

Geni, popolazioni e lingue

L'albero genealogico delle popolazioni umane corrisponde all'albero delle lingue parlate nel mondo: entrambi presuppongono migrazioni che, a quanto indicano i dati biologici, avrebbero avuto origine in Africa

di Luigi Luca Cavalli-Sforza

Oltre quarant'anni fa, nel laboratorio di Sir Ronald A. Fisher all'Università di Cambridge, dove stavo studiando genetica batterica, l'atmosfera era saturata di modelli matematici. Non sorprende, dunque, che proprio allora cominciai a pensare a un progetto tanto ambizioso da apparire quasi folle: la ricostruzione del luogo d'origine delle popolazioni umane e delle vie lungo le quali esse si sono poi diffuse nel mondo. Secondo me, questa impresa poteva essere portata a compimento misurando quanto stretto fosse il grado di affinità delle popolazioni viventi e deducendo da questa informazione un albero genealogico completo.

Il traguardo è ormai a portata di mano. Un'analisi esauriente dei dati di genetica umana raccolti negli ultimi cin-

quant'anni e dei nuovi dati ottenuti con tecniche messe a punto di recente ha permesso ai miei colleghi e a me di cartografare la distribuzione di centinaia di geni su scala mondiale. Da questa mappa abbiamo potuto dedurre le linee filogenetiche delle popolazioni del mondo. Il nostro albero genealogico concorda con un altro albero che comprende un numero minore di popolazioni, costruito a partire da dati genetici fondamentalmente diversi. Inoltre la nostra ricostruzione trova parallelismi sorprendenti in una recente classificazione delle lingue. Pertanto i geni, le popolazioni e le lingue si sono irradiati parallelamente mediante una serie di migrazioni che hanno avuto origine, a quanto pare, in Africa e si sono poi diffuse attraverso l'Asia in Europa, nel Nuovo Mondo e nel Pacifico.

Il concetto di albero genealogico ha un'importanza fondamentale per collocare tali eventi in una sequenza cronologica. Se gli altri fattori sono uguali, quanto più lungo è il periodo di tempo trascorso dalla separazione di due popolazioni, tanto maggiore dovrebbe essere la differenza (o distanza) genetica tra queste ultime. L'analisi potrebbe allora essere utilizzata anche per ricostruire una storia più complessa, riguardante tre o più popolazioni.

Talvolta per le popolazioni umane si ricorre alla denominazione di gruppi etnici o «razze», anche se il razzismo ha reso il secondo termine alquanto detestabile. Le popolazioni umane sono difficilmente definibili in un modo che sia nel contempo rigoroso e utile perché gli esseri umani si raggruppano in una sbalorditiva varietà di sistemi - alcuni dei

quali si sovrappongono parzialmente - tutti in continua trasformazione. Le lingue ci danno, però, qualche aiuto.

La specie umana, per buona parte della sua storia e in alcuni casi ancora oggi, è stata organizzata in tribù di piccole dimensioni, gruppi di persone con un legame di parentela piuttosto stretto. Inoltre vi è spesso una corrispondenza biunivoca tra lingua e tribù. Le lingue offrono così una guida sommaria alla tribù di appartenenza e questa, quando la si conosce, permette una classificazione a grandi linee delle popolazioni.

Dato che la situazione è molto più complicata nelle società metropolitane, abbiamo limitato i problemi focalizzando il nostro studio sulle popolazioni aborigene, cioè su quelle popolazioni che occupavano i loro territori attuali già prima delle grandi ondate migratorie avvenute in seguito ai viaggi di scoperta del Rinascimento. Le distanze genetiche tra questi gruppi aborigeni non si possono ricavare dalla presenza o dall'assenza di un unico carattere ereditario, o del gene che lo esprime, perché ogni gruppo contiene in pratica tutti i geni umani ancora esistenti; ciò che varia è invece la frequenza con cui si manifestano i geni.

Un buon esempio viene fornito dal vasto insieme di dati sul fattore Rh, un antigene del sangue umano, che viene ereditato come Rh positivo o negativo in modo semplice e diagnosticabile in laboratorio. Per la sua importanza in medicina, esso è stato studiato in migliaia di popolazioni. I medici devono identificare le gestanti Rh-negative il cui feto sia Rh-positivo, e sottoporle subito dopo il parto a un trattamento immunologico che impedisca loro di produrre anticorpi che potrebbero danneggiare i figli concepiti successivamente. I geni per il fattore Rh-negativo sono frequenti in Europa, rari in Africa e nell'Asia occidentale e pressoché assenti nell'Asia orientale e tra le popolazioni aborigene dell'America e dell'Australia (si veda l'illustrazione a pagina 20).

Si può stimare l'affinità genetica sottraendo, per esempio, la percentuale di

individui Rh-negativi tra gli inglesi (16 per cento) dalla stessa percentuale tra i baschi (25 per cento), trovando una differenza di nove punti percentuali, ma tra gli inglesi e gli abitanti dell'Asia orientale la differenza diventa di 16 punti, una distanza maggiore che forse sottintende una separazione più antica dei due gruppi. Non vi è così nulla di eccezionale nel concetto di distanza genetica.

In realtà i genetisti usano formule un poco più complicate della semplice sottrazione, in modo che le distanze possano fornire il più alto contenuto di informazioni circa la storia evolutiva umana. Per esempio, se un'unica popolazione si frammentasse in varie parti completamente separate l'una dall'altra, tali sottopopolazioni si differenzierebbero anche in assenza di mutazioni e di selezione naturale (si veda l'articolo *La genetica delle popolazioni umane* di L. L. Cavalli-Sforza in «Le Scienze» n. 79, marzo 1975). Il semplice caso può modificare le rispettive frequenze geniche di queste sottopopolazioni nel processo chiamato «deriva genetica».

Qualora gli altri fattori evolutivi (diversi dalla deriva genetica) si mantenessero immutati, la distanza genetica aumenterebbe in modo semplice e regolare con il passare del tempo. Quanto più tempo è trascorso dalla separazione di due popolazioni, tanto maggiore è la distanza genetica tra di esse. Pertanto la distanza genetica potrebbe fungere da orologio con cui datare la storia evolutiva. Considerazioni statistiche, tuttavia, mettono in evidenza l'impossibilità da parte di un singolo gene, come quello per il fattore Rh, di fornire una cronologia precisa. Nel calcolo delle distanze genetiche e, idealmente, nella successiva verifica delle conclusioni con differenti gruppi di geni è essenziale servirsi delle medie di molti geni. Per fortuna i geni noti sono migliaia, anche se soltanto una piccola percentuale è stata esaminata in diverse popolazioni.

La ricostruzione degli alberi genealogici a partire dalle distanze genetiche si basa su numerosi principi. Un esempio è fornito da un albero genealogico che

considera 15 popolazioni, pubblicato 27 anni fa da Anthony W. F. Edwards, oggi all'Università di Cambridge, e da me. Esso è stato ricavato a partire da distanze calcolate dalle informazioni genetiche allora disponibili, secondo la formula di Edwards del «cammino genetico minimo». Essenzialmente, questo metodo permette di ricavare l'albero che ha la minima lunghezza totale dei rami. Quando quest'albero viene proiettato su una mappa del globo, in modo che i punti di ramificazione coincidano con le aree abitate oggi dalle popolazioni in esame, lo schema che ne emerge coincide grosso modo con le ricostruzioni antropologiche di antiche migrazioni (si veda l'illustrazione a pagina 21 in alto).

Purtroppo non disponiamo di alcuna prova incontrovertibile che la formula del cammino genetico minimo offra il modo migliore per adattare un albero filogenetico ai dati. Altri metodi di costruzione degli alberi possono essere più soddisfacenti nel correlare la lunghezza dei rami al tempo trascorso e nel trovare una «radice» databile dell'albero stesso (si veda l'illustrazione a pagina 21 in basso). Quando è possibile, la radice mette in rapporto le popolazioni a un gruppo esterno, per esempio gli scimpanzé che si sarebbero distaccati dalla linea evolutiva che ha condotto agli esseri umani tra cinque e sette milioni di anni fa. Se si assume che la velocità del cambiamento evolutivo sia costante lungo tutti i rami, si possono equiparare le lunghezze dei rami al tempo trascorso dal momento in cui si sono formati. Tuttavia, questi alberi con «radice» (punto di origine) possono dare indicazioni fuorvianti se in alcuni rami il cambiamento evolutivo è stato più rapido che in altri.

Le tecniche matematiche della genetica delle popolazioni possono ridurre al minimo le distorsioni, permettendo di prevedere con esattezza le velocità di evoluzione. Il modello evolutivo che abbiamo scelto è il più semplice. Prevede che i rami evolvano con uguale velocità, ammesso che la deriva genetica sia la causa principale del cambiamento e che le varie popolazioni abbiano, in media,

Gruppi etnici e lingue



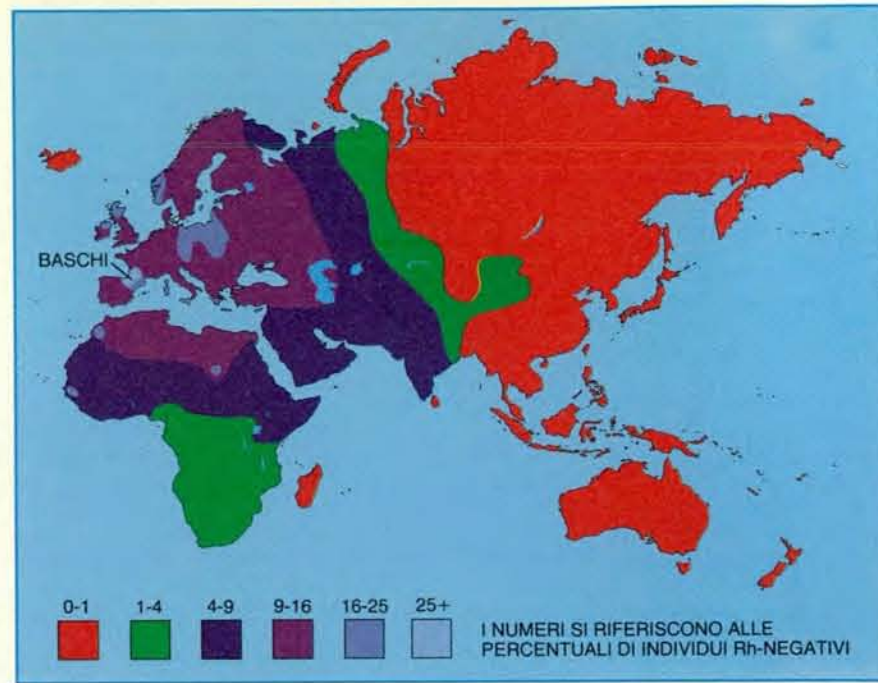
la stessa dimensione. Prove indipendenti confermano la prima affermazione, mentre una selezione ragionata delle popolazioni rende probabile la seconda. Quando le popolazioni sono grandi e vivono in territori che occupano interi continenti e per periodi di tempo che si estendono fino all'insediamento originario, è verosimile che le velocità di evoluzione siano costanti.

Con i colleghi Paolo Menozzi e Alberto Piazza, rispettivamente delle Università di Parma e di Torino, ho messo a punto un protocollo analitico comune nell'ambito del quale si possono studiare la storia e la geografia dei geni umani. In un progetto realizzato nell'arco di 12 anni, abbiamo studiato la mole di informazioni genetiche che si è accumulata negli ultimi cinquant'anni: più di 100 differenti caratteri ereditari ricavati da circa 3000 campioni prelevati da 1800 popolazioni. La maggior parte dei campioni includeva centinaia, se non addirittura migliaia di individui. Questo insieme di dati, cui abbiamo dato il nome di insieme «classico», è derivato indirettamente dalle proteine prodotte dai geni.

Inoltre abbiamo di recente sviluppato un secondo insieme, totalmente nuovo: si tratta di dati molecolari studiati direttamente nelle sequenze codificate del DNA contenuto nel nucleo cellulare. La maggior parte di questi dati da noi utilizzati è stata raccolta in uno studio settennale, realizzato in collaborazione tra il mio gruppo di ricerca alla Stanford University e quello di Kenneth K. e Judith R. Kidd del Dipartimento di genetica della Yale University. Anche se questi dati sono, sotto molti aspetti, di qualità superiore rispetto a quelli che si basano sui prodotti genici, finora essi riguardano soltanto un centesimo delle popolazioni studiate con il metodo precedente. Tuttavia, in ogni confronto che abbiamo effettuato finora, i dati molecolari concordano in modo eccellente con i dati classici.

Il nostro primo risultato suffraga una conclusione emersa da studi su reperti fossili umani e su manufatti: l'origine africana della nostra specie. Abbiamo trovato che le distanze genetiche tra africani e non africani superano quelle osservate in altri confronti fra popolazioni di continenti diversi. Questo risultato è esattamente quello che ci si aspetterebbe se, nell'albero filogenetico umano, la separazione dell'Africa fosse la prima e la più antica.

La distanza genetica tra africani e non africani è, in prima approssimazione, il doppio di quella tra australiani e asiatici e quest'ultima è più del doppio di quella tra europei e asiatici. I tempi di separazione corrispondenti indicati dalla paleoantropologia hanno analoghi rapporti: 100 000 anni per la separazione tra africani e asiatici, circa 50 000 anni per quella tra asiatici e australiani e da 35 000 a 40 000 anni per quella tra asia-



La mappa genica mostra che il fattore Rh negativo è assai comune tra i baschi e meno comune andando verso est. Tali dati indicano che i baschi conservano tracce di una primitiva popolazione europea successivamente mescolatasi con gruppi etnici provenienti dall'Asia.

tici ed europei. In questi casi, almeno, le nostre distanze genetiche servono come un orologio di discreta qualità.

Un orologio diverso e raffinato era stato escogitato da altri ricercatori che studiavano dati genetici di tipo fondamentalmente diverso rispetto ai nostri. I loro risultati più interessanti divennero disponibili solo quando avevamo quasi completato la nostra analisi, ma essi hanno confermato le nostre conclusioni in tutti i punti essenziali. Il sistema genetico da loro adottato riguarda il numero relativamente piccolo di geni codificati nel DNA dei mitocondri, organelli cellulari che presiedono alla produzione dell'energia necessaria alla cellula. Anche noi avevamo studiato inizialmente questi geni, ma il compianto Allan C. Wilson e collaboratori dell'Università della California a Berkeley hanno sviluppato metodi dotati di una migliore risoluzione. (Posso qui ricordare solo alcuni importanti contributi di Wilson nel campo dell'evoluzione molecolare. Egli è morto di leucemia acuta nel luglio 1991, all'età di 56 anni.)

I geni mitocondriali differiscono da quelli presenti nel nucleo per aspetti fondamentali. I geni del nucleo derivano in maniera uguale dal padre e dalla madre, mentre quelli mitocondriali vengono trasmessi alla prole quasi esclusivamente dalla madre. Questa forma semplice di eredità rende i geni mitocondriali molto convenienti per poter stimare le distanze genetiche. Essi hanno anche velocità di mutazione più elevate dei geni del nucleo, sicché si può in parte modificare la

determinazione statistica delle distanze genetiche calcolandole non a partire dalle frequenze geniche, ma dalle mutazioni nei geni stessi.

L'orologio mitocondriale si basa sul numero di mutazioni accumulate anziché sui cambiamenti nelle frequenze geniche. Mentre, secondo la nostra ipotesi, le frequenze geniche si sarebbero modificate a velocità costanti, il gruppo di Wilson postulò che fossero stati i geni mitocondriali a mutare a velocità costanti. Grazie alla natura di questi dati, è più facile determinare la radice di un albero mitocondriale che quella di uno nucleare. Basta confrontare il proprio albero con un campione di riferimento (il gruppo di Wilson faceva ricorso agli scimpanzé) di cui sia nota la data, o l'intervallo di date, di divergenza dall'insieme delle popolazioni in esame.

Sulla base di queste distanze il gruppo di Wilson ha ricavato un albero genealogico che mostra in Africa una differenziazione maggiore rispetto a qualsiasi altra parte del mondo. Questo risultato ha messo in evidenza che il DNA mitocondriale umano si è evoluto per la maggior parte del tempo in Africa, cioè esso può essere fatto risalire a un'unica donna africana. Inoltre è stato possibile datare i punti di ramificazione dell'albero confrontando i DNA degli esseri umani e degli scimpanzé, le cui linee di discendenza si sono distaccate l'una dall'altra circa cinque milioni di anni fa. Avendo calibrato in questo modo il loro albero, i ricercatori del gruppo di Wilson hanno potuto stimare le date delle ramificazio-



Geni e reperti archeologici narrano storie simili. Il più antico albero genetico (in rosso) è proiettato su una mappa: le estremità dei rami sono poste nelle patrie attuali (dischi rossi). Ricerche genetiche più

recenti indicano due possibili vie migratorie dall'Africa verso l'Asia (in giallo); i particolari di tali vie sono ipotetici. I numeri rappresentano le stime archeologiche sulle date dei primi insediamenti.

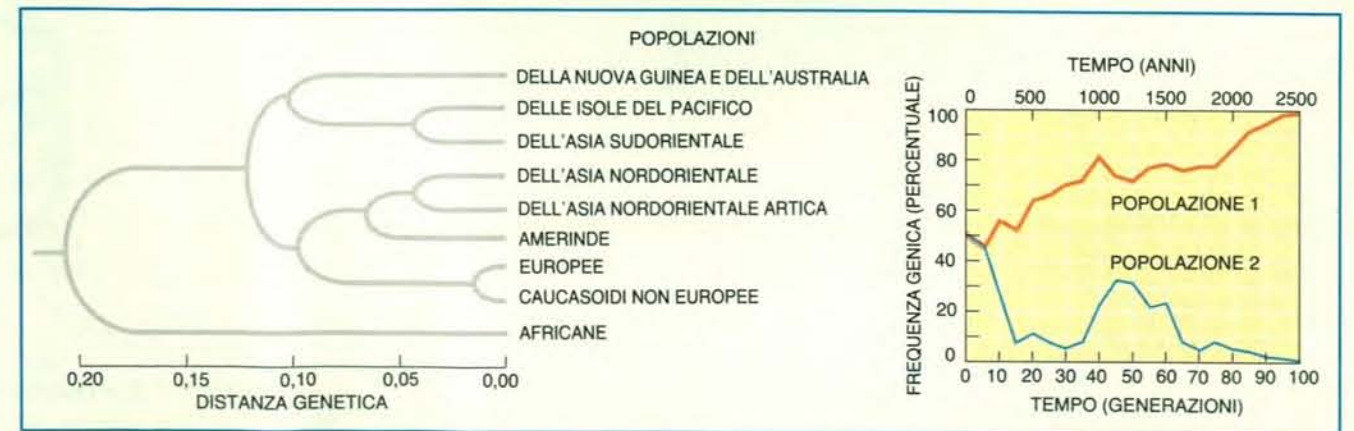
ni successive e, risultato della massima importanza, sono stati in grado di valutare che la donna africana «capostipite» visse tra 150 000 e 200 000 anni fa, confermando così le nostre conclusioni con mezzi del tutto indipendenti.

Di recente gli studiosi hanno spostato un poco più avanti la data stimata, ma la loro donna africana è ancora precedente la data che noi attribuiamo alla divergenza delle popolazioni africane e asiatiche. E, in effetti, ella dovrebbe essere più antica. Le due date si riferiscono a eventi diversi: la nascita di una singola donna e

la frammentazione di una popolazione alla quale quella donna apparteneva. I *mass media* hanno confuso le cose facendo abbondantemente circolare, a proposito di questa donna, il nome di «Eva». Di fatto, non abbiamo alcuna prova che vi sia mai stato un tempo in cui una sola donna visse sulla Terra. Molte altre donne potrebbero essere vissute nel medesimo lasso di tempo, ma le loro linee di discendenza mitocondriali si sarebbero semplicemente estinte.

Alcune di queste conclusioni rimangono controverse. Anche se i paleo-

antropologi concordano che il genere *Homo* si sia originato in Africa circa 2,5 milioni di anni fa e che la testimonianza fossile dell'*Homo sapiens* anatomicamente moderno risalga solo intorno a 100 000 anni fa in Africa o nelle zone circostanti, non tutti accettano la teoria della «diffusione dall'Africa». Alcuni ricercatori sostengono che esseri umani di tipo moderno comparvero in epoca molto più antica e contemporaneamente in diverse popolazioni del Vecchio Mondo (si veda l'articolo *La comparsa dell'uomo moderno* di Christopher B. Stringer



Cambiamenti nei geni producono, al passare del tempo, una differenziazione genetica come quella che si rispecchia nell'albero filogenetico rappresentato qui sopra. Un modello della deriva genetica (a destra), che è uno dei meccanismi evolutivi secon-

do cui avviene il cambiamento, può essere ottenuto al calcolatore. Quando due metà di una popolazione si separano, i geni portati da ognuna hanno frequenze in un primo momento uguali, ma il tempo e il caso possono finire per farle evolvere in direzioni opposte.

in «Le Scienze» n. 270, febbraio 1991).

Non solo abbiamo localizzato i primissimi uomini moderni in Africa, ma abbiamo anche individuato le tracce di una serie di ondate migratorie. Tale quadro ci fornisce molte informazioni sull'origine delle popolazioni attuali. Inoltre il collegamento tra il nostro lavoro e quello dei linguisti e degli archeologi promette di rivelare informazioni ancora più dettagliate.

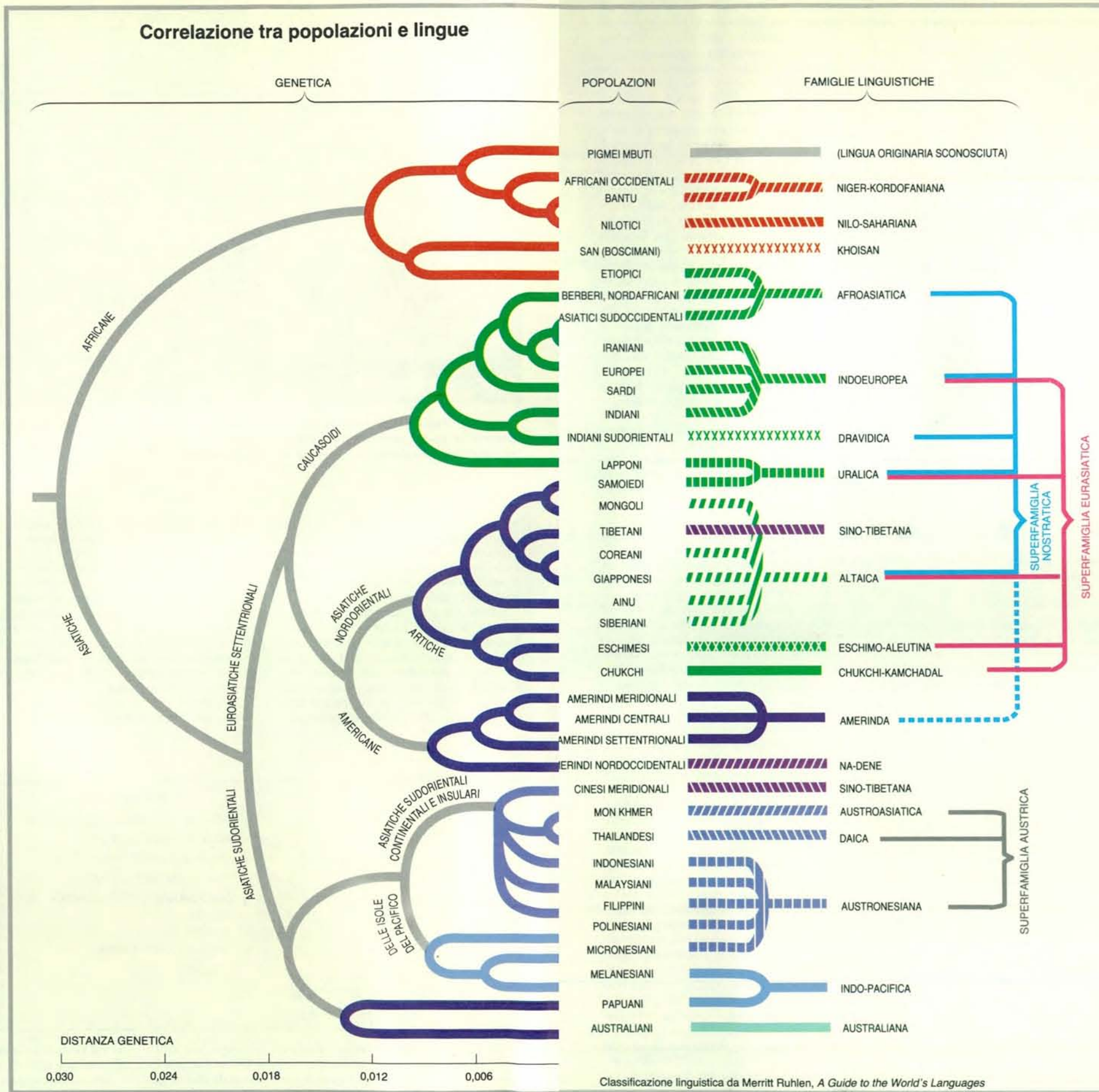
In generale, i processi migratori riflettono cambiamenti che possono essere visti nel tempo come pressioni e come opportunità. A più riprese gli esseri umani e gli ominidi loro progenitori hanno subito un notevole incremento numerico e hanno potuto così espandersi geograficamente. Questo successo demografico sarebbe soprattutto il risultato di sviluppi culturali che, per il periodo preistorico, devono potersi dedurre dalla documentazione archeologica. Questa fonte, costituita per la maggior parte da ossa e da utensili in pietra, indica che l'Africa è stata effettivamente la terra d'origine degli ominidi. Dall'Africa, le migrazioni hanno proceduto verso l'Asia attraverso l'istmo di Suez e, in seguito, dall'Asia in Europa. In queste regioni gli ominidi si insediarono forse un milione di anni fa.

Lo stadio successivo è più difficile da documentare perché dipende dall'epoca in cui si pensa che gli uomini moderni si siano separati dagli ominidi. Comunque è chiaro che questo distacco si era già verificato quando gli esseri umani si diffusero dall'Asia alle Americhe, un evento che aveva dovuto attendere il prosciugamento dello Stretto di Bering e un clima sufficientemente mite da permettere il passaggio via terra. Anche l'insediamento in Australia e nelle isole del Pacifico deve essersi realizzato solo di recente, una volta acquisita una certa padronanza della navigazione marittima.

Sembra che l'Australia sia stata occupata da popolazioni provenienti dall'Asia sudorientale perlomeno 40 000 anni fa e forse anche da 10 000 a 20 000 anni prima di questa data. Gli archeologi sono, invece, discordi sulla data del primo ingresso nelle Americhe. Finora i primi documenti pienamente convincenti della presenza di esseri umani in Alaska risalgono a circa 15 000 anni fa, ma sembra che alcuni siti in America Meridionale risalgano a epoche precedenti. Pertanto le stime vanno da 15 000 a 35 000 anni fa. I nostri dati relativi ai geni presenti nel nucleo cellulare fanno ipotizzare un'inizio dell'insediamento attorno a 30 000 anni fa.

L'Europa è stata attraversata da molte ondate migratorie, che però non hanno cancellato le vestigia dei primissimi insediamenti. Una chiave di questo enigma è stata proposta nel 1954 da Arthur E. Mourant, uno dei primi studiosi di «geografia dei geni», allora al Population Genetics Laboratory del Medical Research Council a Londra. Secondo la sua ipote-

Correlazione tra popolazioni e lingue



si, i baschi (popolazione della Spagna settentrionale e della Francia sudoccidentale), i più antichi abitanti dell'Europa, avrebbero conservato parte della costituzione genetica originaria malgrado i contatti successivi. Questa teoria è sostenuta da dati sul gene per il fattore Rh negativo: nei baschi questo gene ha una incidenza superiore a quella di qualsiasi altra popolazione al mondo. Ricerche compiute su molti altri geni confermano l'ipotesi, così come gli studi sulle profonde differenze tra la lingua dei baschi e quelle delle popolazioni vicine.

Un'analisi recente delle variazioni geniche nelle diverse regioni d'Europa ha permesso di proporre un modello di come sarebbero avvenuti gli insediamenti in tutta Europa. In base a esso, i primi coltivatori del Neolitico avrebbero portato i loro geni, la loro cultura e le lingue indoeuropee dal Medio Oriente all'Europa in un processo di lenta espansione (si veda l'articolo *Le origini delle lingue indoeuropee* di Colin Renfrew in «Le Scienze» n. 256, dicembre 1989). Dato che gli antenati dei baschi vivevano nella regione più lontana dall'origine di questo movimento di espansione, essi si sono con tutta probabilità mescolati minimamente con i coltivatori.

Si può soltanto sperare di identificare insediamenti che riflettano le migrazioni che hanno avuto successo. Potrebbero esservi state anche migrazioni geneticamente insignificanti. Nelle Americhe, per citare un esempio molto recente, i vichinghi stabilirono insediamenti di breve durata, ma il contributo che potrebbero aver dato al patrimonio genico locale non è valutabile.

Il nostro terzo importante risultato è stato l'aver stabilito una correlazione assai buona tra la distribuzione dei geni e quella delle lingue. Abbiamo così concluso che in certi casi una lingua o una famiglia di lingue può servire a identificare una popolazione in senso genetico. Un esempio degno di nota è dato dalle quasi 400 lingue della famiglia bantu dell'Africa centrale e meridionale, che sono correlate l'una all'altra e corrispondono strettamente ai confini tribali e alle affiliazioni genetiche fra tribù. La ragione del fenomeno era stata proposta su basi linguistiche negli anni cinquanta da Joseph H. Greenberg di Stanford.

Secondo l'ipotesi di Greenberg, che ha ricevuto da allora un ampio consenso, le lingue bantu sono derivate da un'unica lingua, o da un piccolo gruppo di dialetti molto affini, parlati dai primi agricoltori nella parte orientale della Nigeria e nel Camerun. Quando gli agricoltori si diffusero nell'Africa centrale e meridionale, a partire almeno da 3000 anni fa, le loro lingue si differenziarono, ma non tanto da mascherarne l'origine comune. Poiché la spiegazione vale anche per i geni di queste popolazioni, il termine «bantu» (in origine una categoria linguistica) può oggi essere esteso a desi-

gnare un gruppo di popolazioni che hanno una base comune sia genetica sia linguistica.

Nel 1988 i miei collaboratori e io abbiamo pubblicato un albero genetico delle origini evolutive di 42 popolazioni, assieme alle rispettive affiliazioni linguistiche, che dimostra come il raggruppamento genetico delle popolazioni nel mondo coincida strettamente con quello delle lingue. Con pochissime eccezioni, sembra che le famiglie linguistiche abbiano, nel nostro albero genetico, un'origine abbastanza recente. Inoltre tentativi da poco compiuti da due gruppi di linguisti di generare categorie linguistiche di livello più elevato («superfamiglie») hanno dato risultati anch'essi in linea con i dati genetici, del tutto indipendenti. È stato emozionante trovare che avevamo confermato un'ipotesi avanzata nientemeno che da un pioniere come Charles Darwin, il quale, nel capitolo 14 di *L'origine delle specie per selezione naturale*, sosteneva che, se si fosse conosciuto l'albero dell'evoluzione genetica, si sarebbe potuto prevedere quello dell'evoluzione linguistica.

Perché l'evoluzione genetica e l'evoluzione linguistica dovrebbero avere una così stretta corrispondenza? La risposta sta non nel determinismo genetico, ma nella storia: i geni non controllano la lingua, ma sono piuttosto le circostanze della nascita a determinare le lingue alle quali l'individuo è esposto. Le differenze linguistiche possono generare o rafforzare le barriere genetiche tra popolazioni, ma è improbabile che siano la causa principale della correlazione. L'evoluzione umana è costellata dalla frammentazione di popolazioni in parti, alcune delle quali vanno a insediarsi altrove. Ogni parte è soggetta a un'evoluzione linguistica e genetica che porta le tracce dei punti di ramificazione comuni. Pertanto è inevitabile che ci sia qualche correlazione.

Si può obiettare che una separazione completa, come quella che si ha quando un gruppo staccatosi da una popolazione migra in un nuovo continente, deve essere un evento raro. Ma per isolare due popolazioni non è necessaria la frangibilità di oceani o catene montuose: basta la semplice distanza, come dimostrano gli studi genetici compiuti su molte specie animali. Dato che l'interscambio che si ha con le migrazioni è normalmente più grande a brevi distanze, ci si aspetta, e si trova, un grado tanto più elevato di differenza genetica quanto più distanziate sono tra loro le popolazioni; lo stesso accade per le lingue. Quando non vi siano barriere particolari, le variazioni sia genetiche sia linguistiche tendono a essere continue, mentre la discontinuità compare in entrambe quando esistono barriere alla libera migrazione.

Si dovrebbe richiamare l'attenzione su

due tipi di eccezioni alla nostra regola della corrispondenza tra geni e lingue: le eccezioni in cui vi è una sostituzione di geni. Le prime si hanno quando un gruppo di persone sostituisce una nuova lingua alla propria lingua di origine, sotto l'influsso, per esempio, di immigranti, o di conquistatori, o di una nuova élite culturale. Tuttavia questo genere di sostituzioni non avviene sempre ed è meno probabile che accada quando la nuova



Un campione di sangue viene prelevato dall'autore a un membro della tribù Aka dei pigmei africani.

lingua deriva da una famiglia linguistica diversa. La lingua basca è un caso estremo di relitto linguistico evidentemente sopravvissuto a millenni di continui sconvolgimenti linguistici nelle regioni confinanti.

La sostituzione dei geni, generalmente parziale, avviene quando una popolazione si mescola con un'altra. Il rimescolamento può essere assolutamente graduale e influenzare la frequenza relativa di tutti i geni in uguale proporzione. Questa gradualità distingue in maniera netta i geni dalle lingue che, per principio, o sono sostituite o non lo sono affatto. Una lingua conserva l'integrità di origine anche se adotta un gran numero di parole di un'altra famiglia o sottofamiglia linguistica. I linguisti concordano, per esempio, sul fatto che l'inglese rimanga una lingua della sottofamiglia germanica, malgrado le parole di derivazione francese, greca e latina. Ciò che importa è che la struttura e il vocabolario di base conservino i caratteri della famiglia.

Questa differenza significa che, quando una ristretta minoranza impone la propria lingua alla maggioranza che ha conquistato, la sostituzione della lingua è quasi completa, mentre la sostituzione dei geni è proporzionale al rapporto de-

mografico. Per esempio gli ungheresi parlano una lingua originaria degli Urali (catena montuosa che divide l'Europa dall'Asia) imposta dai conquistatori magiari nel Medioevo, mentre hanno una costituzione genetica tipicamente europea. Solo con qualche difficoltà è possibile scoprire tracce di geni magiari nella popolazione ungherese contemporanea.

La sostituzione genica su vasta scala è forse più rara, ma nella nostra coppia di alberi complementari si può notare almeno un caso probabile: quello dei lapponi, o Saame, della Scandinavia settentrionale. Anche la loro lingua appartiene alla famiglia uralica, mentre la loro struttura genetica fa pensare a un miscuglio tra le popolazioni mongoloidi della Siberia e gli scandinavi, che sono responsabili della maggioranza dei geni. Il rimescolamento genico è evidente anche nei capelli e nel colorito dei lapponi, molto variabili dal chiaro allo scuro. Una situazione non dissimile da quella dei lapponi si ha tra gli etiopi, miscuglio genetico di africani e di caucasoidi provenienti dall'Arabia, con predominanza dei primi.

Anche un modesto flusso di geni può produrre effetti rilevanti se si prolunga per un tempo sufficiente. Un esempio classico è quello degli afroamericani, il cui patrimonio genico deriva oggi per il 30 per cento in media da individui di origine europea. Questo risultato si spiegherebbe se a ogni generazione il 5 per cento di tutte le unioni dei neri fosse avvenuto con europei fin dagli albori della schiavitù in America e se tutti i discendenti di queste unioni fossero stati classificati come neri. Altri 1000 anni di questo processo lascerebbero ben poco dell'originario genoma africano.

Può forse sorprendere che la prevista correlazione tra lingue e geni permanga nel tempo in misura così rilevante nonostante il rimescolamento causato dalle sostituzioni di geni o di lingue. In parte ciò può essere dovuto al fatto che ci siamo concentrati sulle popolazioni aborigene. In ogni caso, altre analisi confermano oggi l'esistenza di questa correlazione a livello microgeografico, talvolta in modo superiore alle attese. Forse l'esempio più sorprendente è dato dalla stretta concordanza tra la nostra analisi genetica degli indigeni americani e la recente classificazione in tre famiglie principali delle lingue del Nuovo Mondo a opera di Greenberg. I due studi hanno proceduto in maniera indipendente, utilizzando dati molto diversi; eppure l'uno e l'altro indicano con grande evidenza che nelle Americhe si è verificato un numero esiguo di migrazioni distinte.

La spiegazione definitiva di questa correlazione tra geni e cultura deve essere ricercata nei due meccanismi di trasmissione: orizzontale e verticale. I geni,

trasmessi sempre dai genitori alla prole, descrivono una traiettoria verticale attraverso le generazioni. La cultura può a sua volta essere trasmessa di generazione in generazione, ma, diversamente dai geni, può esserlo anche orizzontalmente, tra individui che non hanno rapporti di parentela. Per esempio, l'alta moda è generalmente trasmessa da Parigi al resto del mondo ogni stagione (anche se pare che sia ora l'Italia ad assumere la guida). Nel mondo contemporaneo, la trasmissione orizzontale sta diventando sempre più importante. Ma le società tradizionali sono così chiamate proprio perché le loro culture (e generalmente le loro lingue) si conservano e vengono trasmesse da una generazione a quella successiva. La trasmissione prevalentemente verticale della cultura con tutta probabilità rende queste società molto più conservatrici.

Le sostituzioni di geni e di lingue costituiscono qualcosa di più che semplici e fastidiose eccezioni ai nostri schemi interpretativi. Ogni eccezione opera secondo norme proprie, che dovrebbero dirci molto sull'evoluzione delle popolazioni e delle lingue e quindi sullo sviluppo della cultura umana. Gli studi di queste sostituzioni potrebbero fornire informazioni complementari a quelle che già sono state offerte dal nostro lavoro. Le ricerche antropologiche sul campo devono confrontarsi con questi strumenti di indagine e con dati che stanno rapidamente svanendo. Documenti di incalcolabile valore ci sfuggono di mano con la perdita progressiva di identità da parte delle popolazioni aborigene. L'interesse crescente nel Progetto genoma umano può, d'altra parte, stimolare i ricercatori a raccogliere testimonianze della diversità genetica umana prima che questa scompaia.

BIBLIOGRAFIA

CAVALLI-SFORZA L. L. e FELDMAN MARC W., *Cultural Transmission and Evolution: A Quantitative Approach*, Princeton University Press, 1981.

CAVALLI-SFORZA L. L., PIAZZA A., MENOZZI P. e MOUNTAIN J. L., *Reconstruction of Human Evolution: Bringing Together Genetic, Archaeological and Linguistic Data* in «Proceedings of the National Academy of Sciences», 85, n. 16, agosto 1988.

BOWCOCK A. M., KIDD J. R., MOUNTAIN J. L., HEBERT J. M., CAROTENUTO L., KIDD K. K. e CAVALLI-SFORZA L. L., *Drift, Admixture and Selection in Human Evolution: A Study with DNA Polymorphisms* in «Proceedings of the National Academy of Sciences», 88, n. 3, 1 febbraio 1991.

CAVALLI-SFORZA L. L., MENOZZI P. e PIAZZA A., *History and Geography of Human Genes* (in stampa).

SONO DISPONIBILI I RACCOGLITORI PER IL 1992 DELLA RIVISTA LE SCIENZE

Questi raccoglitori corrispondono ai volumi XLVIII e XLIX de LE SCIENZE e rispettivamente ai fascicoli da gennaio (n. 281) a giugno (n. 286) e da luglio (n. 287) a dicembre (n. 292).

Sono ancora disponibili i raccoglitori dal Vol. XL al XLVII e raccoglitori appositamente non numerati per sostituire quelli esauriti. I raccoglitori si possono richiedere direttamente all'editore usando l'apposita cartolina allegata alla rivista e unendo il relativo importo; gli ordini vengono evasi solo a pagamento avvenuto.

Ogni raccoglitore L. 6.500

I raccoglitori si trovano anche presso i seguenti punti vendita:

BOLOGNA - Libreria Parolini - Via U. Bassi 14
FIRENZE - Libreria Marzocco - Via de' Martelli 22/R
GENOVA - Libreria Int. Di Stefano - Via R. Ceccardi 40/R
MILANO - Le Scienze S.p.A. - Piazza della Repubblica 8
TORINO - Libreria Zanaboni - C.so Vittorio Emanuele 41
NAPOLI - Libreria Guida A. - Via Port'Alba 20/21
PADOVA - Libreria Cortina - Via F. Marzolo 4
PALERMO - Libreria Dante - Quattro Canti di Città
ROMA - Libreria Feltrinelli - Via V. Emanuele Orlando

