarias. Por otro lado, estudios previos han documentado que el uso de estos agentes puede inducir la aparición de leucemias secundarias llamadas Neoplasias Mieloides relacionadas con la Terapia (t-NM), en concreto la formación de Leucemias Mieloides Agudas (AML). Detectar la transformación que las células humanas de la línea mieloide experimentan cuando se exponen *in vitro* a estos agentes puede ayudar a establecer nuevas perspectivas en el uso de las terapias actuales para combatir ciertos tipos de cáncer. El objetivo principal de este estudio es modelizar el proceso por el cual las células adquieren capacidad carcinogénica cuando se exponen separadamente a la Doxorubicina, un agente inhibidor de la Topoisomerasa II utilizado ampliamente para tratar un gran espectro de tumores, así como a altas dosis de radiación ionizante. Para obtener las dosis óptimas de radiación con las que tratar las células, primariamente, se han realizado 3 réplicas del ensayo de viabilidad MTT a dosis de 1, 3, 5 y 7 Grays (Gy). Respecto el fármaco, también se han realizado 3 réplicas a concentraciones de 1 µM, 500 nM, 250 nM, 125 nM, 63 nM, 31 nM, 16 nM, 8 nM i 4 nM. Tras analizar los resultados se han seleccionado las dosis de 5 Gy y 7 Gy para el tratamiento con radiación y las de 250 nM y 30 nM para el tratamiento con Doxorubicina. Después de cultivar durante 10 semanas las células, se ha utilizado el ensayo clonogénico en agar con la intención de detectar la transformación de células sanas en células malignas. Este ensayo se basa en la capacidad de una única célula para crecer de forma ilimitada y formar una colonia en agar.

Malnutrición y pobreza estructural. Un estudio comparativo de dos cohortes de escolares de Puerto Madryn (Chubut, Argentina)

B. Navazo ^{1,2}, S.L. Dahinten ^{2 3,4}, E.E. Oyhenart ^{3 1,2}

1 Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias (FCV), UNLP- CCT La Plata, CONICET. Calle 60 y 118 s/n, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

2 Cátedra de Antropología Biológica IV, Facultad de Ciencias Naturales y Museo (FCNyM), Universidad Nacional de La Plata (UNLP). Calle 64 N°3, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

3 Instituto de Diversidad Austral (IDEAus-CONICET); Boulevard Almirante Brown 2915, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

4 Facultad de Ciencias Naturales (FCN), Universidad Nacional de la Patagonia (UNSJB). Boulevard Almirante Brown 3051, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

Objetivo: Estimar el estado nutricional de dos cohortes de niños concurrentes a escuelas de barrios con diferentes Necesidades Básicas Insatisfechas (NBI) de Puerto Madryn (Chubut, Argentina).

148

Material y Métodos: Se midieron peso y talla en dos cohortes (C) de niños de 6 a 11 años asistentes a escuelas ubicadas en 7 barrios. La C1 (n=2040) fue relevada entre 2001-2006, y la C2 (n=1696) entre 2014-2016. Se calculó el IMC (IMC=Peso/Talla²). Se emplearon los puntos de corte de la OMS para determinar: bajo IMC ($z < -2$), baja talla/edad ($z < -2$), sobrepeso ($z > 1$ y $z \leq 2$) y obesidad ($z > 2$) y se calcularon sus prevalencias. Cada escuela fue referenciada al barrio donde se emplazaba. Para estimar la pobreza estructural se extrajeron los porcentajes de NBI de los censos nacionales 2001 y 2010. Se empleó Chi² para comparar las prevalencias de estado nutricional entre cohortes y categorías de NBI.

Resultados: La cantidad de barrios discriminados por porcentajes de NBI fueron: tres de 0 a 10%, dos de 10 a 25% y uno de 25 a 50%, sin variación entre los años 2001-2010. En otro barrio en cambio, las NBI aumentaron de 25 a 50% a >50%. Al evaluar el estado nutricional de los niños se encontraron diferencias significativas para obesidad en la mayoría de las escuelas y para baja talla/edad y sobrepeso sólo en una. La comparación C1-C2 indicó sólo diferencias significativas en la prevalencia de obesidad.

Conclusión: Desde hace 10 años los barrios de Puerto Madryn conservan, en su mayoría, los niveles de pobreza estructural. No ocurre lo mismo con el estado nutricional de los niños: las prevalencias de desnutrición crónica se mantienen o descienden, en cambio las de obesidad aumentan distribuyéndose homogéneamente en los barrios. El análisis efectuado permite evaluar transformaciones del contexto de residencia de la población e identificar los grupos vulnerables.

Estudio comparativo del estado nutricional de niños residentes en la provincia de Buenos Aires (Argentina), en el contexto de la transición nutricional

E.E. Oyhenart^{1,2}; M.L. Bergel Sanchís²; M.F. Torres^{2,3}; L.E. Castro¹; F.A. Quintero^{1,2}; M.A. Luis¹; M.E. Luna¹; B. Navazo^{1,2}; M.C. Fucini^{2,4}; M.F. Cesani^{1,2}

¹Cátedra de Antropología Biológica IV. Facultad de Ciencias Naturales y Museo. Universidad Nacional de La Plata. Calle 64 N°3. La Plata. Buenos Aires. Argentina

²Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET). Facultad de Ciencias Veterinarias (FCV), UNLP- CCT La Plata, CONICET. Calle 60 y 118 s/n. La Plata. Buenos Aires. Argentina

³Facultad de Filosofía y Letras. Universidad de Buenos Aires (UBA). Puán 480 4ºPiso of. 407. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina

⁴Facultad de Odontología. Universidad Nacional de la Plata. Calle 50 entre 1 y 115. La Plata. Buenos Aires. Argentina

Objetivo: Analizar la variación del estado nutricional en poblaciones infanto-juveniles residentes en cuatro partidos de la provincia de Buenos Aires considerando las condiciones ambientales intra y peri-domiciliarias y socio-económicas familiares.

Metodología: Se realizó un estudio antropométrico transversal en 7875 escolares de 4-12 años de edad de los partidos de La Plata, Brandsen, Magdalena y Punta Indio. Se relevaron peso corporal y talla y se calculó el índice de masa corporal (IMC). Se determinó: Bajo Peso/Edad (BPE), Baja Talla/Edad (BTE), Bajo IMC (BIMC), Sobrepeso (S) y Obesidad (O), empleando la referencia OMS. Se relevaron características ambientales mediante encuestas autoadministradas y, a fin de reducir esta información, se realizó análisis de componentes principales (cat-PCA). Para estimar diferencias socio-ambientales y de estado nutricional se calcularon frecuencias por partido y aplicó Chi².

149

Resultados: Se registró: 4.0% BTE, 1.2% BPE, 0.8% BIMC, 21.1% S y 11.4% O. Las mayores prevalencias de BTE y BPE correspondieron a Magdalena (6.7% y 3.9%, respectivamente), de sobrepeso a La Plata (22.2%) y de obesidad a Punta Indio (14.1%). El cat-PCA indicó que las variables que más aportaron a la diferenciación de los partidos fueron: nivel educativo de los padres, modos de acceso al agua para consumo y eliminación de excretas. Las familias del partido de Punta Indio presentaron las mejores condiciones de saneamiento, infraestructura y nivel socio-económico y las de Brandsen las menos favorables.

Conclusión: El estado nutricional infanto-juvenil se vincula con las condiciones socio-ambientales de residencia, especialmente con el nivel de instrucción alcanzado por los padres y las condiciones de saneamiento en las que viven las familias. Su variabilidad, a nivel provincial, da cuenta que estas poblaciones se ubican en diferentes etapas del proceso de transición nutricional. Si bien el sobrepeso y la obesidad superan ampliamente a la desnutrición, ésta sigue siendo un problema vigente en las localidades de Buenos Aires.

In vitro modeling of carcinogenesis after radiotherapy or chemotherapy

M.A. Pérez-Amor¹, G. Armengol¹, J.F. Barquinero¹

¹Unit of Biological Anthropology, Department of Animal Biology, Plant Biology and Ecology, Faculty of Biosciences, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Catalonia, Spain,

miguelangelpeam@gmail.com

Secondary leukaemia is the term used to describe the appearance of leukaemia after environmental, occupational or therapeutical exposure to chemical products or radiation. The main focus of the present study is therapy related secondary leukaemia, aiming to establish an in vitro model of leukemogenesis after ionizing radiation (IR) or chemotherapy treatment. The ionizing radiations employed were γ -rays, and the chemotherapy agent was Busulfan, an alkylating agent. First, radiation dose and Busulfan concentration were decided after performing MTT (3-(4,5-dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyltetrazolium bromide) cell viability assays using several doses of IR (ranging from 1 Gy to 7 Gy) and concentrations of busulfan (from 8 μ M to 1 mM), selecting those that showed a cell survival between 50% and 60%. The selected doses and concentrations were 5 Gy, 7 Gy, 30 μ M and 100 μ M. Two lymphoblastoid cell lines (LCL) suspension cultures were treated with ionizing radiation and another two with Busulfan. All cultures were maintained for 10 weeks with periodical culture medium changes every three days. After 10 weeks, clonogenic assay on soft agar was performed to test for tumoral transformation. Clonogenic assay is based on the ability of a single cell to grow into a colony (testing every cell in the population for its ability to divide unlimitedly) in soft agar, a viscous fluid where only cells that have undergone transformation can grow.

The pectoralis abdominis muscle in hominoid primates

JM. Potau¹, A. Casado¹, M. Gómez¹, J. Arias-Martorell¹, G. Bello-Hellegouarch¹, M. Barbosa²,
F. de Paz², JF. Pastor²

¹ Unit of Human Anatomy and Embryology, University of Barcelona, Barcelona, Spain.

² Department of Anatomy and Radiology, University of Valladolid, Valladolid, Spain.

Introduction: The pectoralis abdominis is a muscle derived from the pectoralis major that could be observed in different primate species. The literature indicate that pectoralis abdominis is absent as a separate muscle in chimpanzees and orangutans, it is inconstant in gibbons and it is constant in gorillas (also named pectoralis quartus). In gorillas the pectoralis abdominis originates from the ribs and obliquus externus abdominis fascia and inserts in the coracoid process of the scapula. In humans the pectoralis abdominis is generally absent, but it can be present as a variation. In this case, its presence has important clinical implications.

Material and methods: The pectoral region of two gibbons, three orangutans, two gorillas and five chimpanzees were dissected. All the primates came from the Museum of Anatomy of the University of Valladolid. Also, we dissected the pectoral muscles of five humans for comparative purposes. These humans came from the Anatomy and Embryology Unit of the University of Barcelona.

151

Results: We observed the presence of well differentiated pectoralis abdominis in one gibbon, three orangutans, two gorillas and in two chimpanzees. In the gibbon, orangutans and chimpanzees the pectoralis abdominis inserted on the tendon of the pectoralis major, while in gorillas it inserted on the coracoid process of the scapula. In humans the pectoralis abdominis was observed as a variation in one individual in which it inserted in the tendon of the short head of biceps bachii, near the coracoid process.

Conclusions: The pectoralis abdominis is a practically constant muscle in orangutans and gorillas and it can be observed as a variation in gibbons, chimpanzees and humans. In the case of humans its presence has important clinical implications.

This study was supported by the Ministerio de Economía y Competitividad of Spain (project CGL2014-52611-C2-2-P).

Alternativas para el análisis de adiposidad en atletas elite de natación adaptada

C. Ramos-García^{1,2}, C. Herrera-Amante^{1,2}, A. Enríquez Márquez¹, C. Ruiz-Zepeda,
N. Sandoval Miramontes¹

¹ Centro Universitario de Tonalá - Universidad de Guadalajara, cesar.ramos@cutonalaj.udg.mx

² Instituto Iberoamericano de Ciencias del Deporte y el Movimiento Humano IIICDEM

Introducción: El deporte adaptado está enfocado en los intereses y capacidades de las personas con condiciones limitantes (1). En el deporte adaptado es necesario utilizar métodos antropométricos alternativos que permitan evaluar a la totalidad de esta población, como podrían ser los pliegues cutáneos submandibular y de mejilla (2).

Material y métodos: Se evaluaron 15 atletas elite de natación adaptada, utilizando el protocolo ISAK. Se crearon 4 proformas de acuerdo a su funcionalidad morfológica: a) en pie con brazo funcional; b) en pie sin brazo funcional; c) sentado con brazo funcional; d) sentado sin brazo funcional. Se obtuvo el Índice de Masa Corporal (IMC) y se utilizaron las fórmulas de Durnin y Womersley (3) para densidad corporal, y Siri (4) y Ordoñez (2) para % de grasa corporal, así como el perímetro de cuello y los pliegues submandibular y de mejilla como indicadores de adiposidad.

152

Resultados: Se encontró una asociación entre las fórmulas de Durnin y Womersley y Ordoñez ($R^2=0.863$), entre el perímetro de cuello y el IMC ($R^2= 0.653$), entre el pliegue de mejilla y el submandibular ($R^2=0.774$), así como entre el pliegue de mejilla y la fórmula de Durnin y Womersley ($R^2= 0.574$), ($p>0.001$).

Conclusión: La correlación entre el porcentaje de grasa por Siri, obtenido a partir de la densidad corporal de Durnin y Womersley, y el porcentaje de grasa de Ordoñez, nos invita a seguir utilizando esta última para la evaluación de la adiposidad en esta población. La correlación entre los pliegues de mejilla y submandibular y ambas fórmulas, nos ofrece variables alternativas, poco invasivas y disponibles en caso de imposibilidad de medir otros pliegues, lo cual es muy común en esta población.

Referencias:

1. JP Tejero, et al. La Actividad Física Adaptada para personas con discapacidad en España: perspectivas científicas y de aplicación actual. Calle Libr. 2012;7:213–24.
2. FJ Ordoñez, et al. Ecuación Predictora de Masa Grasa Corporal en Deportistas con Lesión Medular Crónica: Estudio Piloto. Int J Morphol. Sociedad Chilena de Anatomía; 2014;32(1):261–6.
3. Durnin & Womersley. (1974). Body fat assessed from total body density and its estimation from skinfold thickness: measurements on 481 men and women aged from 16 to 72 years. British journal of nutrition, 32(01), 77-97.
4. Siri WE (1961): Body Composition from fluid spaces and density: Analysis of methods. In: Techniques for Measuring Body Composition, eds. J Brozek, A Henschel, pp 223 - 244. Washington DC: National Academy of Science

X-chromosome Alu Insertions in Bahía Blanca (Argentina): assessment of population information from varied genetic markers and usefulness of X-chromosome markers to trace sex-biased parental contributions

M. Resano Fantino¹, D. Zanetti¹, M. Esther. Esteban^{1,2} and P. Moral^{1,2*}

1Unitat d'Antropologia, Departament de Biología Evolutiva, Ecología i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain. Avda. Diagonal, 645. 08028-Barcelona, Spain

Phone: +34 934 021 461; Fax: +34 934 035 740; e-mail: m.resano@ub.edu

2Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBio), Universitat de Barcelona, Diagonal, 645. 08028-Barcelona, Spain

Introduction: Bahía Blanca is an urban city in a historically and geographically strategic place for the mixture of different populations in Argentina. In the present study, ten *Alu* elements from the X-chromosome are analysed in order to characterise the genetic composition of the city's population, to compare it with other worldwide populations, and to explore the usefulness of X-chromosome markers for human population genetics purposes.

Materials and Methods: Ten X-chromosome *Alu* markers were genotyped in a sample of 132 individuals from the city of Bahía Blanca. X-chromosome *Alu* results in Bahía Blanca are compared with eight different populations from Africa, Europe and America.

153

Results: In the Bahía Blanca sample, seven out of ten *Alu* insertion frequencies are polymorphic. The genetic distance analysis indicates that the Bahía Blanca sample is closer to the European and North African samples (average distances 0.106 and 0.113) than to the Native American (0.163) and Sub-Saharan African samples (0.247). Genetic relationships as depicted through Multidimensional Scaling (MDS) illustrate the intermediate position of Bahía Blanca compared with groups in other regions (European, Native American and African). Admixture results of the Bahía Blanca sample for X-chromosome markers indicate similar proportions of Native American (0.472) and European parental contributions (0.479), and a minor Sub-Saharan African contribution (0.049).

Conclusions: The results of this study show a higher Native American and Sub-Saharan African contribution in comparison to the previous study from autosomal *Alu* markers. The present results support the latest studies of Argentinian populations where the Native American contribution from either mtDNA or *Alu* markers is higher than previously thought. Although further studies on X-chromosome variation are desirable for a definite reconstruction of the admixture history of Argentin-

ian populations, our results indicate the usefulness of the X-chromosome to reveal differences in demographic histories, migration, and breeding patterns of females and males.

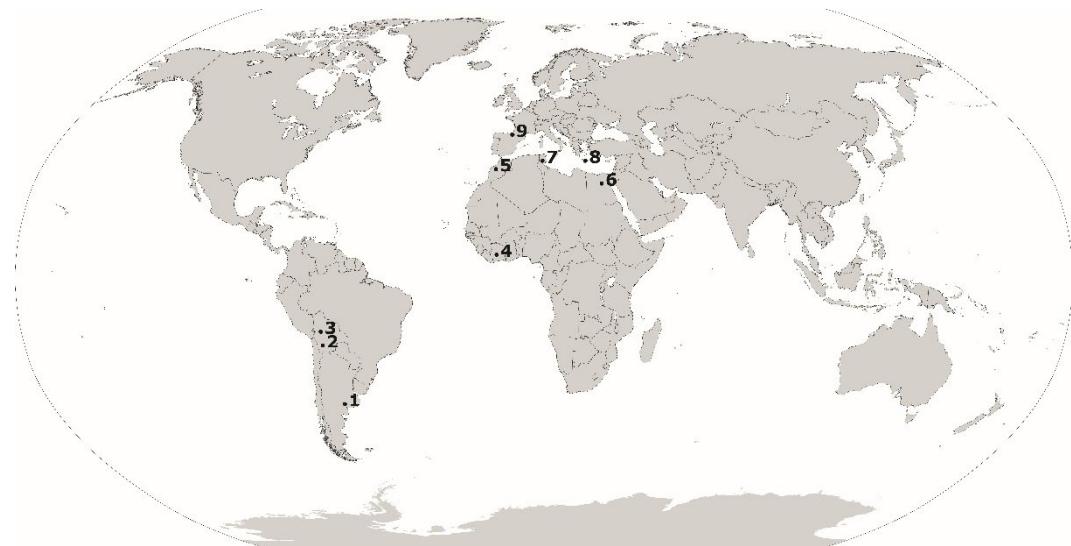


Figure 1: Geographical location of the populations included into the analysis. 1) Bahía Blanca, Argentina; 2) Quechua, Bolivia; 3) Aymara, Bolivia; 4) Ivory Coast; 5) High Atlas, Morocco; 6) Siwa Oasis, Egypt; 7) Tunisia; 8) Crete, Greece; 9) Basque Country, Spain.

154

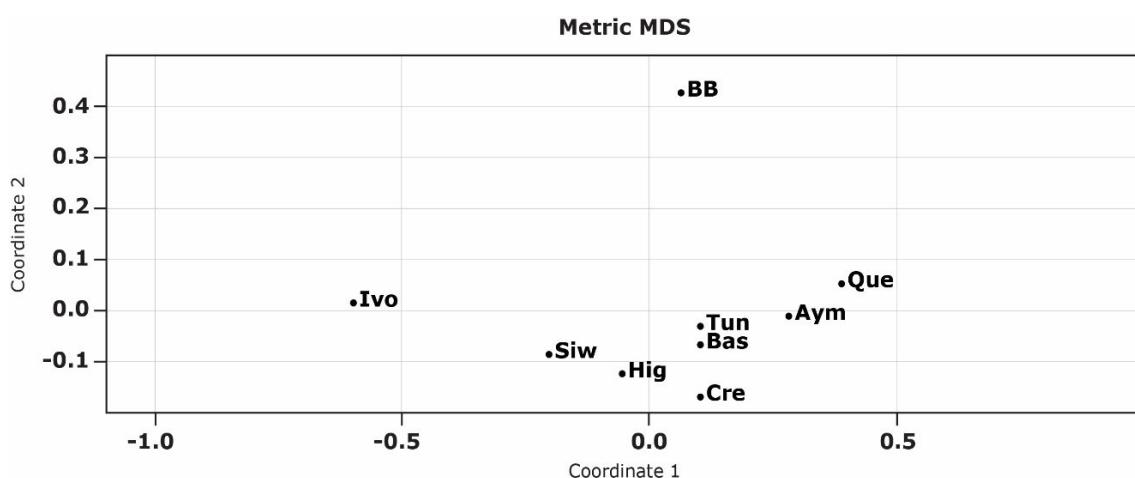


Figure 2: Multidimensional Scaling. Stress 0.009

Abbreviations: BB: Bahía Blanca, Argentina; Que: Quechua, Bolivia; Aym: Aymara, Bolivia; Ivo: Ivory Coast; Hig: High Atlas, Morocco; Siw: Siwa Oasis, Egypt; Tun: Tunisia; Cre: Crete, Greece; Bas: Basque Country, Spain.

ADMX 2.0 for Bahía Blanca population	ALU autosomal markers	ALU X markers
Contribution of parental population (EUROPEAN): mY1	0.8142	0.4790
Contribution of parental population (AMERINDIAN): mY2	0.1858	0.4717
Contribution of parental population (AFRICAN): mY3	0.0000	0.0491

Table 1: ADMIX results for Bahía Blanca: Admixture population proportions and comparison between Alu X and autosomal Alu markers. Parental 1: EUROPEAN (Basque Country and Crete). Parental 2: AMERINDIAN (Quechua and Aymara). Parental 3: AFRICAN (Ivory Coast).

Estudio de la variabilidad de los deltas (o trirradii) dactilares en población inmigrante en España

N. Rivaldería^{1,4}, N. Expósito^{2,4}, F.J. Gómez-Herrero^{2,4}, R.M. Juanino^{2,4}, R. Cruz^{2,4}, L.E. Hernández-Hurtado^{3,4}, M.A. Fernández-Peire^{3,4}, J.L. Rodríguez-Villalba^{3,4}, R.E. Morillo^{3,4}, E. Gutiérrez-Redomero^{1,4}

¹Dpto. Ciencias de la Vida, U.D. Antropología Física. Facultad de Biología, Ciencias Ambientales y Químicas. Universidad de Alcalá. 28805, Alcalá de Henares (Madrid). noemi.rivalderia@uah.es

²Dpto. Identificación del Servicio de Criminalística de la Guardia Civil. Madrid.

³Unidad Central de Identificación. Comisaría General de Policía Científica. Madrid.

⁴Instituto Universitario de Investigación en Ciencias Policiales. Universidad de Alcalá.

El objetivo de este trabajo fue estimar las frecuencias de los diferentes tipos de deltas (o trirradii), así como evaluar sus diferencias intra e interpoblacionales.

Las muestras fueron obtenidas a partir de los archivos de la Comisaría General de Policía Científica y del Servicio de Criminalística de la Guardia Civil en Madrid. Las impresiones dactilares de 400 individuos varones de cuatro países (100 individuos de origen chino, 100 colombianos, 100 nigerianos y 100 rumano), fueron seleccionadas y digitalizadas para su estudio, lo que permitió analizar estadísticamente 4.000 impresiones dactilares. La identificación de los tipos de delta (o tirradio) se basó en la clasificación utilizada por la Policía Científica Española, formada por 24 tipos, agrupados en cuatro categorías principales: hundidos blancos (H), hundidos punteados (H(p)), trípodes cortos (Tc) y trípodes largos (Tl).

155

Los resultados obtenidos mostraron que las frecuencias obtenidas, dentro de cada una de las poblaciones, para cada uno de los tipos de delta evaluados ponen de manifiesto la no equiprobabilidad de las mismas ($p<0,001$), presentando el tipo Hat (20,19%) la mayor frecuencia en todas las poblaciones, seguidos por Tl (14,50%) y el Hat(p) (12,53%). Además, se encontró una dependencia significativa entre los tipos de delta y las cuatro poblaciones, de manera que los individuos de origen chino se asociaron con el tipo de delta Has(p), los colombianos con el tipo Hat, los rumano con el tipo Tl y los de origen nigeriano con los deltas Hct ($\chi^2=505,36$ gl=119 $p<0,0001$).

Así, los resultados obtenidos en este trabajo ponen de manifiesto, por primera vez, que la frecuencia con la que aparecen los distintos tipos de deltas difiere significativamente entre las distintas poblaciones estudiadas. Por lo tanto, esta variabilidad podrá ser tenida en cuenta en el proceso de identificación, a partir de los cotejos dactiloscópicos, realizados por todos los servicios de Criminalística.

Subadultos en el mundo púnico: El ejemplo de dos necropolis sardas

Consuelo Rodriguez¹, Clizia Murgia², Francesca Biscu³, Vittorio Mazzarello⁴,
M. Eulàlia Subirà⁵.

¹ *Unitat d'Antropologia Biològica, Dpt. Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra,
consuelorodriguez80@yahoo.it*

² *Unitat d'Antropologia Biològica, Dpt. Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra,
cliziamurgia@yahoo.it*

³ *Departamento de Ciencias Biomedicas, V.le San Pietro 43, 07100 Sassari,
frabiscu@gmail.com*

⁴ *Departamento de Ciencias Biomedicas, V.le San Pietro 43, 07100 Sassari,
vmazza@uniss.it*

⁵ *Unitat d'Antropologia Biològica, Dpt. Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia,
Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra,
eulalia.subira@uab.cat*

Se propone confrontar los métodos de enterramiento de dos sitios diferentes de Cerdeña, con material arqueológico entre V y II siglo a.C., enfocándose sobre todo en la presencia de individuos subadultos.

156

Los materiales analizados proceden de una tumba hipogea de la necrópolis de Villamar (OR), sur de Cerdeña, y de sepulturas encontradas en el sitio de Sa Prisone Ezza – Castillo en Macomer (NU), centro-oeste de Cerdeña.

Los clásicos métodos morfológicos y métricos fueron utilizados para obtener informaciones preliminares sobre edad [1,4,5,6,9,10,11,12,13,14,18,20] y sexo [1,9,15,17,21] al fin de obtener el NMI [22], y patologías [2,3,7,8,16,19].

En el ejemplo de la Tumba 16 de Villamar, utilizada entre los siglos IV-II a.C., es evidente un claro predominio de individuos subadultos en comparación con los adultos, 18 individuos de los 26 enterrados. Interesante es el alto porcentaje de sujetos en la etapa fetal (30,77%) y Infantil I (30,77%) de los que uno solo encontrado en conexión anatómica.

En Macomer unos primeros análisis del material óseo proporcionan un NMI 53, con una débil prevalencia de 27 subadultos, frente 26 adultos (16,98% fetal, 24,52% Infantil I, 7,54% Infantil II, 1,88% Juvenil). Únicamente se ha podido establecer conexión anatómica por el ID 2039 debido a la ausencia de un especialista en el ámbito-anatómico esquelético en la excavación.

Desde el punto de vista del tratamiento de los cuerpos es evidente que dentro de la Tumba 16 los huesos estaban dispersos sin ningún orden aparente, así como en las sepulturas de Macomer, sin un espacio reservado para los sujetos subadultos. Parece razonable que las sepulturas se decidieron teniendo en cuenta la pertenencia al mismo grupo familiar, hipótesis que necesita ser profundizada a través de análisis genéticos y tal vez de otros sitios.

Referencias

- [1] ACSÁDI G., NEMESKÉRI J., *History of human life Span and mortality*, Budapest, Akadémiai Kiadó, 1970.
- [2] ARCUDI, G., MARELLA G.L. *Principi di patologia e antropologia forensi*. Aracne Editrice. 2006
- [3] AUFDERHEIDE A.C., RODRIGUEZ-MARTINEZ, C., LANGSJOEN O., *Cambridge Encyclopedia of Human Paleopathology*, Cambridge University Press, 2011.
- [4] BLACK, S.M.; SCHEUER, J.L , Age Changes in the Clavicle: from the Early Neonatal Period to Skeletal Maturity. *International Journal of Osteoarchaeology* 1996, vol.6, pp.425-434.
- [5] BROOKS S.T., SUCHEY J.M., *Skeletal Age Determination Based on the Os Pubis: a comparison of the Acsàdi-Nemeskéri and the Suchey Brooks method*, «Human evolution», 1990, 5.3, 227-238.
- [6] BROTHWELL D.R., *Digging Up Bones*, Ithaca, Cornell University Press, 1981.
- [7] CAMPILLO D., *Paleopatología. Los primeros vestigios de la enfermedad*, primera parte, Fundación Uriach 1838, Barcelona. 1993.
- [8] CAPASSO L., *L'origine delle malattie*, Marino Solfanelli Editore, 1985.
- [9] FEREMBACH, D., SCHWIDETZKY, I., STLOUKAL, M., Recommendations for age and sex diagnosis of skeletons. *Journal of Human Evolution* 1980, 9, 517-549
- [10] LOVEJOY C.O., MEINDL R., MENSFORTH R.B., *Multifactorial Determination of Skeletal Age at Death: A method and blind tests of its accuracy*, «American Journal of Physical Anthropology», 1985, 68, 1-14.
- [11] LOVEJOY C.O., MEINDL R., PRZYBECK T., MENSFORTH R., *Chronological Metamorphosis of the Auricular Surface of the Ilium: A new Method for the Determination of Adult Skeletal Age at Death*, «American Journal of Physical Anthropology», 1985, 68, 15-28.
- [12] MARESH M., *Linear Growth of long bones of extremities from infancy through adolescence*, «American Journal od Disease in Child» 1955, 89, 725-742.
- [13] OLIVIER G., *Pratique anthropologique*, Paris, 1960.
- [14] PEARSON K., *A study on the long bones of the English skeleton I: the femur*. University of London, Dept. Of Applied Statistics, Biometric Series X, 1917-1919.
- [15] PHENICE T., *A newly developed visual method of sexing in the os pubis*, «American Journal of Physical Anthropology», 1969, 30 (2), 297–301.
- [16] RUBINI M., *Elementi di paleopatologia*, atlante, CISU, 2008.
- [17] SAUTER M., PRIVAT F., *Sur un nouveau procédé métrique de détermination sexuelle du bassin osseaux*, «Bullettin Société Suisse Anthropologie Ethnologie», 1955, 31, 60-84.
- [18] SCHAEFER M., BLACK S., SCHEUER L., *Juvenile Osteology. A Laboratory and Field Manual*, Elsevier, 2009.
- [19] SUBIRÀ M.E., ALESAN A., MALGOSA A., Cribra orbitalia y déficit nutricional. Estudios de elementos traza. Munibe 1992, 8, 153-158.
- [20] UBELAKER D., *Human Skeletal remains: excavation, analysis, interpretation*, Chicago: Aldine, 1989.
- [21] WALKER P., *Sexing skulls using discriminant function analysis of visually assessed traits*, «American Journal of Physical Anthropology», maggio 2008, 136, 1, 39–50.
- [22] WHITE T.D., FOLKENS P.A., *The Human Bones Manual*, Elsevier Academic Press, 2005.



Fig. 1 cráneo y mandíbula de subadulto, Macomer

158

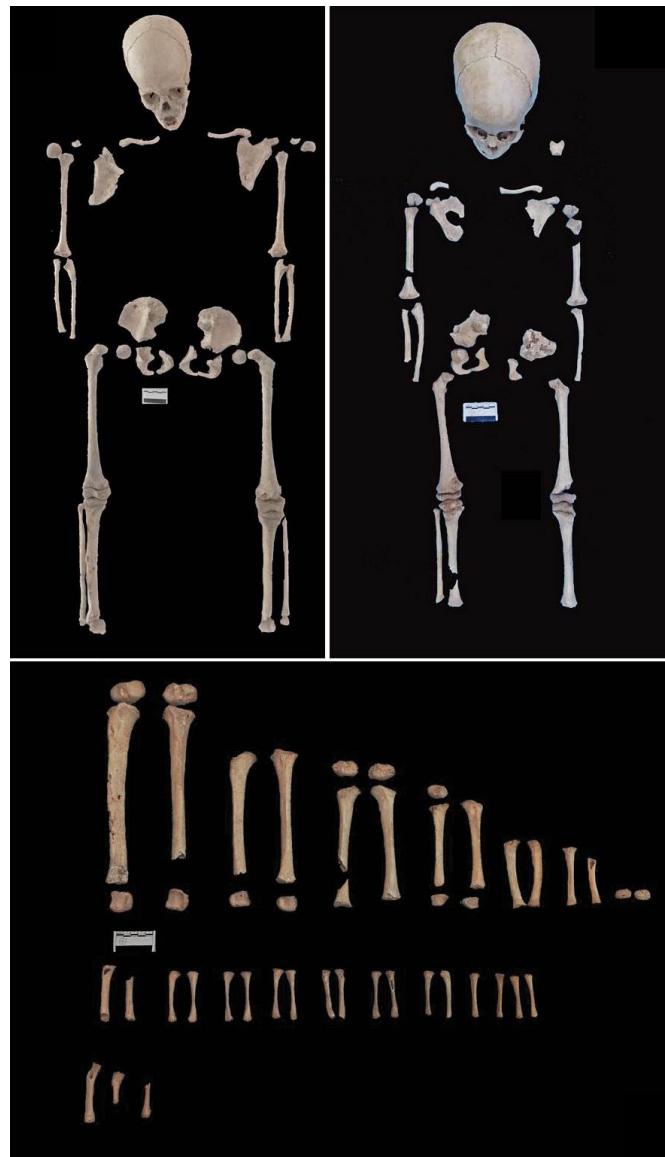


Fig. 2 Subadultos de Villamar

Movimientos internos históricos en la población peninsular española.

R. Rodríguez-Díaz¹, F. Manni², María José Blanco-Villegas¹

*1 Área de Antropología Física, Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología,
Universidad de Salamanca. Salamanca. Spain.*

2 National Museum of Natural History - Musée de l'Homme. Paris. France.

Introducción: La actual estructura de la población española puede ser leída como el resultado acumulado de las relaciones y los intercambios internos que se han producido durante siglos. El origen de los apellidos españoles entre el siglo IX y el XIII [1] y las recientes técnicas de análisis [2], permite emplearlos para analizar los movimientos poblacionales históricos [3].

Métodos: Se ha empleado una técnica de minería de datos (SOM) para representar los procesos demográficos históricos, concretamente los movimientos poblacionales históricos en el interior de la población peninsular española que han desembocado en la actual estructura poblacional [3]. La técnica permite la identificación de grupos de apellidos con un mismo origen y, a partir de ahí, analizar los movimientos históricos en el interior de la población española [2,3].

Resultados: En líneas generales parecería que los movimientos poblacionales han obedecido a un modelo de aislamiento por distancia. Sin embargo, un análisis más detallado muestra la existencia de centros de especial atracción (provincias con un atractivo histórico y económico de especial importancia) que han alterado este patrón.

Conclusiones: En síntesis estas alteraciones nos permiten distinguir cuatro tipos de provincias en función de la movilidad de su población.

- De aislamiento por distancia, en las que los movimientos de población responden al patrón esperable.
- Movimientos de corta distancia, son provincias en las que los movimientos de corta distancia tienen una importancia más alta de lo esperable.
- Movimientos de media distancia, hacia centros de atracción más alejados.
- Movimientos de larga distancia, sólo tienen relevancia entre las provincias de la periferia, los más importantes se producen entre las provincias del Sureste peninsular y el Norte-Oeste.

Por otro lado, el patrón geográfico dentro del que se producen estos movimientos es restringido, estos parones geográficos son los que han configurado la actual estructura de la población española.

Referencias

- [1] Faure R, Ribes MA, García A (2001) Diccionario de apellidos españoles. Madrid: Espasa-Calpe.
- [2] Manni F, Toupance B, Sabbagh A, Heyer E. 2005. New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling. Am J Phys Anthropol 126: 214-228.
- [3] Boattini A, Lisa A, Fiorani O, Zei G, Pettener D, Manni F. 2012. General Method to Unravel Ancient Population Structures through Surnames, Final Validation on Italian Data. Hum Biol 84: 235-270.

Nutritional status of under-five children in poor rural areas of East Guinea-Bissau.

Vítor Rosado-Marques^{1,3}; Ana Ross²

1- Faculty of Human Kinetics, University of Lisbon, Portugal;

2 – ISU- Institute of Solidarity and University Cooperation, Lisbon, Portugal;

3- Research Centre for Anthropology and Health, University of Coimbra, Portugal.

Aim: Guinea-Bissau is one of the poorest and most fragile countries in the world, ranking 178 out of 188 on the 2016 Human Development Index with 69% of the population living below income national poverty line. Poverty contributes to malnutrition, and children who are malnourished are much more susceptible to the infectious diseases which contributes to a high infant mortality rate (60/1000 live births).

The aim of this study is to assess the prevalence of undernutrition in a sample of under-five children living in East Guinea-Bissau.

160

Methods: The sample was composed of 738 children aged 0-5 years (395 boys and 342 girls) living in 10 “tabancas” (villages) of the Regions of Gabú and Bafatá. Fieldwork took place in two periods (Dec2014-Mar2015 and Apr-Jun2016). Procedures included height/length and weight using standardized techniques. Undernutrition was determined using the WHO Anthro software and data was analysed using the SPSS software, v. 23.

Results: General malnutrition was observed as follows: 28% of stunting, 21% of underweight and 11.3% of wasting. These values are higher than national ones, reflecting a high prevalence of food and nutritional insecurity in these regions.

Wasting increased in the period of 2016 compared to 2014-15 and there is an overall increase in malnutrition with age, with differences statistically significant in relation to stunting (21.5% vs 31.1%, 2014-15 and 2016, respectively).

Conclusions: Based on WHO criteria, the studied population showed higher prevalence of wasting and underweight and moderate prevalence of stunting, and there is an urgent need to create conditions to identify situations of malnutrition and food insecurity in these regions and work together with local organizations to improve the nutritional status of the communities.

Influencia de la salud mental y del estatus nutricional sobre las patologías musculoesqueléticas

R. Saludes¹ / P. Acevedo¹ / L. Alonso²

¹Universidad Autónoma de Madrid/ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias.

Rebeca.Saludes@estudiante.uam.es paula.acevedo@uam.es

²Gerencia de Atención Primaria de Toledo.

lalonsoh@sescam.jccm.es

Objetivo: El objetivo general de este trabajo es determinar la influencia de la salud nutricional y mental sobre la patología músculo-esquelética de la columna vertebral.

Material y métodos: La muestra está formada por 21.735 personas mayores de 15 años (52,9% mujeres). Los datos proceden de la Encuesta Europea de Salud en España (EESE) de 2014. Como indicadores de patología músculo-esquelética, se han considerado el diagnóstico clínico de dolor cervical y lumbar, y como indicadores de salud mental, el diagnóstico clínico de depresión y ansiedad. La salud nutricional se ha evaluado mediante el índice de masa corporal (IMC), según las categorías de normopeso (IMC < 25 kg/m²), sobrepeso (IMC entre 25 kg/m² y 29,99 kg/m²) y obesidad (IMC > 30 kg/m²). Se han aplicado análisis de regresión logística para evaluar el efecto de estas variables sobre el dolor cervical y lumbar, ajustando por sexo, edad, nivel educativo y ejercicio físico.

161

Resultados: El 20,5% de los sujetos analizados presentan dolor crónico lumbar, el 17,1% cervical, el 10,2% depresión y 8,5% ansiedad, diagnosticados clínicamente. El 16,9% presentan obesidad. Controlando el efecto del sexo, edad, nivel de estudios y de ejercicio físico, tanto el IMC como las variables de salud mental son predictivas del dolor de espalda. La ansiedad ha sido la variable de mayor riesgo frente al dolor cervical (OR= 2,48 IC95%= 2,14 - 2,80 p<0,001) y lumbar (OR= 2,25 IC95%= 1,98 - 2,56 p<0,001).

Conclusiones: Más del 20% de la población española mayor de 15 años tiene dolor crónico de espalda diagnosticado. Tanto el exceso ponderal como los problemas psicopatológicos (ambos de prevalencia creciente) son factores de riesgo de las patologías músculo-esqueléticas. Estas patologías deberían orientarse con terapia psicológica en los protocolos de salud, dirigiendo los casos desde atención primaria cuando se den de forma crónica e idiopática.

Palabras claves: Trastornos músculo-esqueléticos, patología vertebral, depresión, ansiedad, IMC.

Insights into South American population history through genome-wide characterization of Andean and Amazonian ethnic groups

S. Sarno¹, G.A. Gnechi Ruscone¹, S. De Fanti¹, L. Gianvincenzo¹, C. Barbieri², J.R. Sandoval³, R. Fujita³, T. Di Corcia⁴, C. Sanchez Mellado⁵, T.J. Davila Francia⁵, O. Rickards⁴, F. Sevini⁶, C. Giuliani¹, C. Franceschi⁶, Z.A. Franceschi⁷, H. Rangel-Villalobos⁸, A. Gonzalez-Martin⁹, P. Di Cosimo¹⁰, D. Gentilini¹¹, A. M. Di Blasio¹¹, D. Luiselli¹, M. Sazzini¹, D. Pettener¹

¹ Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di Bologna, Bologna, Italy

² Department of Linguistic and Cultural Evolution,

Max Planck Institute for the Science of Human History, Jena, Germany

³ Centro de Genética y Biología Molecular, Instituto de Investigación,

Universidad de San Martín de Porres, Lima, Peru.

⁴ Dipartimento di Biologia, Università di Roma “Tor Vergata”, Roma, Italy

⁵ Faculty of Intercultural Education and Humanity,

National Intercultural University of Amazon, Ucayali, Peru

⁶ Dipartimento di Medicina specialistica, diagnostica e sperimentale,

Università di Bologna, Bologna, Italy

⁷ Dipartimento di Storia Culture Civiltà, Università di Bologna, Bologna, Italy

⁸ Instituto de Investigación en Genética Molecular, Universidad de Guadalajara, Jalisco, Mexico

⁹ Departamento de Zoología y Antropología Física,

Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

¹⁰ Progetto Takesi, Dipartimento dei Beni Culturali, Università di Bologna, Ravenna, Italy

¹¹ Centro di Ricerche e Tecnologie Biomediche, Istituto Auxologico Italiano, IRCCS, Milano, Italy

162

Recent genome-wide studies on both modern and ancient DNA samples from the Americas have provided new information about the pre-history of Amerindian populations [1-2]. However, some specific aspects of the related peopling processes, especially as concerns migrations of South Americans after their split from northern lineages, still need to be addressed using fine scale data and dedicated analytical approaches.

In particular, differences between the Andes and Amazonia at both environmental and historical levels are supposed to have affected patterns of migration and admixture since the early Native American colonization up to the more recent population movements [3-5].

To explore the genetic sub-structure of Andean and Amazonian populations and to infer their demographic history and different ancestral contributions, we generated high-resolution genome-wide data (~700,000 SNPs) for 200 newly collected individuals belonging to 10 ethnic groups from Peru, Bolivia and Argentina (Figure 1). We then combined this dataset with an extended reference panel extracted from the literature to set it into the context of both continental and regional/local genomic variation.

Preliminary population structure analyses reveal the presence of distinct genetic components in Andean and Amazonian ethnic groups, coupled with limited traces of recent European admixture. We thus plan to apply fine-scale structuring approaches and methods for testing and dating admixture to explore recent east-west

interactions along the Andes-Amazonia divide, as well as to test specific hypotheses on the past routes of southward migration into the Andean highlands and Amazonian rainforest.

These new data integrate the already available population panels enabling to deepen our understanding on the peopling of South America and provide new insights into the local patterns of differentiation and admixture that shaped the genetic and cultural complexity of present-day Amerindian groups.



163

Figure 1. Geographic map showing the approximate sampling location of newly analyzed Andean (green), Amazonian and Grand Chaco (orange) populations.

References

- [1] M. Raghavan, M. Steinrücken, K. Harris, S. Schiffels, S. Rasmussen, M. DeGiorgio, A. Albrechtsen, C. Valdiosera, M.C. Ávila-Arcos, A.S. Malaspina, et al. *Science*, 2015, 349, aab3884.
- [2] P. Skoglund, D. Reich. *Curr. Opin. Genet. Dev.*, 2016, 41, 27-35.
- [3] D. Reich, N. Patterson, D. Campbell, A. Tandon, S. Mazieres, N Ray, M. Parra, W. Rojas, C. Duque, N. Mesa, et al. *Nature*, 2012, 488, 370-374.
- [4] P. Skoglund, S. Mallick, M.C. Bortolini, N. Chennagiri, T. Hunemeier, M.L. Petzl-Erler, F.M. Salzano, N. Patterson, D. Reich. *Nature*, 2015, 525, 104-108
- [5] J.R. Homburger, A. Moreno-Estrada, C.R. Gignoux, D. Nelson, E. Sanchez, P. Ortiz-Tello, B.A. Pons-Estel, E. Acevedo-Vasquez, P. Miranda, C.D. Langefeld, S. Gravel, M.E. Alarcón-Riquelme, C.D. Bustamante. *PLoS Genet*, 2015, 11, e1005602.

**Ora et labora
estudio de los restos óseos de una comunidad monástica femenina del
noroeste italiano de época bajo medieval**

L. Travan¹, P. Saccheri¹, C. Lai², G. Sabbadini³

¹DIME, Udine, Italia, luciana.travan@uniud.it

²CdL in Conservazione dei Beni Culturali, Udine, Italia

³DSM, Trieste, Italia

Objeto

En el presente trabajo se analizan los restos óseos de un grupo de monjas pertenecientes al monasterio denominado “Santa María in Valle”, ubicado en Cividale, una pequeña y antigua ciudad del noroeste de Italia. El objetivo del trabajo es determinar las características físicas de este conjunto de individuos que representan un grupo muy particular.

Material y Método

Se realizó el estudio antropométrico, paleopatológico y de los marcadores de estrés ocupacional de un total de 30 individuos, 19 adultas y 11 subadultos.

164

Resultados

En el grupo de adultas, la edad media de muerte resulta más elevada con respecto a la población no monástica. En el conjunto, los marcadores de actividad física están bien desarrollados y no se observan signos de déficit. En el 91% de los individuos evaluables se aprecian las facetas de Charles, en el 90% las facetas de acuclillamiento tibiales y en un caso se ha evidenciado una lesión osteocondral del cóndilo femoral; se trata de alteraciones tradicionalmente relacionadas con posturas que implican hiperflexión de la rodilla y la postura en cuclillas. En dos adultas se evidencian fracturas antes mortem consolidadas; alteraciones artrósicas se observan en la mayoría de las adultas. Una adulta y una joven presentan modificaciones bilaterales de las cabezas de los fémures y de los huesos coxales características de la luxación de cadera.

Conclusiones

Las monjas de Santa María in Valle eran mujeres de estatus social elevado, con un estilo de vida que incluía oraciones y trabajo pesado aunque, en el conjunto, más favorable que el de las mujeres de la población no monástica. Probablemente ingresaban en el monasterio también mujeres discapacitadas de familias aristocráticas, viudas con hijos pequeños y niñas destinadas a la vida monástica.

Dental topography of mesolithic and neolithic populations from the near east

L. Viñas¹, M. Alrousan², M. Molist³, A. Pérez-Pérez¹

¹ Depto. Biología Evolutiva, Ecología i Ciencias Ambientales,
Universidad de Barcelona. Av. Diagonal 643, 08028, Barcelona.

lauracristina.vinas@e-campus.uab.cat

² Dept. Anthropology, Irbid University, Jordania.

³ Depto. de Prehistoria, Universidad Autónoma de Barcelona.

Diversos estudios han sugerido que durante la transición del Mesolítico al Neolítico se produjo una reducción significativa del tamaño dental relacionada con los cambios en las estrategias alimentarias y el inicio de la economía productiva [1-3]. El objetivo del presente estudio es analizar la variación de la topografía dental y ver en qué momento se inicia este cambio, si es un proceso gradual o abrupto, y si los dichos cambios morfológicos se detectan también en las poblaciones transicionales de la Península Ibérica. La muestra analizada consiste en 110 dientes, incluye primeros y segundos molares tanto superiores como inferiores, sin evidencias de exposición de dentina y con poco o ningún desgaste del esmalte en las cúspides. Los dientes analizados proceden de yacimientos del Natufiense y Neolítico precerámico (PPN) del Próximo Oriente y del Mesolítico y Neolítico de la Península Ibérica. Los dientes seleccionados se escanearon con un escáner DAVID 3D a máxima resolución y las mallas de puntos obtenidas se orientaron con el programa *Meshlab* [4] y se recortaron por el punto más bajo de la corona y se uniformizaron las mallas a 10,000 polígonos con *Geomagic Studio v. 12* [5]. Con el programa *MorphoTester* se calcularon tres variables topográficas: DNE (curvatura), RFI (índice de forma de la corona) y OPCR (complejidad). Los resultados muestran una clara disminución de los valores de DNE y RFI desde las poblaciones más antiguas hasta las más recientes, lo que refleja un cambio gradual en la topografía dental. Estas poblaciones muestran una gran heterogeneidad en el tamaño y la complejidad de la topografía de los molares, probablemente debida al origen diverso de estas poblaciones. En la Península Ibérica las poblaciones mesolíticas muestran una gran variabilidad no asociada al modelo económico, mientras que las series neolíticas presentan un patrón derivado diferenciado del de las poblaciones anteriores.

165

Referencias

- [1] R. Pinhasi, V. Eshed, N. von Cramon-Taubadel, *Plos One*, 2015, 10(2), e0117301.
- [2] N. von Cramon-Taubadel, *PNAS*, 2011, 108(49), 19546-19551.
- [3] R. Pinhasi, C. Meiklejohn. *Human Bioarchaeology of the Transition to Agriculture*. R. Pinhasi & J. Stock Eds. Wiley-Liss, New York. 2011.
- [4] *Meshlab v. 1.3.3 ISTI-CNR Research Center*, U. of Pisa.
- [5] *Geomagic Studio 2014*. 3D Systems Rock Hill, SC, USA

PATROCINADORES



Sickle Cell Disease, genetic ancestry, and the fight against racism in the brazilian amazon

Silva, Ariana K L S¹; Silva, Hilton P²

¹ Graduate Program in Anthropology, Universidade Federal do Pará, Laboratório de Antropologia “Arthur Napoleão Figueiredo” – Cidade Universitária “José da Silveira Netto” – Rua Augusto Correa, 01 – Campus Universitário do Guamá – ZIP: 66075-900 – Belém – Pará – Brazil.

E-mail: arianabelem@gmail.com

² Graduate Program in Anthropology and Graduate Program in Public Health, Universidade Federal do Pará, Laboratory of Bioanthropological Studies in Health and the Environment, Cidade Universitária “José da Silveira Netto” – Rua Augusto Correa, 01 – Campus Universitário do Guamá – ZIP: 66075-900 – Belém – Pará – Brazil -

E-mail: hdasilva@ufpa.br

Sickle Cell Disease (SCD) is a genetic syndrome with significant prevalence among the Brazilian population, occurring in about 3.500 children per year. In Pará State, Amazon Region of Brazil, about 1% of individuals live with SCD. This represents a serious public health problem in the country [1,2,3]. SCD is problematized here from a biocultural perspective within the field of Bioanthropology [4,5]. In the Regional Blood Center, located in Belém, interviews, and blood samples of individuals affected with SCD were collected for Genetic Ancestry (GA) tests (Autosomal DNA). 60 individuals with SCD were investigated in relation to their GA, socioeconomic status, race/color, and clinical symptoms. The genetic results were presented and discussed with each participant. The majority of individuals present predominantly European aDNA (40.9%), followed by Amerindian (30.2%), and African (28.8%). Nevertheless, 83% of the participants classify themselves as “brown” or “black”. The majority of them indicate having suffered some form of racism along their lives as a consequence of SCD and their skin color, including discrimination in the health services facilities. Among the individuals, 66% live in poverty, and only 15% have some type of private health insurance, which limits their access to essential medical care. The clinical severity of the disease is being investigated for possible association with GA. SCD involves several vulnerabilities such as poverty, clinical complications, and racial prejudice. The GA test might be a useful tool for education as there is considerable misinformation about SCD, still associated exclusively to African populations. Thus, this may be yet another tool in the fight against racism. The GA test might also point out new therapeutic ways when considering the individualized information. This research willt help improve the quality of life, and generate useful health information for the development of specific public policies to those affected by SCD.

169

References

- [1] Cardoso, G. L. & Guerreiro, J. F. 2010. Molecular characterization of sickle cell anemia in the Northern Brazilian State of Pará. *American Journal of Human Biology*, (22): 573-577.
- [2] Naoum, P. C. 2010. *Origem e dispersão do gene bS: hipótese multi-regional da hemoglobina S*. Disponível em: <http://hemoglobinopatias.com.br/origem-e-dispersao-do-gene-bs/>. Acesso em: 03.Jan.2017.

- [3] _____. 2011. Sickle cell disease: from the beginning until it was recognized as a public health disease. *Revista Brasileira de Hematologia e Hemoterapia* 33(1): 07-09.
- [4] Silva, A. K. & Silva, H. P. 2013. Anemia Falciforme como experiência: as relações entre vulnerabilidade social e corpo doente enquanto fenômeno biocultural no Estado do Pará. *Amazônica, Revista de Antropologia* (Online) 5(1): 10-36.
- [5] Silva, A. K. 2015. O contexto epidemiológico e biosocial da doença falciforme no Estado do Pará, Amazônia, Brasil. *Revista da ABPN*, (7)16: 103-127.

Valoración de la Densidad Mineral Ósea (DMO) en función de algunas variables del ciclo reproductor femenino en población española > 50 años

T. Vaquero¹, C. Prado¹

¹ Universidad Autónoma de Madrid, ¹ Calle Darwin nº 2 (28049),

tamara.vaquero@predoc.uam.es, consuelo.prado@uam.es

Introducción

En la menopausia la alteración del tejido óseo se caracteriza por una merma de efectividad y un enrarecimiento tanto en su morfología como en su composición, con el consecuente cambio del contenido mineral. Las variables del ciclo fértil constituyen uno de los principales factores biológicos de riesgo de pérdida acelerada de masa ósea asociada a la función estrogénica.

Muestra y método

Se ha estudiado a 990 mujeres en etapa climatérica > 50 años, usuarias de la Unidad de Metabolismo óseo de la Fundación Jiménez Díaz de Madrid, siendo aprobado el estudio por el Comité Bioético del Centro.

A todas las mujeres incluidas en el estudio se les realizó una Densitometría en Columna Lumbar (CL) (media entre L2 y L4) y en Cuello Femoral (CF).

171

Resultados

Un 87,2% de la muestra presenta alteraciones en la DMO. La prevalencia de osteoporosis en CL es del 35%, del 15% en CF y de osteopenia 47% y 60% respectivamente.

La edad de menarquia se correlaciona negativa y significativamente con los valores de DMO en CL (-0,088 p=0,006) y CF (-0,144 p=0,000) y la edad de menopausia positiva y significativamente (CL: 0,073 p=0,025; CF: 0,069 p= 0,033).

Las mujeres cuyo cese fue natural y a una edad tardía presentan de media mayor DMO en CF y CL que a una edad temprana.

A medida que aumenta la duración del Periodo Reproductivo (PR) la DMO media aumenta de manera significativa en CL. Los picos máximos de DMO lo alcanzan tanto en CF como en CL las mujeres con PR superiores a 35 años.

Conclusiones

El presente estudio vincula el proceso de cambio óseo en la menopausia con la historia del ciclo reproductor y no sólo con la edad de menopausia y menarquia, también con el tipo de menopausia y la duración del PR, interesantes variables biológicas influyentes en la calidad ósea en esta etapa

La experiencia de treponematosis como una enfermedad infecciosa en mesoamérica. Estudio comparativo, algunas interpretaciones

Granados¹, Geraldine¹, Márquez¹, Lourdes²

¹ Escuela Nacional de Antropología e Historia¹ Periférico Sur y Zapote S/N

Isidro Fabela, Tlalpan, México 1 geraldine_granados@enah.edu.mx

² Escuela Nacional de Antropología e Historia², Periférico Sur y Zapote S/N

Isidro Fabela, Tlalpan, México 2 rlmorfin@gmail.com

La treponematosis como bien se sabe es una enfermedad infecciosa que se ha identificado en distintos continentes [1]. En un análisis distinto, más allá de señalar su presencia y la variante de treponematosis, este trabajo tiene como propósito analizar el contexto arqueológico en donde esta enfermedad se ha encontrado en Mesoamérica, profundizando sobre aspectos fundamentales de la antropología del cuidado y la vida cotidiana de las personas que viven con esta enfermedad.

172

Dentro de una de las casas del sitio arqueológico de Monte Albán se encontró el caso de una mujer que presenta las características de caries sicca, depositada al interior de un horno que había sido reutilizado para albergar el esqueleto. La metodología utilizada en este trabajo se divide en dos, el primer paso fue elaborar un diagnóstico paleopatológico diferencial [2], posteriormente se hizo una osteobiografía del sujeto, finalmente se realizó el análisis comparativo con otros contextos prehispánicos en donde se reporta la presencia de personas con estas características patológicas, para esta área cultural. Sólo pudimos encontrar 17 casos en México, tres del norte, siete de occidente y siete en el área conocida como Mesoamérica, la constante de estos contextos es que todos presentan un tratamiento particular, implicaciones que podrían estar relacionadas con el estado social del individuo donde los sujetos no sólo tienen una enfermedad sino que el estado de enfermedad también implica un estado social.

Referencias

- [1] Della Cook, Mary Lucas Powell, North American Treponematosis in overview, en The Myth of Syphilis. The natural history of Treponematosis in North America 2014.
- [2] Hackett, Diagnostic Criteria of Syphilis, Yaws, and Treponarid (Treponematoses) and Some Other Disease in Dry Bones (for Use in Osteo-Archaeology). Springer-Verlag. Berlín 1976.