

## ESTUDIO PRELIMINAR DEL NIVEL DE HIBRIDACIÓN DE CAMÉLIDOS DE ÉPOCA ROMANA Y MEDIEVAL EN EL SUR DE LA PENÍNSULA IBÉRICA Y NORTE DE ÁFRICA

Anaya<sup>1</sup>, G., Riquelme<sup>2</sup>, J., Molina<sup>1</sup>, A. y Garrido<sup>2</sup>, J.

<sup>1</sup>MERAGEM (AGR-158), Departamento de Genética, Universidad de Córdoba. <sup>2</sup>INREPA (HUM-262, Departamento de Historia, Universidad de Córdoba; \*b22ancag@uco.es

### INTRODUCCIÓN

La especie *Camelus* se divide actualmente en *Camelus bactrianus* L. (dos jorobas, originario de Asia central) y *Camelus dromedarius* L. (una joroba, originario de la Península Arábiga). Se estima que la domesticación del camello se llevó a cabo al final del II milenio a.C. y que la dispersión hacia occidente se asocia a los movimientos de la civilización romana desde su presencia en el próximo oriente. El cruce entre dromedario y bactriano es una práctica común que genera animales de gran porte y resistencia, y que ya empleaban los romanos para desplazamientos de larga distancia. En lo que se refiere al sur peninsular se han observado camélidos en yacimientos de época romana, aunque la mayoría de los hallazgos se concentran en época medieval cuando, bajo control árabe, la presencia de esta especie era más abundante. El presente trabajo tiene como objetivo estudiar el ADN antiguo (aDNA) de restos de camélidos de distintos yacimientos de épocas romana y medieval con el fin de detectar posible presencia de hibridación.

### MATERIAL Y MÉTODOS

En el presente estudio se analizaron 10 restos óseos de camélidos de 9 yacimientos distintos (4 de época romana, 5 de época medieval y 1 de época bizantina), pertenecientes al sur de la península ibérica (Acinipo, Maraute, Palmela, Cercadilla, Plaza Pineda, Jardines de la Agricultura, Joaquin Sama Naharro, PP O-7) y uno al norte de África (Ceuta). El preprocesado y la extracción de aDNA se realizó en el Laboratorio de ADN Antiguo y Paleo ADN del grupo de investigación MERAGEM (PAI-158), en colaboración con el grupo INREPA (HUM-262). Se generaron librerías de enriquecimiento de ADN (NEBNextUltra II FS DNA Library Prep Kit) y se realizó una secuenciación completa en el equipo Illumina NovaSeq 6000. Las secuencias brutas se alinearon con el genoma de referencia del dromedario (GCF\_000803125.2) y bactriano (GCA\_000767855.1) usando el programa bwa. Con el fin de hacer un estudio comparativo, se utilizaron secuencias de 3 dromedarios y 3 bactrianos modernos. Finalmente se analizó el nivel de mezcla de todas las muestras con el paquete de R, LEA.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La secuenciación masiva generó una media de 77 millones de lecturas brutas por cada muestra analizada con un elevado nivel de calidad (Phred Score > 30). Del total de secuencias provenientes de los restos óseos, únicamente un 20,90% de media se alinearon al genoma del Dromedario y un 19,55% de media se alinearon al genoma de Bactriano. Esto es así debido a que durante la extracción de aDNA, además del ADN del resto óseo se aísla el de los distintos microorganismos que han intervenido en el proceso de descomposición y degradación del hueso. El alineamiento con los dos genomas evidenció diferencias. La mayor parte de los restos se alinearon mayoritariamente al genoma de dromedario, salvo en el caso de los yacimientos de Cercadilla y plaza Pineda, datados entre los siglos I-II a.C. que se alinearon en mayor porcentaje al genoma de Bactriano. El análisis de la estructura de la población (K = 4) mostró un grado de mezcla entre dromedario y bactriano en 5 de los restos estudiados, mientras que el otro grupo de restos se estructuró en dos poblaciones independientes sin grado de mezcla. Esto podría indicar que los animales de varios de los yacimientos se corresponden a híbridos mientras que el resto podrían derivar de poblaciones puras.

### CONCLUSIÓN

Los resultados preliminares podrían confirmar que la práctica del cruce de dromedario y bactriano ya la habrían implementado los romanos en sus movimientos hasta la península ibérica. Profundizar más en otras regiones del genoma permitiría detectar el origen genético de estos animales ayudando a un entendimiento mayor de las rutas y movimientos realizados por las distintas civilizaciones que han habitado la península ibérica.

**Agradecimientos:** Este estudio ha sido financiado por fondos I+D+i FEDER de la J.A. 2014-2020 con el proyecto CAMEL. Contextualización histórica, Alimentación, Morfología, Estudio genético y Linaje a través de los restos óseos de camélidos recuperados en yacimientos arqueológicos del sur de la península ibérica (Ref. 1380946-F).