

HISTÓRIA

COLEÇÃO

organizadoras:
Camila Diogo de Souza e Adriene Baron Tacla

**DICIONÁRIO DE
ARQUEOLOGIA FUNERÁRIA**

30338.
MUSEU DE ARQUEOLOGIA E ETNOLOGIA
Universidade de São Paulo
BIBLIOTECA

**FAPERJ**
Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro

Siguel: 3016695

GN 485.5

D546

Todos os direitos reservados à Fino Traço Editora Ltda.
© Camila Diogo de Souza e Adriene Baron Tacla

Este livro ou parte dele não pode ser reproduzido por qualquer meio sem a autorização da editora.

As idéias contidas neste livro são de responsabilidade de seus organizadores e autores e não expressam necessariamente a posição da editora.

CIP-Brasil. Catalogação na Publicação | Sindicato Nacional dos Editores de Livros, RJ

A795

Dicionário de arqueologia funerária / organização Adriene Baron Tacla. - 1. ed.
- Belo Horizonte [MG]: Fino Traço, 2024.

232 p. : 23 cm.

Inclui índice

ISBN: 978-85-8054-657-6

1. Arqueologia funerária. 2. Restos humanos (Arqueologia).
3. Morte - Aspectos antropológicos. I. Tacla, Adriene Baron.

24-92468 CDD: 930.10285 CDU: 903.5



Meri Gleice Rodrigues de Souza - Bibliotecária - CRB-7/6439 21/06/2024 25/06/2024

COLEÇÃO HISTÓRIA

CONSELHO EDITORIAL

- Alexandre Mansur Barata | UFJF
Andréa Lisy Gonçalves | UFOP
Gabriela Pellegrino | USP
Iris Kantor | USP
Junia Ferreira Furtado | UFMG
Marcelo Badaró Mattos | UFF
Paulo Miceli | UniCamp
Rosângela Patriota Ramos | UFU

FINO TRAÇO EDITORA LTDA.
finotracoeditora.com.br

MAE-Museu Arqueol. e Etnologia

M30338



Sumário

Agradecimentos	7
Apresentação	9
Camila Diogo de Souza e Adriene Baron Tacla	
Parte I	
Arqueologia Funerária	15
Adriene Baron Tacla e Camila Diogo de Souza	
Antropologia Biológica	25
Danilo Vicensotto Bernardo	
Antropologia Forense	35
Eugênia Cunha	
Arqueologia Forense	43
Claudia R. Plens	
Parte II	
Bioarqueologia	51
Camila Diogo de Souza	
Número Mínimo de indivíduos – NMI	67
Anderson Tognoli	
Processos de Formação de Contextos Funerários	77
Anne Rapp Py-Daniel	
Tafonomia	87
Camila Diogo de Souza	
Paleopatologia	99
Ana Luisa Santos	

<i>Paleonutrição/Paleodiet</i>	107
Andersen Linco	
<i>Zoarqueologia</i>	117
Caroline Borges	
<i>Antropologia Dentária</i>	131
Claudia Cunha	
<i>Arqueogenética</i>	143
Carolina Padilha, Tiago Ferraz e André Strauss	
Parte III	
<i>Tipos de deposição, Arquitetura e Topografia Funerária</i>	155
Cássio Duarte	
<i>Tratamento do corpo</i>	167
Cintia Alferri Gama-Rolland	
<i>Mobiliário Funerário ou acompanhamentos</i>	175
Pedro Vieira da Silva Peixoto	
<i>Paisagem Funerária</i>	185
Reinaldo Tavares	
<i>Culto aos mortos e Memento mori</i>	191
Marcia Severina Vasques	
<i>Vala comum e Exumação (violação dos Direitos Humanos)</i>	203
Márcia Líka Hattori e Aline Feltoza de Oliveira	
<i>Bioética e repatriamento dos remanescentes humanos em Arqueologia Funerária e Medicina</i>	215
Cláudia R. Plens	
<i>Sobre os autores</i>	223

Agradecimentos

O projeto “Dicionário Temático de Arqueologia Funerária” resulta dos debates que tivemos ao longo de nossa colaboração no TAPHOS/MAE/USP/ CNPq (espelho do grupo: <https://dgp.cnpq.br/dgp/espelhogrupo/41363>) e no grupo de pesquisa Antiguidade e Contemporaneidade em Perspectiva, do NERREIDA/PPGH/UFF (<https://dgp.cnpq.br/dgp/espelhogrupo/41363>). Como organizadoras, devemos nosso agradecimento aos colegas que tão generosamente dispuseram de seu tempo em tão curto prazo e se engajaram nessa ousada empreitada conosco. Certamente, foi um grande prazer contar com a valiosa contribuição de todos os colaboradores deste volume, que esperamos que seja apenas o primeiro de uma série de projetos e colaborações futuras.

Agradecemos, em especial, o apoio financeiro da FAPERJ, sem o qual não poderíamos concretizar essa obra, que se insere dentro do escopo das pesquisas do projeto “Circuitos de informação: visões de experimentação comparada da Antiguidade”. Nele, a análise dos remanescentes funerários revela uma das muitas facetas das transformações das sociedades da Idade do Ferro europeia e possui um peso relevante nas pesquisas desenvolvidas.

Arqueogenética

Carolina Padilha
Tiago Ferraz
André Strauss

- Dental Anthropology System. In: KELLEY, M.; LARSEN, C. (Eds.) *Advances in Dental Anthropology*. New York, Wiley-Liss, 1991, p. 13-31.
- TOWNSEND, G.C.; BROWN, T. Morphogenetic Fields within the Dentition. *Australian Orthodontic J.*, 1981, 7 (1), p. 3-12.
- UNGAR, P.S. *Mammal Teeth – Origin, Evolution, and Diversity*. Baltimore: The Johns Hopkins Univ. Press, 2010.
- WASTERLAIN, R.S. *Males da Boca – Estudo da patologia oral numa amostra das Coleções Osteológicas Identificadas do Museu Antropológico da Univ. de Coimbra*. Tese apresentada ao Departamento de Antropologia da Universidade de Coimbra, Coimbra, 2006.
- WESOLOWSKI, V. *Cáries, Desgaste, Calculos Dentários e Micro Resíduos da Dieta entre Grupos Pré-históricos do Litoral Norte de Santa Catarina: É Possível Comer Amido e Não Ter Cárie?* Tese apresentada ao Departamento de Endemias Samuel Pessoa, Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca/FIOCRUZ. Rio de Janeiro: manuscrito, 2007.

O estudo do DNA antigo (aDNA) é uma área que vem crescendo nos últimos anos, acompanhando o desenvolvimento das tecnologias de sequenciamento de material genético e processamento de dados. O crescimento dessa área permite uma maior investigação sobre populações antigas a partir de um novo foco, o qual pode trazer mais informações a respeito dos processos migratórios, evolutivos e até mesmo culturais nos quais esses grupos estavam inseridos. O osso petroso e os dentes dos indivíduos são as fontes mais procuradas para a obtenção destas informações, por mostrarem melhor conservação do DNA. Porém, dependendo das condições do ambiente e conservação do material, é possível também extrair DNA a partir de outras fontes.

O estado de conservação do material genético é difícil de prever, uma vez que é afetado por vários fatores. Dentre eles, há: o tempo, o ambiente e o cuidado durante o processo de escavação. Quanto mais antiga a amostra, menos conservado será o seu DNA. Expostos às condições mais favoráveis possíveis, como as de gelo e *permafrost*, os fragmentos de DNA mais antigos encontrados possuem por volta de dois milhões de anos. O principal fator que guiará a qualidade da preservação do aDNA é o ambiente de

deposição. Processos funerários, por exemplo, podem impactar a qualidade do material. As propriedades químicas das substâncias em contato com o DNA, o microclima do sítio e a presença de contaminantes como bactérias, vírus, fungos e plantas influenciam a qualidade da amostra, mas não de forma linear. O processo de escavação pode também afetar a qualidade de preservação do DNA, caso o material seja manuseado de forma inadequada. As condições de conservação irão determinar o tamanho dos fragmentos, afetando a qualidade do sequenciamento genético que será realizado e as possíveis análises futuras.

Diferente do DNA contemporâneo, o aDNA é altamente danificado e fragmentado, características que possibilitam a autenticação do material sequenciado como antigo. Tais condições de conservação são resultado da instabilidade das moléculas de DNA e da ausência de mecanismos de reparo celular consequente do início do processo de autofagia. A presença destes pequenos fragmentos aponta a idade do material genético, pelo acúmulo de danos não reparados. A depuração é outra alteração indicativa da idade do DNA analisado, marcada pela incorporação de padrões incorretos, particularmente no final das sequências. A ausência de mecanismos de reparo do DNA, após a morte celular, permite a permanência desses erros de incorporação gerados pela depuração que, em outras situações, poderiam ser removidos. Assim, esses traços característicos do processo de degradação do DNA, com o tempo, são utilizados como autenticadores do material genético antigo, adicionando confiabilidade às análises.

Antes dos “marcadores de antiguidade” serem descobertos, a confiabilidade do material genético sequenciado era muitas das vezes posta em debate, uma vez que não havia como diferenciar uma contaminação moderna de uma sequência de material antigo. As análises arqueogenéticas passaram a ter mais relevância e poder de análise após o surgimento de métodos comprobatórios de sua veracidade. A contaminação continua sendo um grande problema na área, devido à pequena quantidade amostral e ao alto grau de degradação. Porém, protocolos bioinformáticos e laboratoriais são implementados para evitar ao máximo interferências na análise.

As possibilidades de análises arqueogenéticas acabam restritas pelo tamanho amostral, não só pelo número de indivíduos presentes no registro arqueológico, mas também pelo tamanho do próprio DNA. Por conta das condições de preservação do material, obter o genoma completo de um indivíduo a partir de amostras de aDNA é mais complicado, limitando muitas das vezes a análise a somente alguns genes ou alelos. Mesmo assim, apesar de não ser preservada toda a informação genética dos indivíduos, o DNA obtido ainda permite fazer diversas análises, por exemplo, a investigação de padrões de dispersão humana, afinidade biológica e relação de parentesco entre esses indivíduos.

Estudos dos movimentos de dispersão e migração no âmbito da Arqueologia do Povoamento beneficiam-se da análise arqueogenética para avaliar a proximidade entre grupos. A transmissão de elementos culturais através do contato interpessoal é uma das ferramentas possíveis para estudar processos de povoamento, porém, nem sempre, a passagem destes elementos está associada à movimentação de pessoas e relações interpopulacionais, mas pode estar vinculada a processos de difusão do conhecimento. A arqueogenética auxiliaria a distinguir situações nas quais a presença de elementos culturais está vinculada ao contato entre povos ou à perpetuação de uma mesma população em diversas localidades.

Uma análise similar foi feita ao investigar o surgimento da agricultura na Europa durante o começo do Neolítico. Por muito tempo, acreditou-se que a prática do cultivo poderia ter surgido na Europa ou ter sido transmitida às populações de caçadores-coletores que já habitavam a região milhares de anos antes do presente. No entanto, a afinidade genética dos povos agricultores deste período mostra-se mais similar às populações da Anatólia, que migraram até a Europa. As duas populações se mantiveram geneticamente distintas por pelo menos 3 mil anos após a chegada dos povos agricultores, com baixa miscigenação. A arqueogenética auxilia a identificar populações, possibilitando não só traçar rotas de povoamento, mas também inferir relações de proximidade entre os grupos.

Ao longo dos processos migratórios, em situações de isolamento reprodutivo, as populações passam a se diferenciar umas das outras,

acumulando diferentes mutações em seu DNA. Tais alterações informam um pouco sobre o passado do grupo, sobre quem foram seus ancestrais e a quanto tempo se separaram de outros povos. O material genético conta essa informação por relações de similaridade: grupos mais próximos tendem a ter mais mutações em comum, pois compartilham uma população ancestral comum mais recente. Um maior número de mutações acumuladas apontam para uma cronologia maior pertencente àquele grupo, que possuía mais tempo para fixar alelos diferentes na população. Observamos, assim, que as populações mais diversas geneticamente se encontram na África, continente de origem da espécie humana. Por ser marcada por uma longa ocupação, as populações das regiões africanas vêm se diferenciando ao longo tempo; característica que é visível no DNA.

As demais populações humanas derivam das populações africanas ancestrais e, portanto, grande parte da diversidade genética presente nos outros continentes está contida na diversidade africana. Ao longo dos processos migratórios, a variabilidade genética das populações diminuiu de forma compatível ao tamanho do grupo que se separaram. Por exemplo, caso uma população (X) se divida em duas (A e B) de igual tamanho, a diversidade genética encontrada para a população A será próxima de $X/2$, assim como para B. Por conta também deste fenômeno, o continente com menor diversidade genética é o continente americano, o qual foi povoado a menos tempo. Neste caso, estuda-se que a população que chegou até a Beringia já havia passado por diversas situações de gargalo populacional, reduzindo a sua variabilidade. Como consequência, os povos nativos americanos acabaram por ficar contidos dentro desse conjunto genético através dos diferentes processos migratórios. As mutações acumuladas posteriormente acrescentaram na diversidade e permitiram a distinção entre os grupos indígenas atuais. Compreendendo a variabilidade genética entre os grupos, pôde-se pensar no estudo de afinidade biológica interpopulacional arqueogenético.

Grupos com maior proximidade genética são aqueles com menor número de mutações desde o seu último ancestral comum, indicando um período de divergência mais recente. Analisar as relações desta forma deixa pouco espaço para a subjetividade, considerando um grande número de

alelos, inferências de afinidade se tornam mais precisas pois a possibilidade de tantas mutações iguais se acumularem em populações distintas é quase nula. Em contrapartida, fenótipos possuem mais espaço para a homoplasia e interferência ambiental, podendo nem sempre refletir história evolutiva. O crescente potencial da análise arqueogenética para entender as relações de afinidade biológica não tem sido usado somente para compreender as populações humanas mas também outras espécies de hominínios.

Em duas espécies distintas de hominínios não sapiens foi encontrado DNA em estado passível de extração e sequenciamento, os neandertais e os denisovanos. Além de questões cronológicas permitirem a obtenção de DNA viável, as condições de deposição das amostras (temperatura, composição do solo, presença de oxigênio, etc.) permitiram preservação suficiente para o sequenciamento. Análises autossômicas indicam que neandertais e denisovanos são mais próximos entre si do que com humanos modernos e o último ancestral comum destes grupos com a nossa espécie esteve vivo ~550 mil anos antes do presente (AP). Miscigenação entre as três espécies foram identificadas através do DNA endógeno, porém somente em indivíduos não africanos, uma vez que esse processo ocorreu após a saída do ser humano da África. A introgressão interespecífica gera uma assinatura genética detectável, a qual, a partir dela, estima-se que houve quatro momentos de mistura entre *Homo sapiens* e denisovanos e três entre *Homo sapiens* e *Homo neanderthalensis*. A presença de hibridação inicialmente não havia sido identificada pela arqueogenética pois as análises realizadas focaram somente no DNA mitocondrial (DNAmt).

O DNA mitocondrial é um material genético de hereditariedade materna e, por isso, um marcador uniparental. Ele possui uma estrutura molecular pequena, haploide e circular. Seu formato e sua abundância confere maior estabilidade, fazendo com que se tenha elevada preservação. Apesar de possuir um pequeno número de genes compondo o genoma mitocondrial, ele está presente em grande número de cópias por células. A informação transmitida pelo DNAmt é parcial, não contempla a linhagem paterna ou permite *crossing over*. A herança materna associada ao DNAmt está associada à formação dos haplogrupos, que agrupam indivíduos com polimorfismos

semelhantes no DNAm como parte de um conjunto comum com maior similaridade evolutiva. A análise de haplogrupos também pode ser feita a partir de outra fonte de DNA uniparental, o cromossomo Y. O estudo de dispersão e filogenia entre os haplogrupos é uma ferramenta importante no estudo da evolução humana. Apesar de muito utilizado, o DNA uniparental possui menor poder estatístico e de resolução do que o DNA autossômico, o qual provém da recombinação genética dos dois genitores e proporciona dados populacionais mais amplos.

A partir da análise de DNA nuclear, foi possível identificar a presença de hibridação na linhagem Homo, que antes não havia sido identificada pelo DNAm. A presença do *crossing over* faz com que os cromossomos de cada indivíduo sejam como “mosaicos” formados de fragmentos do material genético de seus antepassados e, ao investigar cada parcela da sequência, pode-se compreender um pouco sobre o passado genético desses ancestrais. Ademais, o núcleo apresenta em torno de 3 bilhões de pares de base (próximo a 27 mil genes), contrastando com os aproximadamente 17 mil pares de base (37 genes) do DNAm, carregando significativa porção da hereditariedade do indivíduo e contendo maior resolução para estudar a história genética devido ao seu tamanho total. Uma limitação da análise com esse material é a qualidade de preservação e posterior sequenciamento. Isso porque cada célula do organismo apresenta somente duas cópias por DNA autossômico. A reduzida cobertura dos fragmentos de DNA em relação ao total dos cromossomos afeta o grau de confiança da análise. Atualmente, ambas as ferramentas são utilizadas para o estudo genético, de acordo com o objetivo de pesquisa estabelecido e a conservação do material encontrado.

Uma utilização comum para marcadores uniparentais, como o DNAm e o cromossomo Y, é em estudos sobre práticas funerárias de uma determinada população. Com estes dados, é possível determinar o sexo biológico dos indivíduos e inferir relações de parentesco. As informações extraídas são muitas das vezes utilizadas para confirmar a designação de sexo, identificar padrões de gênero em rituais funerários e se a percepção de parentesco genético é transmitida também dentro da lógica dos sepultamentos.

O sepultamento triplo de Dolni Vestonice na República Checa, datado por volta de 31 mil anos atrás, contou com informações genéticas imprescindíveis

para a interpretação arqueológica do contexto funerário. Foram encontrados três indivíduos lado a lado (DV13, DV15, DV14), dois foram identificados como homens e DV15 houve conflito sobre a determinação do sexo biológico por conta de uma condição patológica que afetava os ossos. Devido ao posicionamento dos corpos e a possibilidade de DV15 ser uma mulher, as hipóteses levantadas sobre o contexto funerário incluiu a morte no parto e uma possível situação de triângulo amoroso. Porém, a análise de dados genômicos identificou os três indivíduos como homens, descartando parte das interpretações arqueológicas anteriores, mas criando espaço para novas interpretações. A análise de DNA traz uma nova resolução à determinação do sexo biológico e, desta forma, permite adicional análise de diferenças de gêneros a partir do contexto funerário.

O estudo da organização social dos grupos também pode ser beneficiado pela obtenção de informações genéticas. Com informações sobre afinidade genética e a possibilidade de pertencimento dos indivíduos a uma mesma família, pode-se buscar diferenças em contextos funerários entre núcleos familiares. Ademais, pode-se relacionar os processos de migração com os sepultamentos encontrados, como o tratamento a estrangeiros ou uma caracterização matrilocal/patrilocal.

Junto aos sepultamentos, ou até mesmo longe, podemos encontrar aDNA de outras origens que ainda fazem parte da arqueogenética e contribuem para a compreensão do contexto arqueológico que está sendo investigado. O material genético de diversas fontes pode ser sequenciado, como o de animais, plantas e bactérias. Cada fonte de estudo se desdobra em uma subárea de pesquisa da disciplina. A arqueobotânica, por exemplo, faz grande uso do aDNA para compreender os momentos de domesticação de plantas, além de seu ponto de origem e rotas de dispersão.

O estudo dos patógenos utiliza da arqueogenética para caracterizar os microrganismos encontrados juntos aos vestígios arqueológicos. Alterações morfológicas consequentes de doenças podem, por vezes, deixar incerteza sobre o diagnóstico ou a variedade da infecção. Dentro desse contexto, o aDNA é uma ferramenta muito precisa não somente para o diagnóstico, mas também para entender uma possível variabilidade do clado de microrganismos, o que pode ser relacionado com as questões geográficas,

migratórias ou de susceptibilidade (pendente a adaptação). Apesar de suas potencialidades e diversidade de aplicações dentro da arqueologia, a interpretação arqueogenética enfrenta algumas críticas. Uma das maiores delas vem associada a determinação de datas, mais precisamente pelo uso do relógio molecular.

O conceito do relógio molecular advém da biologia evolutiva e diz respeito à constância na taxa de evolução molecular ao longo do tempo. Assim, mudanças evolutivas ocorrem em ritmo constante e o número de diferenças entre duas espécies mede há quanto tempo esteve seu último ancestral comum. Desta forma, quanto mais diferenças entre as duas espécies, mais antigo é seu último ancestral comum. A partir do pressuposto da constância na velocidade do acúmulo de mutações, inferências temporais sobre o DNA sequenciado têm sido feitas. Para o cálculo preciso, a calibração do relógio molecular deve ser feita adequadamente, fornecendo uma base de dados ampla o suficiente para análise e utilizando os parâmetros de referência adequados. Quanto mais bem calibrado o algoritmo utilizado, maior confiabilidade terão as datações obtidas a partir dele. Ao lado de outros métodos de datações, a estimativa de idade de olho na diversidade genética se insere mais como uma possibilidade no esforço de contextualizar os remanescentes arqueológicos.

A arqueogenética insere-se na Arqueologia como uma poderosa ferramenta, de trabalhosa interpretação, para entender os processos evolutivos e hereditários dos organismos que passaram pela Terra. A partir das semelhanças e diferenças entre as sequências e, por consequência, dos indivíduos, é possível identificar as mudanças que foram ocorrendo ao longo do tempo e, em alguns casos, relacioná-las com grupos específicos. Com a vantagem de apresentar modificações precisas, estudos genéticos apresentam menor margem para interpretações a respeito do grau de similaridade amostral. Apesar disso, compreender a história dos grupos antigos é uma atividade que exige um olhar amplo sobre diferentes abordagens de estudo, para além da capacidade de extrair explicações mais parcimoniosas dos eventos.

Referências

- BRIGGS, A. W. *et al.* Patterns of Damage in Genomic DNA Sequences from a Neandertal. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104, 37, 2007, p. 14616–14621.
- CILLI, E. *et al.* A Multifaceted Approach towards Investigating Childbirth Deaths in Double Burials: Anthropology, Paleopathology and Ancient DNA. *Journal of Archaeological Science* 122, 2020, p. 105219.
- ELSNER, J. *et al.* Burial Condition Is the Most Important Factor for Mitochondrial PCR Amplification Success in Palaeolithic Equid Remains from the Alpine Foreland. *Archaeological and Anthropological Sciences* 7 (4), 2014, p. 505–515.
- KRAUSE, J. *et al.* The Complete Mitochondrial DNA Genome of an Unknown Hominin from Southern Siberia. *Nature* 464, 7290, 2010, p. 894–897.
- LALUEZA-FOX, C. At the Interface of Biology and Humanities: Archaeogenetics and the New View of the Past. *Higher Education in the World* 7, p. 148.
- LIU, Y. *et al.* Insights into Human History from the First Decade of Ancient Human Genomics. *Science* 373, 6562, 2021, p. 1479–1484.
- MEYER, M. *et al.* A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual. *Science* 338, 6104, 2012, p. 222–226.
- MODI, A. *et al.* More Data on Ancient Human Mitogenome Variability in Italy: New Mitochondrial Genome Sequences from Three Upper Palaeolithic Burials. *Annals of Human Biology* 48 (3), 2021, p. 213–222.
- MOILANEN, U. *et al.* A Woman with a Sword? – Weapon Grave at Suontaka Vestionimäki, Finland. *European Journal of Archaeology* 25 (1), 2021, p. 42–60.
- NÄGELE, K. *et al.* Ancient Genomic Research – from Broad Strokes to Nuanced Reconstructions of the Past. *Journal of Anthropological Sciences = Rivista Di Antropologia*, 100, 2022, p. 193–230.
- O'SULLIVAN, N. C. *et al.* Ancient Genome-Wide Analyses Infer Kinship Structure in an Early Medieval Alemannic Graveyard. *Science Advances* 4, 9, 2018.

- PAABO, S. Ancient DNA: Extraction, Characterization, Molecular Cloning, and Enzymatic Amplification. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 86, 6, 1989, p. 1939–1943.
- RIDLEY, M. *Evolution*. Chichester: J. Wiley, 2009.
- RIVOLLAT, M. *et al.* Ancient DNA Gives New Insights into a Norman Neolithic Monumental Cemetery Dedicated to Male Elites. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 119, 18, 2022.
- SAWYER, S. *et al.* Temporal Patterns of Nucleotide Misincorporations and DNA Fragmentation in Ancient DNA. *PLoS ONE* 7, 3, 2012, p. e34131.
- YAKA, R. *et al.* Archaeogenetics of Late Iron Age Gemialo Surti, Batmani: Investigating Maternal Genetic Continuity in North Mesopotamia since the Neolithic. *American Journal of Physical Anthropology* 166 (1), 2018, p. 196–207.



PARTE III