



COPIA ELETTRONICA IN FORMATO PDF

**RISERVATA AD USO CONCORSUALE
E/O PERSONALE DELL'AUTORE
NEI TESTI CONFORME AL DEPOSITO LEGALE
DELL'ORIGINALE CARTACEO**

QUADERNI FRIULANI DI ARCHEOLOGIA



ANNO XXVIII - N. 1 - DICEMBRE 2018

QUADERNI FRIULANI
DI
ARCHEOLOGIA

SOCIETÀ FRIULANA DI ARCHEOLOGIA

XXVIII-2018

QUADERNI FRIULANI DI ARCHEOLOGIA

Pubblicazione annuale della Società Friulana di Archeologia - numero XXVII - anno 2017
Autorizzazione Tribunale di Udine: Lic. Trib. 30-90 del 09-11-1990

© Società Friulana di Archeologia
Torre di Porta Villalta - via Micesio 2 - 33100 Udine
tel./fax: 0432/26560 - e-mail: sfaud@archeofriuli.it
www.archeofriuli.it

ISSN 1122-7133

Direttore responsabile: *Maurizio Buora*

Comitato scientifico internazionale: *Assoc. Prof. Dr. Dragan Božič* (Institut za arheologijo ZRC SAZU - Ljubljana, Slovenia); *Dr. Christof Flügel* (Oberkonservator Bayerisches Landesamt für Denkmalpflege, Landesstelle für die nichtstaatlichen Museen in Bayern, Referat Archäologische und naturwissenschaftliche Museen – München, Germania); *Univ. Doz. Mag. Dr. Stefan Groh* (Stellvertretender Direktor - Fachbereichsleiter Zentraleuropäische Archäologie; Österreichisches Archäologisches Institut - Zentrale Wien, Austria)

Responsabile di redazione: *Stefano Magnani*
Redattore: *Massimo Lavarone*

Si ringrazia Sandra Ward per la revisione dei testi in lingua inglese.

In copertina: rilievo della sepoltura di due bovini (Object 61) nel sito di Babia Góra presso Cracovia, Polonia (da KOŁODZIEJ 2010, p. 182; cfr. qui fig. 2 a p. 13).

Pubblicazione realizzata con il sostegno di



Tutti i diritti riservati.

È vietata la riproduzione del testo e delle illustrazioni senza il permesso scritto dell'editore.

INDICE

SEPOLTURE RITUALI DI BOVINI E DI ALTRI ANIMALI NELL'ITALIA ANTICA E NELLA MEDIA EUROPA DALLA PROTOSTORIA AL MEDIOEVO. UN AGGIORNAMENTO ARCHEOLOGICO. ATTI DELL'INCONTRO DI AQUILEIA (7 APRILE 2018)

Umberto TECCHIATI, <i>Alcune considerazioni sulle sepolture di bovini nella preistoria e protostoria europea</i>	p. 9
Elena PERCIVALDI, <i>Sepolture di bovini e altri animali in Italia Settentrionale dall'età romana al pieno Medioevo</i>	p. 19
Claudio SORRENTINO, <i>Uso rituale di bovini nel santuario dell'area Sud a Pyrgi (Santa Severa, Roma)</i>	p. 27
Raffaella CASSANO, Gianluca MASTROCINQUE, Adriana SCIACOVELLI, <i>Rituali di fondazione della domus ad atrio a Sud del Foro di Egnazia</i>	p. 31
Laura LANDINI, <i>La deposizione di una testa di bovino da Palazzo Poggi (LU): evidenza di un rito?</i>	p. 49
Borut TOŠKAN, <i>Ritual burials of animals in the south-eastern Alpine region from Prehistory to the Middle Ages</i>	p. 55
	p. 99

IL CASO DI MURIS DI MORUZZO (UD)

Maurizio BUORA, Massimo LAVARONE, <i>La villa romana di Moruzzo (UD)</i>	p. 75
Gabriella PETRUCCI, <i>Deposizioni intenzionali di bovini nel sito di età romana di Moruzzo (UD)</i> .	p. 83
Licia COLLI, Elisa EUFEMI, Marco MILANESI, Michele MORGANTE, Paolo AJMONE MARSAN, <i>Risultati preliminari dall'analisi del DNA antico dei reperti di bovino rinvenuti presso lo scavo della villa tardo romana di Muris di Moruzzo (UD)</i>	p. 89

STUDI VARI

Pier Giorgio SOVERNIGO, <i>Le ghiande missili di Adria</i>	p. 97
Patrizia BASSO, <i>Cosa raccontano i cippi miliari</i>	p. 107
Eric FRANCO, <i>Appunti sull'ipotesi di un valore identitario dell'alfabeto di Lugano</i>	p. 123
Roberto GUERRA, <i>Mare nostrum: infrastrutture, navigazione, commerci e marina militare durante il dominio di Roma antica</i>	p. 133
Baldassarre GIARDINA, <i>Dalla "Feuertelegraphie" al faro: breve storia delle segnalazioni luminose fluviali e marittime</i>	p. 139
Mirta FALESCHINI, <i>Il larice. Trasporto e commercio del legname dalle Alpi al Tirreno in epoca romana: un esempio di sistema integrato</i>	p. 157
Maurizio BUORA, Ergün LAFLI, Paweł NOWAKOSKŁ, <i>Due instrumenta in piombo, probabilmente contraffatti, da Izmir (Turchia) / Two probably fake inscribed lead instrumenta from Izmir (Turkey)</i>	p. 171

NOTE E DISCUSSIONI

Valentina MANTOVANI, <i>Recenti studi sulle sigillate galliche in area padana: alcune riflessioni ...</i>	p. 179
---	--------

Il caso di Muris di Moruzzo (UD)

RISULTATI PRELIMINARI DALL'ANALISI DEL DNA ANTICO DEI REPERTI DI BOVINO RINVENUTI PRESSO LO SCAVO DELLA VILLA TARDO ROMANA DI MURIS DI MORUZZO (UD)

Licia COLLI, Elisa EUFEMI, Marco MILANESI,
Michele MORGANTE, Paolo AJMONE MARSAN

Durante la campagna di scavi condotta nell'estate del 2013 presso la *villa rustica* di Muris di Moruzzo sono stati rinvenuti i resti ossei di quattro esemplari adulti di bovino (*Bos taurus*). Le ossa lunghe e i denti meglio conservati sono stati fotografati, catalogati, riposti individualmente in sacchetti sterili di plastica e trasportati presso il Laboratorio di DNA antico del Centro di Ricerca sulla Biodiversità e sul DNA antico – BioDNA (<http://centridiricerca.unicatt.it/biodna>) dell'Università Cattolica del S. Cuore (Piacenza, PC), dove sono stati analizzati per effettuare la caratterizzazione molecolare del DNA antico (aDNA). Con “DNA antico” si intende il materiale genetico di organismi che sono vissuti nel passato e che può essere estratto a partire da tipologie di reperti di origine animale o vegetale estremamente diversificate (ossa, denti, pelo, capelli, fibre tessili, pelle, pergamene, preparati museali, erbari, resti di cibo rinvenuti in scavi archeologici, campioni di suolo o di ghiaccio ecc.). A causa delle modificazioni chimiche che avvengono *post mortem*, le molecole di DNA antico – qualora presenti – risultano essere fortemente “degradate”, cioè ridotte in frammenti di piccole dimensioni (ca. 100 paia-basi, bp) e danneggiate a causa dell'alterazione chimica delle basi azotate che le compongono. Inoltre i reperti sono estremamente suscettibili alla contaminazione da parte di DNA moderno, derivante dall'ambiente (es. piante, animali, batteri, funghi ecc. presenti sul luogo del ritrovamento) o dagli operatori che hanno manipolato i reperti. Di conseguenza, per ridurre i rischi di contaminazione e ottenere sequenze autentiche di aDNA, tutte le fasi di analisi dei campioni antichi (preparazione, estrazione del DNA e successive indagini molecolari), devono essere condotte seguendo stringenti protocolli anti-contaminazione in un laboratorio dedicato esclusivamente all'analisi del DNA antico.

Presso il laboratorio del Centro BioDNA, le fasi di estrazione del DNA, amplificazione tramite PCR (“polymerase chain reaction”) e costruzione di librerie genomiche per i campioni di bovino di Muris sono state tutte effettuate in “camere bianche” fisicamente separate. Gli ambienti sono irradiati con luce ultravioletta (UV a lunghezza d'onda di 254 nm) ogni notte per 2 ore e ulteriormente al

termine di ogni sessione di lavoro, ed equipaggiati con un sistema di circolazione dell'aria dotato di filtri e operante in regime di “pressione positiva”, cioè leggermente superiore a quella atmosferica, in modo da contrastare l'ingresso accidentale di contaminanti. Le analisi successive all'amplificazione tramite PCR, non più suscettibili alla contaminazione, sono state condotte in un laboratorio di DNA moderno.

All'interno del laboratorio di DNA antico, il personale ha operato costantemente indossando tute integrali usa-e-getta in Tyvek® e doppi guanti in lattice o nitrile sostituiti di frequente, a seconda di quanto necessario nelle diverse fasi operative. Per garantire l'eliminazione di eventuali residui di DNA, tutte le superfici di lavoro sono state ripetutamente trattate con una soluzione acquosa di ipoclorito di sodio al 5% e/o irraggiate con luce UV. Alcuni campioni “bianchi” (i.e. senza materiale biologico) sono stati inclusi in ogni esperimento come controlli negativi per identificare eventuali contaminazioni da parte di DNA ambientale. Sei reperti sono stati selezionati tra quelli prelevati presso il sito di Muris (fig. 1).

Dopo aver irraggiato con UV per due ore le superfici dei campioni, lo strato esterno di osso e dente è stato rimosso per abrasione con frese usa-e-getta azionate da un micromotore Marathon Multi 600. Lo stesso metodo è stato impiegato per polverizzare e prelevare 250 mg di matrice di osso o dentina, dopo un'ulteriore fase di irraggiamento con UV per 45 minuti. L'estrazione del DNA totale dai campioni polverizzati è stata effettuata seguendo il metodo di ROHLAND & HOFREITER (2007).

Partendo dal DNA totale estratto dai campioni antichi, sono stati allestiti due esperimenti preliminari di amplificazione tramite PCR volti a 1) verificare la presenza di DNA antico appartenente alla specie *B. taurus* e 2) escludere la presenza di contaminazione da parte di DNA moderno della medesima specie. L'esperimento 1 aveva come bersaglio di amplificazione una piccola regione del DNA mitocondriale di 97 bp di lunghezza, compresa tra le posizioni 16271 e 00029 della sequenza di riferimento del mtDNA di bovino (GenBank Accession Number V00654.1), mentre l'esperimento 2 prevedeva l'amplificazione

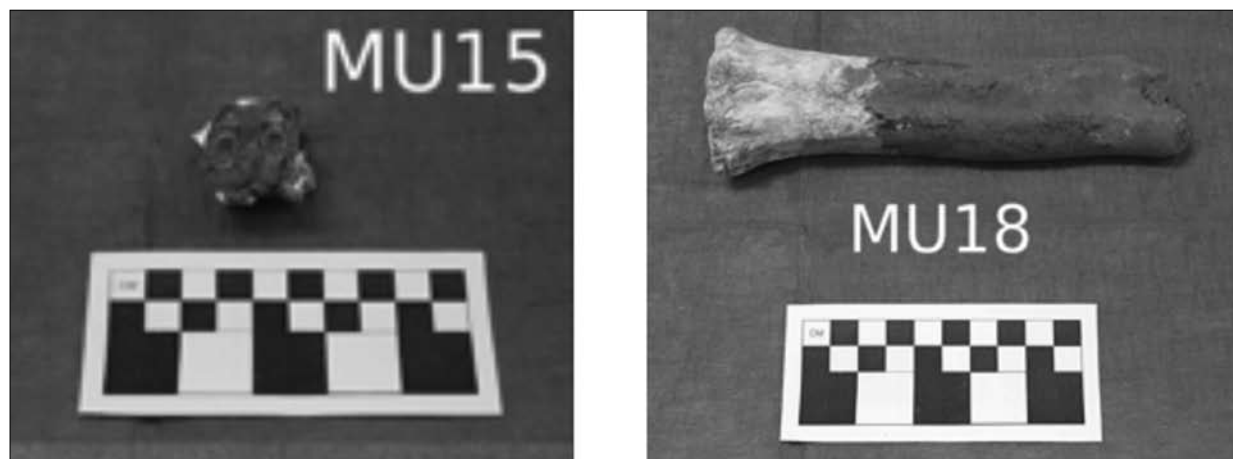


Fig. 1. Due dei sei reperti di origine bovina provenienti dal sito di Muris di Moruzzo preparati per la polverizzazione e l'estrazione del DNA antico. Nel caso del campione MU18 è possibile notare la differente colorazione della superficie. Il colore più chiaro corrisponde all'area in cui lo strato esterno è stato rimosso per abrasione meccanica (si faccia riferimento al testo per ulteriori dettagli).

di una regione di lunghezza superiore (672 bp) corrispondente alle posizioni 15921-00255 della sequenza di riferimento. A causa della degradazione caratteristica delle molecole di DNA antico, infatti, in assenza di contaminazione da parte di DNA moderno, si dovrebbe ottenere un segnale di amplificazione solo in corrispondenza dell'esperimento che ha come bersaglio il fram-

mento corto, di 97 bp. L'esito dei due esperimenti di amplificazione tramite PCR è stato verificato tramite corsa elettroforetica su gel d'agarosio all'1,5% (fig. 2).

Visto l'esito in linea con l'atteso dei due esperimenti, il materiale genetico dei campioni di Muris è stato successivamente utilizzato per due studi distinti descritti di seguito.

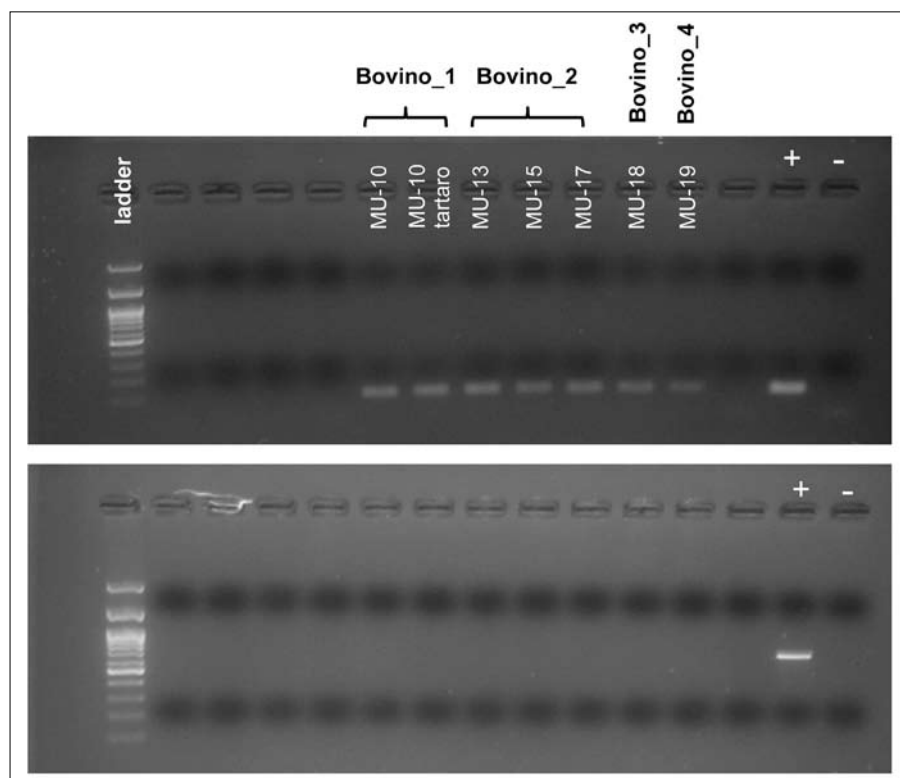


Fig. 2. Verifica sperimentale dell'esito delle amplificazioni in PCR del DNA estratto dai sei reperti bovini di Muris di Moruzzo (corsie 6-12). I controlli positivo "+" e negativo "-" sono stati inseriti in ogni esperimento. Il pannello superiore mostra i risultati dell'amplificazione del frammento corto (97 bp). Le bande di colore chiaro, visibili nella parte in basso dell'immagine, attestano il successo dell'amplificazione. Nel pannello inferiore, raffigurante l'esito dell'amplificazione del frammento lungo (672 bp), l'unica banda visibile corrisponde al controllo positivo, confermando l'assenza di contaminazione da parte di DNA moderno bovino.

CARATTERIZZAZIONE DEL DNA ANTICO ED AMBIENTALE PRESENTE NEI REPERTI BOVINI DEL SITO DI MURIS

Il DNA totale estratto dai cinque campioni di Muris è stato utilizzato per la costruzione di librerie genomiche con il kit Ovation® Ultralow System V2 (NuGEN, <https://www.nugen.com/>) presso il laboratorio del centro BioDNA ed è stato successivamente sequenziato con metodi ad alta processività su piattaforma Illumina® MiSeq presso i laboratori dell'IGA-Istituto di Genomica Applicata (<http://www.igatechnology.com/>) di Udine. Analisi bioinformatiche hanno permesso di effettuare il controllo qualità dei dati di sequenza, l'allineamento con il genoma bovino di riferimento (Ref. Seq. UMD3.1, software BWA) e la verifica della presenza di sequenze di DNA antico (software mapDamage). Il software MEGAN v. 5.5.3 è stato poi impiegato per condurre un'analisi tassonomica e l'identificazione delle specie di origine delle sequenze di DNA antiche e moderne presenti nei campioni.

Dall'analisi bioinformatica è emerso che circa l'1% delle informazioni di sequenza era rappresentato da DNA endogeno appartenente agli esemplari bovini antichi, poiché mostrava corrispondenza con regioni del genoma bovino di riferimento e presentava le tipiche modificazioni chimiche *post mortem* che si riscontrano nel DNA antico. Anche se non è stato possibile procedere ad un confronto sistematico dei genomi dei bovini di epoca romana con quelli degli animali moderni a causa del limitato quantitativo di informazione di sequenza ($\leq 1\%$), tuttavia la presenza di DNA di origine bovina è stata ulteriormente confermata dall'analisi tassonomica del DNA totale (fig. 3). I risultati dell'analisi condotta col software MEGAN hanno inoltre evidenziato che la maggior

parte dell'informazione di sequenza era rappresentata da DNA moderno di origine ambientale, derivante da microrganismi del suolo, invertebrati, piante, funghi ecc. (fig. 3).

VERIFICA DELLA PRESENZA DI UNA MUTAZIONE GENETICA RESPONSABILE DELL'AUMENTO DI DIMENSIONI NEI BOVINI MODERNI

Una recente ricerca, condotta presso l'Universidade Estadual Paulista (Araçatuba, Sao Paulo, Brasile) partendo da sequenze genomiche di bovini moderni europei ed extraeuropei, ha permesso di localizzare e caratterizzare all'interno del gene PLAG1 (Pleiomorphic Adenoma Gene 1) una mutazione potenzialmente associata all'aumento di taglia dei bovini verificatosi a partire dal tardo Medioevo. La taglia dei bovini domestici ha subito fluttuazioni ricorrenti nel corso dell'evoluzione: i resti archeologici attestano che, partendo dalle dimensioni dell'uro *Bos primigenius* che aveva un'altezza al garrese di 1,8-2,0 m, dopo la domesticazione avvenuta circa 10 mila anni a.C. si assistette a (fig. 4):

- una riduzione della taglia verificatasi lungo la direttrice geografica diretta dall'Asia sudoccidentale all'Europa nordoccidentale nel periodo compreso tra la domesticazione e circa 2000 anni fa;
- un aumento di dimensioni in epoca romana fino al III sec. d.C. circa;
- una nuova diminuzione della taglia in epoca medievale;
- un recupero di statura dal XV secolo d.C. in poi.

Secondo le analisi condotte da UTSUNOMIYA *et alii* 2017 sulle sequenze dei genomi moderni, la

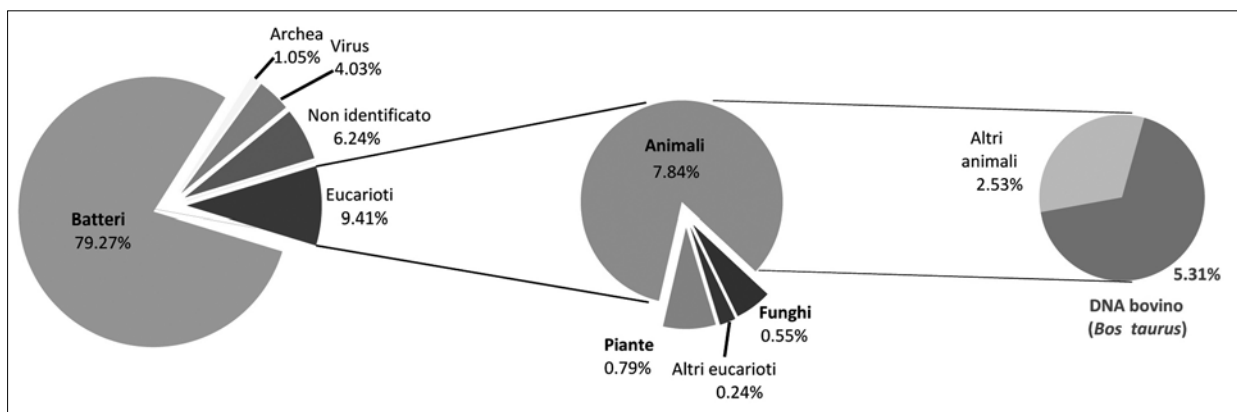


Fig. 3. Composizione tassonomica del DNA totale estratto dai cinque reperti di bovini antichi rinvenuti presso il sito di Muris di Moruzzo (UD).

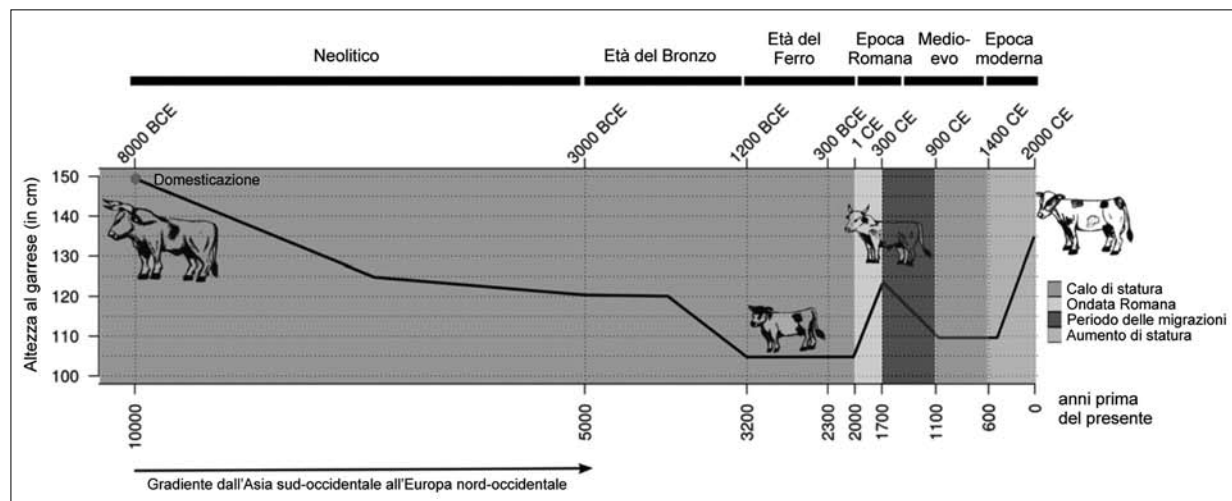


Fig. 4. Rappresentazione schematica delle fluttuazioni delle dimensioni corporee medie dei bovini domestici dalla domesticazione ad oggi. BCE “Before the Common Era” = prima del presente (adattato da UTSUNOMIYA *et alii* 2017).

mutazione responsabile dell’incremento di taglia più recente, verificatosi nel corso degli ultimi cinque-sei secoli, sarebbe localizzata all’interno del gene *PLAG1*. Tale mutazione, denominata Q e causata dalla presenza della variante genetica (allele) “C” in una specifica posizione del DNA nucleare, sarebbe insorta in epoca medievale nell’Europa nord-occidentale, insieme a un’altra mutazione responsabile dell’assenza di corna, localizzata in un gene diverso. Dal centro di origine a nord-ovest, la mutazione Q si sarebbe poi diffusa nel resto d’Europa nei secoli successivi, fino a raggiungere frequenze elevate nei bovini moderni di alcune aree. L’ipotesi di un’origine relativamente recente della mutazione Q era supportata anche dai risultati del confronto dei dati genomici moderni con le sequenze del DNA di *B. primigenius* presenti in banche dati. La variante “C” risulta infatti assente nel genoma degli antenati selvatici risalenti a prima della domesticazione.

Il secondo studio effettuato sui campioni di bovini di Muris presso il laboratorio BioDNA ha previsto la caratterizzazione della regione del gene *PLAG1* in cui la mutazione Q è presente negli animali moderni. Sulla base dell’ipotesi di una probabile origine della mutazione Q nell’Europa nord-occidentale nel periodo medievale, la variante “C” associata all’aumento di taglia dovrebbe essere assente sia in bovini antichi di età pre-medievale sia in bovini medievali di altre aree europee. L’amplificazione in PCR della regione del gene *PLAG1* circostante la mutazione Q, seguita da clonaggio in vettore batterico e sequenziamento diretto dei prodotti amplificati, ha permesso di confermare la mancanza della variante “C” in tutti gli esemplari di bovino del sito di Muris di Moruzzo. Per raccogliere ulteriori evidenze sperimentali su tempi e origini geografiche della mutazione Q, campioni antichi di bovini di diversa età e provenienza (tab. 1) sono stati analizzati con le stesse

Campione	Tipologia	Provenienza	Epoca
#159	Osso petroso dx*	Hofstadir, Islanda	X secolo d.C.
#159	Osso petroso sx*	Hofstadir, Islanda	X secolo d.C.
#2439	Osso petroso*	Hofstadir, Islanda	XV secolo d.C.
MU15	Molare	Muris (UD), Italia	IV-V secolo d.C.
MU18	Osso lungo	Muris (UD), Italia	IV-V secolo d.C.
US123	Molare	Tor dei Pagà (BS), Italia	XIII-VIV secolo d.C.
US124	Molare	Tor dei Pagà (BS), Italia	XIII-VIV secolo d.C.

Tab. 1. Campioni analizzati per confermare la presenza/assenza della mutazione Q del gene *PLAG1* ritenuta responsabile dell’aumento di taglia nei bovini moderni dal XV secolo ad oggi. La tabella riporta tipologia, provenienza e epoca d’origine dei reperti. L’asterisco * contraddistingue i campioni prelevati da crani privi di corna.

metodiche mostrando che la variante “C” è assente in bovini medievali (2 campioni) del XIII-XIV secolo rinvenuti presso il sito di Tor dei Pagà in Italia settentrionale (BS), ma è presente in esemplari privi di corna di epoca medievale e tardo-medievale (3 campioni, X-XV secolo) provenienti dal sito di Hofstadir in Islanda.

Nel complesso i risultati ottenuti dalla caratterizzazione della regione bersaglio nel gene PLAG1 sono in linea con l’ipotesi dell’insorgenza della mutazione Q in Europa nord-occidentale nel corso del Medioevo.

RINGRAZIAMENTI

Si ringraziano Maurizio Buora e Massimo Lava-

rone della Società Friulana di Archeologia (Udine); Eleonora Di Centa, Alessandro Spadotto, Slobodanka Radovic e Federica Cattonaro di IGA Technology Services (Udine); Raffaele Testolin del Dipartimento di Scienze Agrarie ed Ambientali, Facoltà di Agraria, Università di Udine; Vania Patrone della Facoltà di Scienza agrarie, alimentari e ambientali dell’Università Cattolica del S. Cuore di Piacenza; il prof. Josè Fernando Garcia e il suo gruppo di ricerca della Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP Univ. Estadual Paulista (Araçatuba, Brasile); il prof. George Hambrech del Department of Anthropology, University of Maryland (College Park, USA); il prof. Marco Sannazaro e la dott.ssa Deneb Cesana del Dipartimento di Storia, Archeologia e Storia dell’Arte, Facoltà di Lettere e Filosofia, Università Cattolica del Sacro Cuore di Milano.

BIBLIOGRAFIA

- ROHLAND N., HOFREITER M. 2007 – *Ancient DNA extraction from bones and teeth*, “Nature Protocols”, 2, pp. 1756–1762 (doi:10.1038/nprot.2007.247).
- UTSUNOMIYA Y.T., MILANESI M., UTSUNOMIYA A.T.H., TORRECILHA R.B.P., KIM E-S., COSTA M.S., AGUIAR T.S., SCHROEDER S., CARMO A.S., CARVALHEIRO R., NEVES H.H.R., PASULA R.C.M., SUSSAI T.S., ZAVAREZ L.B., CIPRIANO R.S., CAMINHAS M.M.T., HAMBRECHT G., COLLI L., EUFEMI E., AJMONE MARSAN P., CESANA D., SANNAZARO M., BUORA M., MORGANTE M., LIU G., BICKHART D., VAN TASSELL C.P., SÖLKNER J., SONSTEGARD T.S., GARCIA J.F. 2017 – *A PLAG1 mutation contributed to stature recovery in modern cattle*, “Scientific Reports”, 7, articolo numero 17140 (doi:10.1038/s41598-017-17127-1).

Riassunto

I resti di quattro esemplari di bovino, rinvenuti presso lo scavo della *villa rustica* trado romana (IV-V secolo d.C.) in località Muris di Moruzzo (UD), sono stati caratterizzati tramite analisi del DNA antico (aDNA). Partendo da denti e ossa lunghe, l’estrazione del DNA è stata effettuata seguendo stringenti protocolli anti-contaminazione presso il Centro di Ricerca BioDNA dell’Università Cattolica del S. Cuore di Piacenza (<http://centridiricerca.unicatt.it/biodna>), in un laboratorio dedicato all’analisi dei campioni antichi. Il DNA estratto è stato utilizzato per condurre due diversi studi: 1) la caratterizzazione, tramite analisi tassonomica delle informazioni di sequenza, del DNA totale, compreso quello di origine ambientale; 2) la conferma di una mutazione all’interno del gene PLAG1 ritenuta responsabile dell’aumento di statura nei bovini moderni. Per il primo studio, dopo la costruzione delle librerie genomiche i campioni sono stati sequenziati su una piattaforma Illumina® MiSeq. Effettuato il controllo qualità, i dati ottenuti sono stati analizzati con il software mapDamage per identificare le sequenze che presentavano un riscontro sul genoma bovino di riferimento e quantificare le modificazioni di sequenza tipiche del DNA antico. Circa l’1% dell’informazione genetica è rappresentato da DNA antico di origine bovina. L’analisi tassonomica effettuata con il software MEGAN ha mostrato che il DNA restante presente nei campioni antichi appartiene ad organismi moderni (funghi, piante, batteri del suolo ecc) e deriva da una contaminazione di origine ambientale. Nel corso della seconda indagine, la regione genomica circostante la mutazione candidata Q è stata amplificata in PCR e caratterizzata tramite clonaggio in vettore batterico e sequenziamento diretto in un gruppo di sette campioni comprendenti: tre ossi petrosi prelevati da crani privi di corna provenienti dal sito di medievale di Hofstadir in Islanda (X-XV secolo d.C.); un molare e un osso lungo rinvenuti presso lo scavo di Muris di moruzzo, e due molari dal sito medievale di Tor dei Pagà in provincia di Brescia (XIII-XIV secolo d.C.). Il pattern di presenza/assenza della mutazione candidata Q nei campioni antichi di diversa età e provenienza geografica è risultato in linea con l’ipotesi di un’origine della mutazione nell’Europa nordoccidentale in epoca medievale e una sua successiva diffusione nel resto del continente durante i secoli successivi.

Parole chiave: DNA antico; bovini; *Bos taurus*; DNA ambientale; aumento di statura.

Abstract: Characterization of ancient DNA from Late Roman Age cattle of North-Eastern Italy: preliminary results

The preliminary results of the molecular characterization of 4 *Bos taurus* individuals of late Roman period (IV-V century AD) are here presented. The cattle remains have been found during the excavation of a *villa rustica* at the archaeological site of Muris di Moruzzo (province of Udine) in North-Eastern Italy. Ancient cattle DNA (aDNA) has been extracted from teeth and long bones in a dedicated lab facility at the BioDNA Research Centre of Università Cattolica del S. Cuore (Piacenza, Italy; <http://centridiricerca.unicatt.it/biodna>), following stringent protocols for ancient samples analysis. The extracted aDNAs have been used for two different research purposes, namely 1) the characterization of the total DNA including that of environmental origin by taxonomic analysis of the sequence reads, and 2) the confirmation of a mutation within the gene PLAG1 contributing to stature recovery in modern compared to Medieval cattle.

For the first study, after the construction of genomic libraries, the individually tagged samples have been sequenced on an Illumina® MiSeq platform to characterize the cattle genomes. After quality control and filtering, sequence reads were analysed with mapDamage software to track and quantify DNA damage patterns typical of aDNA and subsequently mapped on the *B. taurus* reference genome. About 1% of total reads likely represented endogenous cattle aDNA. An analysis with MEGAN software showed that the remaining reads belonged to modern DNA of environmental origin (mostly fungi, plants and soil microorganisms). In the course of the second study, the genomic region surrounding the candidate mutation Q for stature recovery has been amplified via PCR and further characterized by cloning and direct sequencing in a set of seven samples including: three petrous bones retrieved from hornless skulls excavated at the Medieval site of Hofstadir in Iceland (10th-15th century AD); one molar tooth and one long bone from the cattle remains found at the site of Muris (Late Roman age, 4th-5th century AD), and two molar teeth from the Medieval site of Tor dei Pagà in Northern Italy (13th-14th cen. AD, province of Brescia). The presence/absence of the candidate mutation Q in ancient samples from different ages and locations is in line with the hypothesis of a north-western European origin of the mutation in the Middle Ages, and its subsequent spread in the rest of Europe during the following centuries.

Keywords: ancient DNA; cattle; *Bos taurus*; environmental DNA; stature recovery.

Licia Colli

Ricercatrice e responsabile del laboratorio di DNA antico
DIANA e Centro di Ricerca sulla Biodiversità e sul DNA Antico
Università Cattolica del S. Cuore di Piacenza _ via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza
licia.colli@unicatt.it

Elisa Eufemi

Assegnista di ricerca DIANA e Centro di Ricerca sulla Biodiversità e sul DNA Antico
Università Cattolica del S. Cuore di Piacenza _ via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza
elisa.eufemi@unicatt.it

Marco Milanese

post-doc Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP_Univ. Estadual Paulista_ Rua Clóvis Pestana,
793 - 16050-680_Araçatuba (SP)_Brasile
marco.milanesi.mm@gmail.com

Michele Morgante

Professore Ordinario_ Istituto di Genomica Applicata
Dipartimento di Scienze Agrarie ed Ambientali, Università di Udine
michele.morgante@uniud.it

Paolo Ajmone Marsan

Professore Ordinario – DIANA e Centro di Ricerca sulla Biodiversità e sul DNA Antico
Università Cattolica del S. Cuore di Piacenza _ via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza
paolo.ajmone@unicatt.it