

Genealogia Parentela Genetica. Mantenere le distanze?¹

*Pier Giorgio Solinas
Università degli Studi di Siena
solinas@unisi.it*

Abstract

Drawing on examples from Indian ethnography and not only, this paper seeks to identify, ranging from research and representations of geneticists and local images, to systematize the idea of descent on three different levels: the first about the field of relationships between people and groups, families, genealogies; the second about the terms and kinship relations, ie the raw material of visible genealogies; the third about the genetic text and the classes that it generates.

Keywords: Lineage, surnames, genealogy, genetics, textualisation.



L'albero-DNA (dal logo di Sorenson genomics)

Uomini-seme e corpi lignei

¹ Il presente scritto è la versione modificata della *Lectio magistralis* presentata al III Convegno dell'ANUAC "Famiglie, genere e generazioni. Un'antropologia impegnata in un mondo in crisi", Torino, 7-8 novembre 2013.

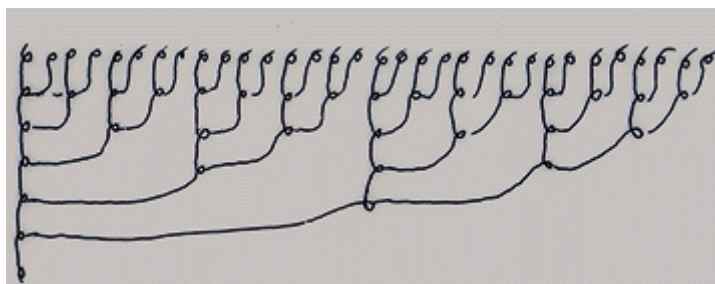
L'idea che gli uomini producano altri uomini, come la pianta produce frutti e fiori, o foglie, che li generino senza il concorso di altre piante, dal proprio corpo (maschile: un corpo che germoglia) serpeggia in molte parti del mondo, in diversi mondi culturali.

La rappresentazione che si può osservare nel lavoro dei genealogisti in India, i *Panjikar*, bramani Maithil nel Bihar, offre un esempio eloquente. Il registro delle discendenze per i *gotra* (lignaggi), o anche per le singole famiglie (*kul, parivar*) segue qui un principio che si potrebbe definire monofiletico: un uomo, un posto. La pianta di bambù, *vamsa*, non a caso figura come paradigma del modello di stirpe idealmente perseguito, ne fornisce l'immagine sensibile: ogni nodo scandisce i termini d'un segmento generativo: da padre a padre, da figlio a figlio. Sequenza che non disperde l'identità esclusiva del *gotra* e che produce l'illusione di una continuità senza ibridi.

Il nucleo simbolico di questo scenario generativo si trova nel *bija-purush*, l'uomo-seme, ossia l'antenato radice da cui derivano le catene successive di discendenza. L'uomo-seme è il punto d'origine dell'intera rete di identità del lignaggio, è il seme del *gotra*, che si propaga di padre in padre, oscurando, per dir così, le afferente materne. O meglio, inglobando le linee materne attraverso i loro antenati maschi: non si prevedono posti per le nonne, le bisnonne etc. ma ognuna di esse è rappresentata dal rispettivo padre.

Implicito, o piuttosto, implicato nel rigore d'una discendenza interamente maschile, è il paradigma di una generazione non sessuata. Vegetale, appunto, o metaforicamente vegetale, esente d'accoppiamento. Sappiamo bene che anche nel mondo vegetale sesso e riproduzione sessuata sono ben presenti, ma qui si tratta di immagini, immagini di propagazione della vita senza accoppiamento, senza unione tra corpi estranei.

Ecco, qui di seguito, lo schema grafico di queste catene generative così come lo disegna Caroline Brown Heinz, un'antropologa americana che ne ha osservato sul terreno le pratiche e i prodotti





Brown Heinz, Le genealogie indiane

Questa logica della continuità unisessuata, questa sorta di fecondità spontanea pseudo-vegetale non è assente fra noi, nell'Europa continentale o mediterranea. In un libro recente che Gerard Delille ci ha proposto con la sua solita finezza, si possono ritrovare belle carte genealogiche per il meridione d'Italia, per la Puglia in particolare, dove la stessa selezione unisessuata sembra dominare la logica ereditaria nel passaggio delle cariche pubbliche da una generazione all'altra (Delille, 2011: 292, fig. 33²).

Vi sono però motivi iconografici e logici più antichi, nei quali questo germogliare maschile, questo tralignare da carne a tronco vegetale e poi di nuovo a carne compare con evidenza figurativa: l'albero di Jesse di certo è fra i più noti, un "albero" che nasce letteralmente dalle viscere dell'antenato, il capostipite del lignaggio di Maria e dunque, diremmo, il lignaggio materno di Gesù e che, nella serie degli antenati intermedi, presenta unicamente uomini. Uomini sbocciati dalla linfa che scorre nei rami e dal seme incipitario e che producono altri uomini.



La "virga Jesse"

² Genealogia semplificata della famiglia Schiavone.

La genealogia del re Edoardo IV Plantageneto, raffigurata in una pergamena del XV secolo conservata presso la British Library,³ esibisce lo stesso schema: l'albero, il *family tree*, nasce dal ventre del capostipite, Enrico III (1207-1272), disteso a terra, alla base della figura, si innalza e si dirama in più linee, linee-ligee, ognuna delle quali produce e attraversa bocci-persona, frutti intermedi che sono i diversi discendenti, in successione. Legno e carne coesistono: attraversando ciascuno dei discendenti la linea si prolunga di nuovo come ramo vegetale e si spinge verso il nuovo frutto, tornando a trasformarsi in carne, il nuovo progenito.

Una strana logica para-botanica governa qui l'immaginario genealogico, come si vede. Una botanica che in questo caso include frutti femmina e li accosta a quelli dei maschi (due bocci appaiati o comunicanti che si personificano in uomo e donna).



Genealogia dei Plantageneti

A parte quello della generazione vegeto-antropica (e del resto non manca anche qui il motivo dell'autofecondazione maschile: parecchi degli antenati intermedi emettono il seguito della verga di discendenza senza *partner*) compare più che esplicito un altro tratto piuttosto anomalo o almeno insolito in questo genere di iconografia dell'ibrido: gli incroci fra consanguinei, ossia, restando entro la metafora vegetale, le fusioni, alla stregua di innesti spontanei tra rami divergenti della stessa pianta. Immagine di una logica botanica che non ha riscontro in natura: è ben difficile trovare alberi o piante in cui i rami, dopo le biforcazioni e la

³ Detailed record for Harley 7353 *Typological life and genealogy of Edward IV*, England 1460 - c. 1470. Five pairs of large miniatures in colours, pairing an event of Edward's career on the right with its biblical type or precedent on the left, including an allegorical representation of Edward's success and the fulfilment of all prophecies and below, genealogical tree of Edward IV including kings in the form of a tree of Jesse, with Henry III reclining at the bottom and Edward IV and Henry VI emerging as opponents at the top. Dimensions in mm . 1750 x 535, Official foliation Unfoliated, Form Parchment roll.

propagazione divergente, si ricongiungano.⁴ È proprio quello che accade qui invece, la rifusione; una sorta di *merging* organico, vegeto-animale sostiene l'allegoria e codifica il sistema genealogico naturalizzando, per così dire, le storie di matrimoni e alleanze calcolate nelle strategie dinastiche⁵.

Torneremo fra poco a percorrere questo sentiero teorico: vedremo come il tema della contiguità, della trasponibilità e dell'ibrido fra fito-logica e genea-logica ricompaia vigorosamente nelle culture attuali della geologia genetica. Soffermiamoci prima, però, ancora per qualche momento, sui modelli e sugli schemi di struttura delle genealogie antiche, per così dire pre-arboree.

I modelli più antichi di rappresentazione, infatti, partono dal paradigma alternativo, dalla carne. Nella coppia corpo-albero è il primo, il corpo come piattaforma del diagramma di discendenza e collateralità a presentarsi insistentemente allo sguardo e a offrire la struttura codificata della parentela.

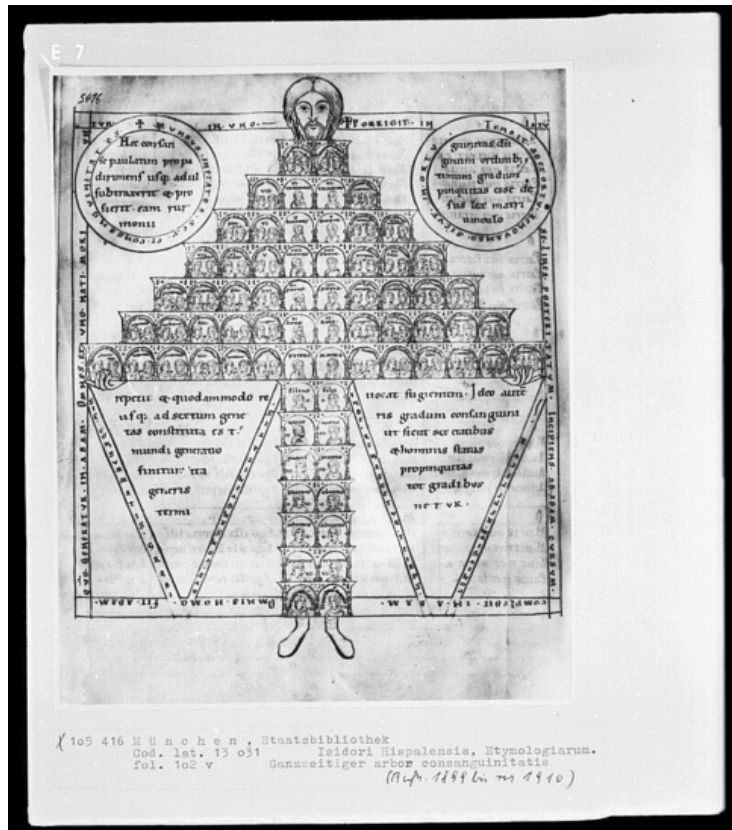
Non è il corpo vitruviano di Leonardo, certo. È piuttosto un corpo immobilizzato nella simmetria monumentale delle sue quattro direzioni ortogonali: alto-basso, destra-sinistra. Una croce, naturalmente. Una croce in cui l'Uomo si solidifica nell'architettura lignea, dell'incrocio ortogonale fra l'asse del tempo e quello della distanza di relazione, trascende del tutto la metafora arborea (che anzi gli resta estranea) e assume la forma astratta della tavola di relazione e calcolo dei modelli standardizzati di network genealogico.

Così, ad esempio, l'*Arbor consanguinitatis* di Isidoro di Siviglia (*Etimologiae libri 9*), raffigurato in un manoscritto del XII secolo,⁶ che qui, fra i tanti possibili, assumiamo come esemplare archetipo, traduce in grafica non una genealogia, ma la tavola delle posizioni parentali di sistema. L'icona divina, un Cristo (o un Dio Padre?) di cui si mostrano solo la testa e i piedi, incorpora letteralmente l'asse delle generazioni: ascendenti e discendenti si dispongono lungo il corpo divino dal collo alle caviglie, con al centro più o meno l'inguine, il posto dell'ego.

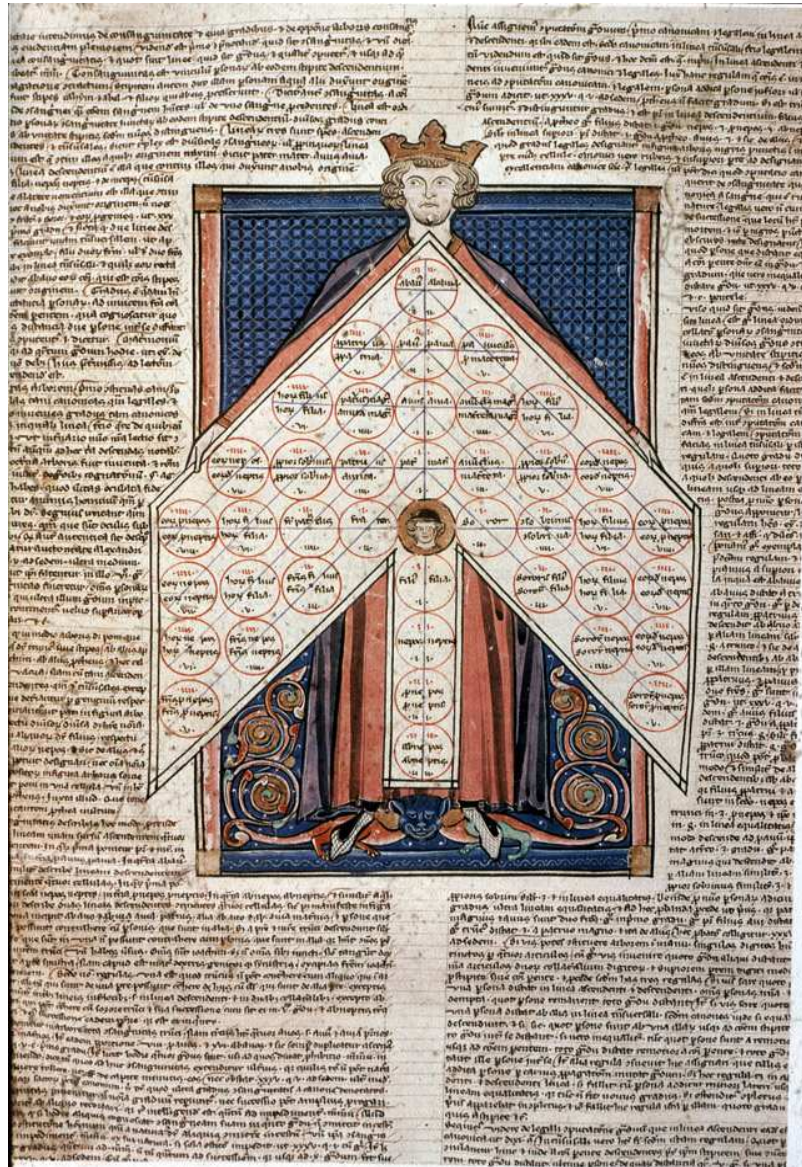
⁴ In realtà il fenomeno esiste in natura. Conosciuto dai botanici come "*inosculated trees*", per quanto piuttosto eccezionale, consiste nella crescita confluyente di due rami che finiscono per diventare uno (due rami di due alberi diversi comunque, per lo più della stessa specie). Comunemente è noto come "husband and tree".

⁵ Due rami dello stesso ceppo (propaggini dell'antenato di base, Enrico III) danno vita a discendenze parzialmente divergenti che poi si congiungono, con un matrimonio alla quarta generazione (tre prima del re Edoardo), un matrimonio di inequivocabile chiusura consanguinea (più che "inosculazione" : in questo caso inosculazione dentro la stessa pianta, tra due rami strettamente consanguinei).

⁶ Cod. lat. 13031, 102verso Kurzbeschreibung: Buchausstattung Prüfening (Regensburg) - vor 1165 [<http://www.bildindex.de/dokumente/html/obj00044525>].



Arbor Consanguinitatis



Arbor Consanguinitatis

La croce, deformata, mutata in triangolo o in piramide, dalle estremità laterali, le braccia, al collo, diventa un manto o qualcosa che ne riprende vagamente la linea, un manto pieno di nicchie genealogiche, in cui si accastellano i collaterali, gli ascendenti...⁷

Il motivo formalizzato del corpo-schema, piramide o triangolo si afferma, come pressoché obbligato, prima che compaiano alberi veri e propri. La figura divina che allarga le braccia, e il manto, e mostra nel suo corpo esteso la rete di consanguineità codificata per generazioni, gradi e lateralità, con l'ego ora esplicitamente collocato al centro, stabilizza ormai in un protocollo uniforme, e il piano di lettura delle posizioni "naturali", stabilite dalla legge sacra della creazione.

⁷ In un'altra rappresentazione, il casellario e la sua struttura, una striscia verticale sormontata dalla piramide degli ascendenti si ripresenta, ma stavolta senza il corpo divino: diventa una architettura solida, un edificio di caselle parentali. Isidor von Sevilla, *Etymologiae — Arbor consanguinitatis*, Folio 85 recto Aufbewahrung/Standort: Württembergische Landesbibliothek (Stuttgart) Stuttgart; Technik: Feder.

Più tardi, Dio e albero si avvicinano e si ibridano in un altro tipo di rappresentazione, nella quale il corpo, le membra e le linee della verticalità antropomorfa si congiungono al diagramma essenziale della pianta che congiunge il passato e il futuro, il sottosuolo e il cielo.

Cognomi, nomi, memorie e scritture

Con il venir meno dei titoli di rango, ereditari e selettivi, delle nobiltà di nascita, di censo e simili, il cognome ha acquistato efficienza, come classificatore di appartenenza e come indicatore di identità. In una società sempre meno gerarchizzata, formalmente egualitaria, il nome di famiglia ha assunto il ruolo di indice pubblico di riconoscimento. Neutro, quindi, almeno in apparenza: qualunque sia il suo profilo fonetico, lungo o corto, fluido o ruvido, elegante o pesante di consonanze, ogni cognome vale quanto tutti gli altri, con pari diritto di occupare, nel casellario delle liste di cittadinanza, un posto né più basso né più alto di altri.

Il composto nominativo – nome proprio individuale, più nome proprio di gruppo, *family name* – definisce l'unità minima di identità personale, il vertice d'un campo esclusivo di relazioni. Un campo, se così si può dire, cieco, vuoto di potere di designazione sul suo centro: l'ego che ne detiene il dominio infatti può designare ciascuno dei suoi *partner* di ruolo parentale, ma resta del tutto sprovvisto di voci auto-referenziali: non può designare se stesso se non come *partner* di *partner*, padre del proprio figlio, nipote del proprio nonno, etc.

Con il declino e la caduta della parentela, le categorie di identità genealogiche si sono dissolte, salvo il nucleo di familiarità primaria. Al cognome in quanto tale non corrisponde alcun sostantivo aggregato di gruppo. Diciamo certo “i” , i Tali , i Talaltri, vengono a trovarci “i Tali”..., intendendo il gruppo, o anche semplicemente la coppia, ma non possiamo più identificare negli “i” *So and So* una compagine solidale di persone, meno ancora una “persona collettiva”

Per quanto efficiente come deposito esclusivo d'identità, il cognome ha perduto le connotazioni sostantive che può aver posseduto in origine. I cognomi trasportano con sé i residui di significati sepolti, de-funzionalizzati, ma non possono in nessun modo usarli nel loro senso più diretto. Anzi, devono ignorarli.

Le qualità, i valori, le dignità vengono neutralizzate; ciò che conta sono le coordinate di reperimento. Assorbito nel numero di codice fiscale, nelle diciture della carta di credito, del passaporto, della tessera sanitaria, il nome si trova rifunzionalizzato entro il codice binario del calcolo informatizzato. È la voce contabile di registrazione delle prestazioni, dei saldi dare-avere, il referente di misure e tassi di valore: la qualità è tradotta in quantità.

Molte delle proprietà ascrivibili d'origine, nondimeno, continuano su altri piani a emanare particelle o onde di richiami identitari remoti, quanto meno come echi o sotto-testo. Il cognome tradisce più o meno chiaramente la regione o l'etnia di provenienza (Diaz, di sicuro, ci farà pensare immediatamente a una origine spagnola, mentre Stewart non mancherà di rimandarci a provenienze britanniche, così come, in tutt'altra direzione, Mandal o Bhutto evocheranno origini indiane).

Non è tutto: proprio perché nome plurale, collettivo, ma nome proprio, maiuscolo, il cognome funzionerà anche, informalmente, come classificatore, o come virtuale attrattore, come denominatore d'una identità rimossa, una ipotetica identità condivisa, una vaga e forse inattuabile comunione di partenza, un marchio oscuro, non più decifrabile....

Cognomi dunque: qualcosa che in sé ormai appare come una sorta di codice convenzionale, freddo, che sta lì uno fra migliaia, senza che ormai “dica” o contenga nulla di speciale. E tuttavia... che cosa c'è di più gelosamente “proprio”, che cosa più intrinsecamente

trasmette il “chi sei”? Con quale animo potrebbe, chiunque di noi, venirne privato senza sentirsi violentato, mutilato, e che in effetti viene tolto o oscurato proprio nelle forme estreme di disumanizzazione, la schiavitù, il campo di concentramento.

Sospeso fra l’archeologia impenetrabile di strati d’identità infinite volte trasformati e rimossi, da un lato, e l’appropriazione senza storia, nel dominio del presente dall’altro, il cognome resta come indeterminato, a metà fra l’esplicito e l’indicibile, fra lo stato solido dell’attuale e la dilatazione evanescente verso gli innumerevoli, dispersi portatori sconosciuti. I “parenti” immaginari, o congetturali, si affollano dietro le quinte, richiamati dall’impronta verbale che non li riconosce e che non autorizza loro a riconoscersi. Il tessuto genealogico entro il quale potrebbero o sognerebbero di ritrovarsi tutti costoro, i membri probabili (o improbabili) di una comunità di sangue ormai consumata, o fittizia, si offre come terreno congetturale di esplorazione: una sorta di cosmo filogenetico diffuso e sconfinato, una foresta di genealogie sepolte nella memoria e che “forse” potrebbe rivelare piste e collegamenti, comunanze insospettite, scoperte di ascendenze preziose.

Bene, quel che incontriamo nella genealogia, nella subcultura della genealogia del nostro tempo (culto o passatempo che sia) è in qualche modo la nostalgia della unità nella dispersione, nonché la speranza segreta di rintracciare, al di sotto della crosta profana della indifferenza e dell’anonimato moderni, un tessuto sotterraneo di identità implicite: occultate, ma persistenti. “i”, “gli”, i Tali (gli Hamilton, i Marsch...) devono ritrovarsi in qualcosa di consistente e connesso, anche se non sanno che cosa; forse una specie di nebulosa, una pluralità di reticoli particolari e disaggregati, e tuttavia inclusi, inclusi nell’albero filogenetico invisibile di storie parentali dimenticate...

Il recupero del cognome come tempio impalpabile della comunanza, cripta d’un patrimonio segreto che il desiderio di somiglianza possibile può risvegliare e portare alla forma d’un mitico senso di famiglia. Mito declinato tanto al passato quanto al futuro (al passato per la storia genealogica, al futuro per la scoperta dei nuovi “cugini” che l’affiorare d’inediti arcipelaghi parentali potrà rivelare) il recupero di questa piattaforma simbolica virtuale diventa nucleo motore della pratica genealogica contemporanea. Nomi, storie, relazioni, connessioni scoperte... La *passion généalogique*⁸ riaffiora in molti *avatar* depositi d’una specie di araldica popolare, minuta, spesso inventiva o fictionale. I nomi, migliaia e migliaia di nomi si incastellano in ordini scalari di antecedenza, di seniorità in colonie di consanguineità (consanguineità diretta o indiretta, laterale, o d’alleanza), di ramificazioni documentabili. La selva d’identità genealogica rigenera il paesaggio sociale stendendo una filigrana diffusa e fitta al di sopra della molteplicità polverizzata della vita profana spersonalizzata, ignara, indifferente.

Questi templi del cognome, che poi concedono alla comunità nominativa il rango auspicato di “famiglia” meritano di essere considerati seriamente come oggetti antropologici. Oggetti ambigui e proteiformi, ma, pure, capaci di resistenza e di energia attrattiva stranamente persistente, vischiosa e conformista, il più delle volte *naïve*, ingenuamente retorica.

La collezione di elenchi nominativi fa letteratura. I libri di famiglia danno sostanza a un genere assai diffuso, amatoriale, si direbbe, che s’apre a trasformare il ricordo in dono. C’è sempre un “autore” che coltiva per anni la memoria parentale. Raccoglie dati, date, notizie, documenti, da quelli anagrafici e di stato civile, al catasto, ai registri dei cimiteri. Frequenta gli album fotografici, gli elenchi telefonici, i censimenti, ogni sorta di traccia da cui estrarre le mille e mille tessere che comporranno il mosaico divisionista di una costellazione familiare senza confini, attraverso generazioni e secoli, città, paesi e continenti, e, perfino, colonizza altri cognomi.

⁸ Riprendo qui il titolo d’una raccolta di testi piuttosto consistente e interessante in questo campo: Barthelemy, Tiphane et Marie-Claude Pignaud, Orgs., 1997, *La généalogie entre science et passion*, Paris, Editions du CTHS.

La mappa-elenco, una sorta d'albo affollatissimo (tremila, quattromila individui possono normalmente rientrare nel registro confezionato a regola d'arte, arte della concatenazione parentale, siglati e catalogati secondo un ordine repertoriale alfanumerico) diventa il deposito riconosciuto, se non consacrato, di questa ricostruita singolarità comunitaria, che ha la capacità di evocare identità ignorate, di stabilire legami di riconoscimento, e di fornire ad ognuno dei suoi membri la prova testuale d'una appartenenza profonda, diramata ed esclusiva.

Ho studiato anni fa (e ne ho offerto brevi testimonianze in qualche scritto) questo genere di esercizio testuale: gli elenchi diventano libri, e il libro rivendica il suo diritto di rivelazione, comunque di consacrazione della storia privata. Diventa dono e missione, atto di devozione nei confronti dei nostri antenati (*nos ancêtres*, per esempio nel Canada francofono).

Gli esempi non mancano, ancora oggi. Ne cito qui qualcuno, solo per prendere qualche caso: *Our Caswell Relatives*, un libro scritto (riscritto, in realtà) da tale Shirley Isabelle Mayse⁹ al principio degli anni Settanta del Novecento, quattrocento pagine di storie familiari, di schede individuali di date e luoghi, intrecciate con il racconto dei pellegrinaggi di scoperta che l'Autrice compie in una lunga, complicata visitazione da città in città. Pellegrinaggio di *ancestry* e delle origini (irlandesi), idealmente, una risalita al prima, al mondo perduto... e al tempo perduto...

Più che un racconto, è la messa in testo della galleria consacrata delle identità accumulate nella storia, nell'emigrazione, nelle fondazioni ripetute delle molte propaggini, di luogo in luogo, di ramo in ramo. Cultore di memoria, investigatore, e un pochino anche etnografo, il geneanauta tesse la sua rete di contatti: fonti, eventuali "cugini" ignoti, colleghi di passione genealogica. Le sue piste, tuttavia, serpeggino fra storie, archivi, catene di personaggi (in una semi-mitologia degli antenati, illustri, d'avventura o semplicemente, teneri o austeri predecessori).

Con la fine del secolo, e con il passaggio alla svolta informatica ed elettronica, l'evoluzione dalla carta genealogica impressa nell'intelaiatura del diagramma irrevocabile alla figura mutevole e in crescita del registro digitale spinge in alto e in largo la coscienza e l'estetica della parentela rammemorata o da ricostruire. Il libro si evolve in *website* e la partecipazione del lettore al recupero del proprio sé collettivo, dei suoi sé nel tempo e nello spazio genera, insieme al mezzo e al linguaggio un nuovo d'essere dell'oggetto. La genealogia, il *network* di consanguinei reali o ideali, acquista una sorte di vita secondaria, diventa spazio informatizzato, archivio animato di scritture e reperti (tracce documentali, foto on line, testi, notizie storiche, araldiche più o meno ipotetiche e *clusters* di nomi, e di cognomi...)

L'archivio, con i suoi repertori e le sue piste aperte in ogni direzione, si sottomette alle esigenze della rete senza centro: consultabile, da ogni parte o utente, raccoglie nella sua pancia ipertrofica una massa crescente di *record*. L'ordine in cui necessariamente questo deposito di dati deve distribuire il suo materiale non sarà più quello capitolato e sequenziale dell'elenco, e solo fino a un certo punto quello della registro ordinato in una rete gerarchica di classi, sezioni e sottosezioni. La modalità di base, la genea-logica, per biforcazioni successive, coalescenze, cladi e subcladi, sostanzialmente filogenetica, resta naturalmente soggiacente, e anche anticipatrice: l'albero filogenetico prenderà decisamente il sopravvento nella fase seguente, quando la genealogia genetica invaderà il campo.

Un ordine dinamico, interattivo, policentrico prenderà possesso non solo dei contenuti, ma delle pratiche e delle discipline di utenza. I *Caswell relatives* vengono ridisposti nello schedario animato della tracciabilità diffusa: da qualunque dei membri, che sia antico, o recente, diretto o acquisito, con discendenza o meno... si può arrivare a qualunque altro individuo (*record*) incluso nell'archivio elettronico. Sarà possibile risalire passo per passo la scala dei suoi progenitori, rintracciare, se il *database* è abbastanza ricco e nutrito da consentirlo, un legame remoto, un progenitore di quinta, settima generazione che, per una via o per l'altra, compaia come antenato d'un altro, lontano e ignaro partecipe della comunità genealogica registrata,

⁹ 1975, Vancouver, s. e.

I modelli repertoriali di raccolta, i *software* di ricerca e messa in formati *standard*, i programmi che consentono di scansionare lo spazio di parentela e reperire automaticamente la pista di collegamento fra due *record*, sono ormai oggetto commerciale di mercato, e le agenzie che li forniscono svolgono insieme la funzione di assistenza alla ricerca amatoriale e di conservatori dei *database*. Grandi siti e portali genealogici, ai quali molte, moltissime “famiglie” affidano i loro albi di discendenza, i loro siti, acquistano rapidamente la potenza di veri e propri granai di ricchezza informativa sovranazionali (Rootsweb, Ancestry, Family search, Geneanet...): da una parte accumulano quantità impensabili di *record*, grazie appunto all'affluenza degli archivi prodotti dai privati, dall'altro si procurano l'accesso agli archivi cartacei pubblici: censimenti, registri ed elenchi (militari, ecclesiastici etc).

Rootsweb dichiara di disporre di oltre seicentoquaranta milioni di nomi. Il suo progetto *worldconnect* punta a mettere in comunicazione gli archivi esistenti, sì da consentire di esplorare, alla ricerca di un *record*, di un antenato, il complesso dell'informazione genea-parentale stoccata su scala globale. Di scrutinare i paesaggi attraversati dalla rete delle discendenze di interesse: migrazioni, epoche, aree, continenti. Un progetto *database* che si apre ad utenti d'ogni parte possibile del mondo. Utenti che diventano virtualmente oggetto (*fieldwork*, materia prima di trattamento informatizzato) e attori, perché invitati a collaborare e ad accrescere la “community” degli affiliati alla unione universale dei geneanauti.

La rivoluzione genico-computazionale



Genetree, l'albero-DNA

Con una rapidità che non può che lasciare stupiti (e forse sprovvisti di ragioni capaci di spiegare il fenomeno), i linguaggi bio-genetici, i modelli di trattamento, le epistemologie delle scienze bio-molecolari si sono affacciati e molto presto si sono espansi sui territori dei genealogisti; oggi, in un certo senso, li colonizzano, perfino ne convertono e ne assimilano gli attori: la geneanautica diventa genetica-genealogica, la genealogia diventa una genea-logica.

Tutto questo spostamento, cui dedicheremo per intero la seconda parte del nostro contributo, accade nel volgere di meno di quattro lustri, fra gli anni Novanta del Novecento e il primo decennio del nuovo secolo. Sorgente e fonte di contaminazione del nuovo virus sono i laboratori bio-molecolari, soprattutto negli Stati Uniti (ma bisogna non dimenticare istituzioni importantissime come la fondazione Dausset a Parigi, il laboratorio di Brian Sykes a Oxford, e altri). Quando questo impulso, accademico e squisitamente professionale, si trasforma a sua volta in impresa, soprattutto, oggi, con *Genographics* e *FTDNA*. Oggi la conquista si può dire se non compiuta, avviata verso un esito irreversibile. Siti, portali, attori, *network* etc. introiettano il linguaggio della genomica, adottano il passaggio obbligato del *DNA Consulting* come una sorta

di ricostituzione di sé, una rinascita del proprio fare e pensare sotto forma di codici genotipici, di frequenze alleliche, di distanze genetiche.

Descrivere questo mondo, nelle sue componenti, nei suoi scenari di comunicazione, di ricerca e di impegno cognitivo, nei suoi circuiti di reclutamento e proiezione commerciale, soprattutto nei suoi effetti sulla concezione stessa dell'identità parentale, nei nuovi paradigmi che vi prendono forma, nonché, e non da ultimo, nelle nuove figure di incontro fra scienza e senso comune (o comune concezione antropologica del sé) che lo animano, richiederebbe ben più che un intervento in un convegno (semmai, un convegno intero, dedicato a questi scenari emergenti, che mi auguro possa essere organizzato...).

Io mi concentrerò qui su pochi aspetti, aspetti che hanno a che fare soprattutto con la produzione dei nuovi oggetti, o meglio, sull'evoluzione dell'oggetto genealogia nel nuovo codice di trattamento, insomma sulla sua traduzione in genealogia genetica (per alcuni "genealogia molecolare"), e sulle forme di incrocio fra scienza e senso comune, sull'incarnazione, forse ibrida, ma assai vitale, della scienza specializzata nel tronco della cultura diffusa, comune, degli utenti (titolari-clienti e poi adepti della nascente cultura).

Se nella pratica convenzionale della ricerca genealogica il cultore attuale, il soggetto o persona che dal presente va alla ricerca del passato ancestrale, è, diciamo così, committente, regista, o magari investigatore, ma non oggetto, nel caso della genealogia genetica egli diventa fonte primaria, l'unica che conserva nel proprio corredo genomico il registro ereditario dell'identità trasmessa, una sorta di filogenesi della identità. Io reco dentro di me la storia biologica della mia ascendenza, prossima e remota. Più che una semplice "storia", a dire il vero: la scrittura genotipica che comanda la mia esistenza organica, minuto dopo minuto, replica le identità codificanti dei molti che mi hanno preceduto e che hanno trasmesso la vita che io vivo.

Il pacchetto informativo che ogni soggetto di *test*, di *DNA consulting* consegna alla agenzia di *screening* può essere immaginato un po' come una specie di *microchip* genotipico, una trascrizione codificata dell'identità in forma di stringa dei caratteri, al tempo stesso quelli individuali, unici, e quelli che condivide con altri portatori dello stesso *network* consanguineo, o di più estesi raggruppamenti di stirpe.

Nella banca dati centrale, gli scaffali che contengono i campioni di DNA - per minuscoli prelievi di materiale biologico (saliva, o sangue) - sequenziati, decrittati e riscritti in un particolare sistema alfanumerico (un secondo strato di codificazione e classificazione), e i programmi di ordinamento che li trattano, raccolgono i dati di una quantità inimmaginabile e in continua espansione, di individui. Gli individui figurano lì come numeri di Kit, o *ID Number*: la tutela della *privacy* assicura, o dovrebbe assicurare, l'anonimato. Con questo, in realtà, è una vera e propria trasfigurazione dell'identità che viene a essere catalizzata nel processo.

Che cosa contiene, alla fine dei conti questa trascrizione? E che cosa comunica poi, una volta che il campione è stato analizzato e interpretato? A prima vista, nulla, nulla di comprensibile: una stringa di numeri (fra 8-10 e 20: per esempio, 9, 12, 11, 8, 16... etc) per dodici, venticinque, trenta, trentasette posizioni. Occorre educarsi alla comprensione dei linguaggi bio-molecolari, acquisire i metodi e gli stili del laboratorio per tradurre in qualcosa di sensato i referti. Entrando nella sfera dei linguaggi specializzati, dei laboratori e delle società di *screening*, il cliente-iniziando imparerà presto che ciascuna di quelle cifre corrisponde ad una posizione, opportunamente selezionata, nella catena nucleotidica del suo cromosoma Y, un *DYS* (*Y-chromosome DNA Short tandem repeats*), una casella estremamente minuscola dello sterminato "testo" genomico che compone il nostro corredo biologico ereditario. Lì, dunque, nella serie di valori che registrano la frequenza di una determinata microsequenza di basi, "*Short Tandem Repeats*", in un segmento ristretto del cromosoma maschile, si trova impresso il profilo ancestrale dell'identità personale e familiare: un profilo virtualmente immortale perché nessuna morte dei discendenti ne decreta la scomparsa; solo nel caso che una linea cessi di riprodursi il suo patrimonio di identità biologica si estinguerà.

FamilyTreeDNA
Certificate – Y-DNA

This Certificate confirms that you have had your DNA analyzed by Family Tree DNA. The outcome from each of the sixty-seven Loci examined is reported in the table below. For your benefit we have listed the Locus designation for all sixty-seven Loci utilized by the geneticists supporting our company. If your alleles for the sixty-seven Loci match another person exactly, then you share the same Haplotype. DNA testing is a genealogical tool designed to aid individuals wanting to “connect” to other relatives lost in time and where the paper trail no longer exists.

Pierre-Brieux P. Hoareau

Your sample # 139267		393	390	19/394	391	385a	385b	426	388	439	389-1	392	389-2	
DYS #	Allele	14	20	15	10	11	16	11	12	11	12	11	28	
DYS #	Allele	458	459a	459b	455	454	447	437	448	449	464a	464b	464c	464d
DYS #	Allele	20	9	9	11	11	23	16	22	31	12	13	14	14
DYS#	Allele	480	H4	YCA IIa	YCA IIb	456	607	576	570	CDY a	CDY b	442	438	
DYS #	Allele	10	10	19	20	15	13	16	18	34	36	10	10	
DYS #	Allele	531	578	395S1a	395S1b	590	537	641	472	406S1	511			
DYS #	Allele	11	8	15	17	8	11	10	8	11	11			
DYS #	Allele	425	413a	413b	557	594	436	490	534	450	444	481	520	446
DYS #	Allele	14	21	22	16	10	12	12	17	8	12	22	20	18
DYS#	Allele	617	568	487	572	640	492	565						
DYS #	Allele	12	12	13	10	11	11	12						

February 4, 2009

Matthew E. Kaplan
Matthew E. Kaplan

Il Certificato

Imparare a leggersi nei caratteri, nei marcatori selezionati dai protocolli di laboratorio, e per questa via ritrovare in altri profili le somiglianze, meglio, le coincidenze che collegano ad altri *partner*, significa immergersi nella logica classificatoria che ha già trasformato la genealogia vecchio stile, nominativa, amorevole, e personalizzata, la galleria di progenitori, con i loro nomi e i loro volti, nella struttura filogenetica di una discendenza impersonale, fatta di nodi di coalescenza, di mutazioni e di marcatori in serie statisticamente misurabili, e confrontabili.

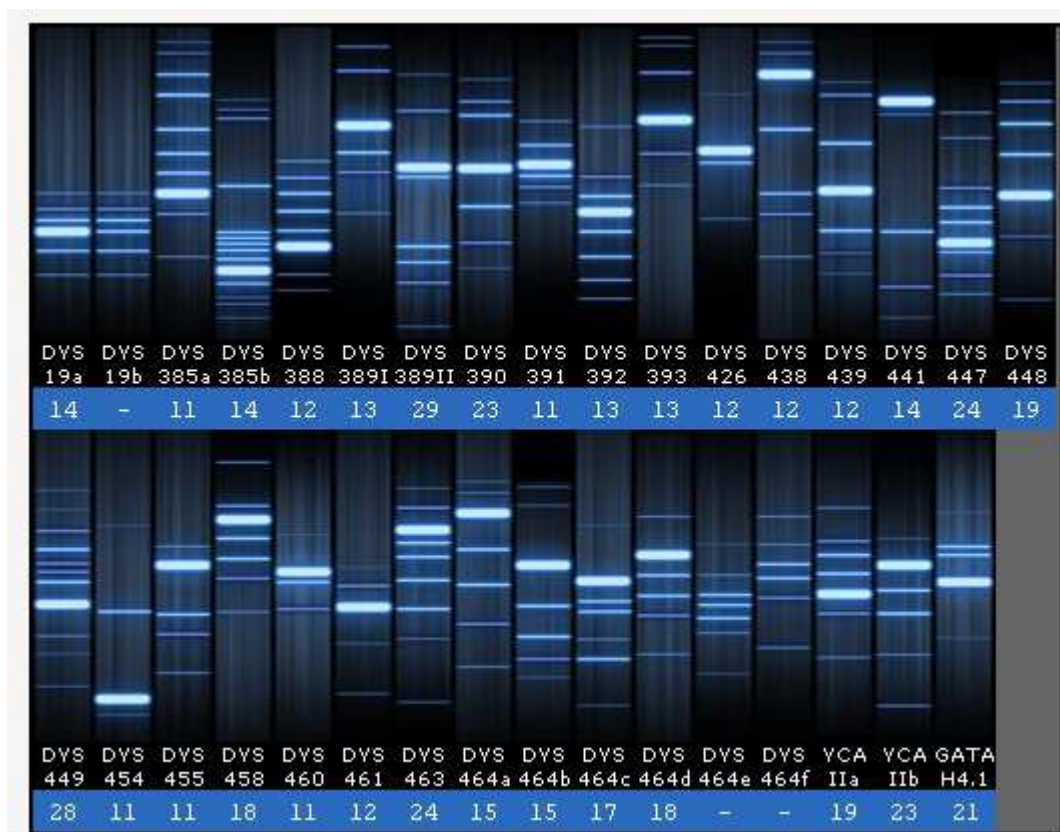
La “firma genetica”, l’impronta aplo-tipica non rispetta né i nomi né le date anagrafiche né i luoghi segnati dalla biografia dei personaggi. Quel che mette in evidenza sono le somiglianze, le distanze: quanti passi (variazioni o sostituzioni, soprattutto in termini di SNPs, *Single Nucleotidic Polymorphisms*) separano il mio profilo da quello di un ipotetico altro partecipe, un altro *record* ospitato nella banca dati? E quale distanza, per numero di generazioni, ci separa dal nostro eventuale nodo di coalescenza comune (detto in parole più semplici, quante generazioni fa deve esser vissuto il progenitore dal quale discendiamo?).

Rispetta invece, anzi, si può dire che ne cerchi tenacemente la convalida, i cognomi. Si può dire che l’intero dispositivo scientifico, la estesa fabbrica erogatrice di verità sia organizzata per rispondere allo scopo primario di rintracciare i fondamenti biogenetici dei cognomi, per certificare la congruenza tra la storia anagrafica e la storia biologica della continuità genealogica. Occorrono molte centinaia di *test* e di *record* per identificare quello che tra gli iniziati (prima di questi, tra i ricercatori) si chiama l’aplotipo modale, ossia il profilo tipico d’un certo cognome, o di un certo *cluster* di discendenza. L’aplotipo degli Hamilton, o quello dei Gordon, per esempio. Fissando il modulo di base, la stringa dei DYS che si situa nel cuore della vasta costellazione di varianti che l’area di donatori più o meno ascrivibili a quel certo ceppo o cognome, derivanti dall’Antenato Ipotetico MCRA, *Most Common Recent Ancestor*, si produce per cooperazione, per dir così, la norma di riconoscimento entro la quale il valore del cognome non solo si

conferma, ma assume anche il potere di estendere (o controllare) alle molte varianti di *spelling* la candidatura alla comune appartenenza.¹⁰

La selezione unisessuata, inflessibilmente maschile, appare qui, prima che decretata per regola di affiliazione, intrinseca alla natura stessa della ereditarietà incorporata nel suo stesso sistema di trasmissione: i marcatori scelti lo sono (scelti) apposta perché sono quelli che passano da una generazione all'altra senza confondere le linee di sesso. L'eredità maschile che passa da Y a Y segue la linea padre-figli-nipoti-pronipoti maschi evitando così di mescolarsi con quelle di altri "lignaggi": proprio come i cognomi. Sta in questo straordinario trucco della strategia di ricerca la legittimazione del criterio di selezione unisessuato (insindacabile) della titolarità, dell'appartenenza e dello stesso diritto a partecipare al *test* (una donna, per accedere all'informazione che la riguarda – a quale lignaggio appartiene per nascita? – dovrà farlo attraverso il *test* paterno, o del fratello.)

Ci sono due fasi, due scale di identità bio-numerica, per dirla con una parola sintetica, anche se pasticciata. La prima estrae dalla serie dei DYS (appunto, dodici, trenta, trentacinque) i valori di frequenza d'un certo *repeat* (un segmento ripetitivo che si ripresenta nella sequenza indicata da quel *locus*) o d'una singola sostituzione (SNPs), una base che cambia: per esempio CBT. Quindi conta il numero delle ripetizioni in una certa posizione e le segna come *markers* del particolare profilo, del genotipo, meglio dell'APLOTIPO e compila la lista numerica di questi valori caratteristici.



Test results

¹⁰ V. oltre, Mc Gregor; il comitato della società del Clan decide di ammettere nei ranghi della comune identità clinica tutti coloro che recano il profilo aplotipico modale dell'antenato apice, qualunque cognome portino).

La seconda fase riporta questi valori alla tavola di classificazione per grandi linee di popolamento su scala macroareale e macro-storica: secoli, millenni, paesi, grandi regioni geografiche, continenti. La rete in cui si iscrivono i singoli ceppi, locali o di cognome, i segmenti ristretti che passano sotto il nome di le “famiglie”, magari i “Clan” (per quel che ancora valgono: vedremo fra poco come le patrie storiche della cultura dei clan, nelle Isole Britanniche, e nelle loro espansioni, in America, in Oceania, continuano a esercitare una grande attrazione per i cultori delle identità gaeliche) si estende per centinaia di ramificazioni, come in una sorta di grande genealogia universale del popolamento umano.

Filo-geografia o geografia genetica : i biologi molecolari, come i genetisti delle popolazioni e altri hanno ormai completato il grande atlante filogenetico delle migrazioni e delle classi di somiglianza per “aplogruppi”. Ogni aplogruppo è pensato come un grande lignaggio che percorre nel tempo e nello spazio la geografia globale del popolamento, e i lignaggi si incontrano, alle origini, negli intrecci di coalescenza che descrivono la formazione di cladi, sub-cladi e micro-cladi. Un’arborescenza storico-demografica e genetica che abbraccia ceppi etnici e popolazioni le più varie e le dispone l’una rispetto all’altra secondo l’ordine di discendenza, dai ceppi ancestrali più antichi, attraverso le loro segmentazioni fino ai rami contemporanei a noi: molti, fittamente ramificati a loro volta.

Gli “aplogruppi” sono contrassegnati da sigle e da numeri (R1a1, R2a2b1...). Sigle che servono a distinguere via via le classi e le sottoclassi, dalle formazioni più ampie a quelle più ristrette che derivano per biforcazioni o divergenze successive i sottolignaggi genetici.

Due tipi di identificazione delle coordinate del gruppo agiscono dunque a situare e identificare la cella più prossima delle somiglianze, la rete della “famiglia” o del cognome. La prima, dall’interno, e dal basso, parte dalla ricognizione del profilo genomico individuale, del singolo iscritto o dei singoli iscritti al servizio, li riunisce e isola gli elementi comuni: di qui deriva l’aplotipo dell’antenato e lo assume come titolo comprensivo dell’identità condivisa.

La seconda parte dall’alto e dai gruppi macro: i grandi lignaggi genetici che non hanno cognome, perché includono una lunga sequenza di generazioni, intere popolazioni o sottopopolazioni.

È in questo scenario di linee e reti filogenetiche, piuttosto astratto, che dobbiamo cercare le storie della genealogia genetica moderna, per le singole famiglie.

Non dimentichiamo però il secondo punto che ci siamo proposti di trattare, quello che abbiamo provvisoriamente indicato come incrocio di saperi (e passioni): la scienza professionale e il culto privato, la ricerca e il gusto dei geneanauti amatoriali. Proveremo a ricongiungerci a questo tema sfruttando gli esempi, di nuovo relativi agli oggetti (le gene-genealogie), cui mi propongo (vi propongo) di dedicare una attenzione etnografica più puntuale (sia pure attraverso il filtro dell’osservazione a distanza, una web-etnografia...).

Clan, cladi, aplogruppi

Il passo, il primo passo in questa direzione, ci porta in pieno ambiente antropologico, in un mondo denso di *clan* e di *clansmen*, di *pedigree* retrospettivi, di sogni etnici e autenticità ancestrali... vissuti nel presente e irraggiati dalla luce veridica e rivelatrice della scienza formale. Perché in effetti questo appare essere il regno aggiornato dell’araldica che succede a se stessa, del *revival* parentalista e nostalgico-nobiliare che avvolge le imprese oggi sempre più tenaci dei cultori.

I *clan* scozzesi, irlandesi, la ricerca delle radici vichinghe, bretoni, celtiche... offrono allo studioso, o a curioso, un paesaggio denso, di messe in scena della identità che non disdegna di evocare, accanto ai protocolli rigorosi dei risultati dei *test* del DNA, le risonanze o i richiami di

appartenenze primordiali... La voce che oltrepassa le barriere e fa sentire la comunanza profonda dei Campbell, per esempio, l'antico *clan* scozzese che continua a pensare se stesso e ad amministrare le sue panoplie di memoria nella società che ha sede a Glasgow, e che nel contempo, nelle associazioni gemelle, d'oltreoceano, negli USA, e altrove, coltiva o custodisce il senso della comunanza, conscio o inconscio che sia:

Nessun Campbell o altra persona di cognome relato che non sia cresciuto in Scozia deve assolutamente pensare che solo perché non è in contatto con le incredibili tesori del patrimonio (di identità) del suo Clan sia per questo meno "un Campbell". La storia è lì, e lo sono anche i geni. Che "il cuore sia sulle Highlands" o no, è una questione di comprensione e di stile personale.

Può mancare forse la conoscenza di informata della cultura e anche la pratica della cultura dell'Highlander. Gli elementi ritrovati di questa cultura possono essere assorbiti e passare alla generazione successiva, così da diventare a loro volta un patrimonio di eredità culturale vivente, rinnovato nell'epoca presente

Living heritage, patrimonio vivente che si riproduce tanto culturalmente quanto biochimicamente negli *screening* sui quali poggia la certificazione della identità aplotipica: la firma genetica cui si riferiscono tutti coloro che legittimamente (con la legittimità della concordanza dei marcatori rilevati nei campioni di DNA depositati) trovano la conferma della loro inclusione nell'albero filogenetico delle diramazioni di lignaggio del *Clan*.

Le associazioni di *Clan*, le innumerevoli *So & So Clan society*, si assumono spesso il compito di esaminare, e accogliere (o meno) i pretendenti al riconoscimento nell'albo dell'appartenenza. Il compito è complicato, perché in effetti, *clan* e cognomi non coincidono necessariamente. Anzi, parecchi cognomi figurano, più o meno legittimamente, inclusi nel comprensorio del clan, o gravitanti nella sua area. I motivi di questa frammentazione, per cui talvolta il gruppo di discendenza appare più come un arazzo, un *patchwork* che non come una rete sequenziale di articolazioni ordinate e inclusive, possono essere molteplici, soprattutto storici. I conflitti e la competizione interna alla stessa rete parentale possono aver distrutto e disperso interi segmenti, annientato e tolto identità ai *clusters* antichi. All'opposto, altri gruppi alloctoni, importati aspiranti a farsi affiliare possono aver ceduto la loro precedente identità per acquisire un nuovo aggancio sotto diverso nome. In qualche caso può essere accaduto che l'affiliazione sia stata cercata dai resti del lignaggio ospitante e che i nuovi venuti abbiano accettato di integrarsi in cambio di sostentamento, di cibo o di terre.

Può accadere così che un *clan* contenga una quantità di case e discendenze, ognuna con un suo titolo, un suo nome di famiglia, in cui non vi è traccia esplicita del legame con il gruppo maggiore, il "*Clan*" appunto.

È In questo universo misto e variamente intrecciato di storie e cognomi disparati che sbarcano le truppe della genea-genealogia molecolare, con i loro apparecchi capaci di perforare la superficie esterna degli involucri che circondano i singoli gruppi, e i singoli cognomi e di frugare nella loro intima costituzione: per quale scopo. Per arrivare a determinare "chi siamo", chi siamo veramente e chi ha diritto di ritrovarsi in questo chi siamo... Così, un esempio per tutti, suona il programma di fondazione del progetto Scozzese McGregor:

«The MacGregor DNA project exists to try to answer two questions - who are the MacGregors and where do they come from?»

Soffermiamoci un po' su questo caso.

Nel corso della storia assai breve (dodici anni) del progetto DNA di cognome (come nella maggior parte dei casi questo progetto fa capo al FTDNA, è presso questa compagnia che i

partecipanti al progetto depositano i loro campioni e da questo che ricevono il proprio referto), la Società, *Clan Gregor Society of Scotland* vede accumularsi una quantità più che incoraggiante di campioni e di richieste di riconoscimento. Al 2013 sono presenti oltre 800 *record*, dunque oltre ottocento profili aplotipici individuali, in varia misura riferibili alla corporazione genealogica del *Clan*.

Come gestire questa abbondante collezione di profili genetici? In che modo potranno essere ordinati oltre che tipicamente anche genealogicamente, là dove non esistono catene riconosciute di consanguineità documentabile?

Il problema, prima ancora che nella verifica della congruenza fra i profili dei singoli aspirati e il modello bio-statistico dell'identità modale, cosa che, in ogni caso, il raffronto sulle sterminate tabelle dei "*results*" potrà essere facilmente controllata, sta nel fatto che i cognomi dei partecipanti sono, appunto, troppo numerosi e diversi fra loro. Accanto ai McGregor (i veri Gregor, perlomeno per nome) vi sono una quantità di altri Mc (McLaren, McNeil, McPetters...) e poi gli Anderson, gli Stewart, gli Smith, e perfino gli Alvarados, i Luna, i Carrasco, oltre, per tornare alla "normalità" ambientale, i Campbell, i Murdock, i Grey. Insomma, anche qui, centinaia.

Il panorama della diffusione clanica appare oltremodo composito, e privo di un principio coerente di connessione.

Il modo di procedere che a un certo punto si impone, con una decisione che possiamo definire storica (alla scala della storia del *clan*) rappresenta una vera svolta: insieme un cedere le armi alla scienza e allentare la maglia della congruenza di nome. La prova del DNA dovrà valere quanto e più di quella del titolo nominale.

Nel febbraio del 2007, infatti, il consiglio della Società delibera

Da ora in poi saranno accettati come pienamente membri della società gli individui con QUALUNQUE cognome che possa dimostrare, mediante il test del DNA, che abbia una firma genetica che concordi, al grado di differenza mutazionale ammesso con quello della principale firma genetica MacGregor. Il Consiglio ha preso questa decisione in considerazione del fatto che, data la storia piuttosto turbolenta del clan dei Gregoris, le persone hanno dovuto prendere cognomi che erano del tutto estranei al loro vero nome clanico, e che, mentre questi cognomi sono cambiati più volte nel corso del tempo, altri no. Il Consiglio della Società del Clan Gregor riconosce che gli antenati di qualche MacGregor decisero di non tornare al nome clanico d'origine per una varietà di motivi, e che l'avanzamento nei test del DNA consente ora ai discendenti di questi individui di essere identificati come appartenenti al clan.

Qualunque cognome, dunque: i criteri di ammissione non dipendono da una regola gerarchica di selezione, per protocolli di stirpe o di albo genealogico. La democrazia del sangue – poveri o ricchi, aristocratici o plebei – apre le porte dell'identità estesa a tutti coloro che, qualunque sia il loro nome di famiglia possono dimostrare di essere autenticamente McGregor...

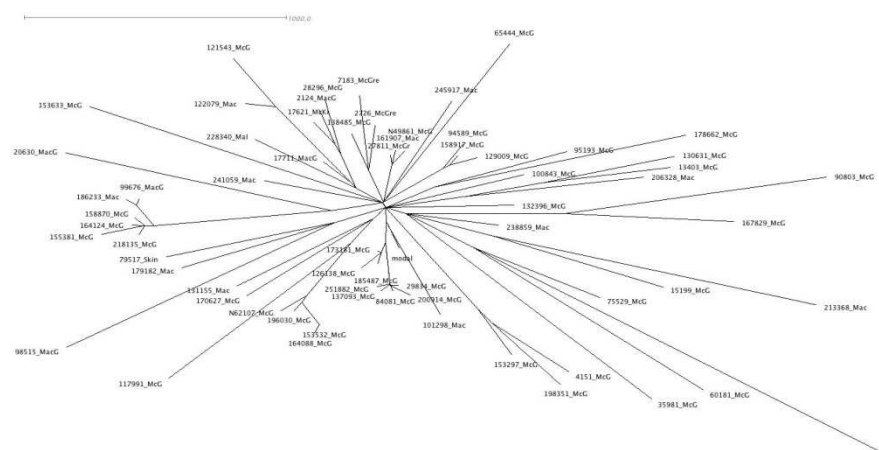
Tautologica e involuta, perfino sospetta di contraddittorietà, questa strategia della ammissione a chiunque, si affida in realtà a un requisito restrittivo che, se effettivamente applicato, selezionerà le candidature, o quantomeno ne decreterà le distanze dal centro più autentico di McGregorità.

La stessa deliberazione, infatti indica nel profilo aplotipico d'origine, il sigillo della identità ancestrale suprema, quella del fondatore, il modello di paragone sul quale si misura la distanza di prossimità genetica e, con questa, la legittimità del riconoscimento. Tutto va riferito in effetti al profilo del *kit* numero 2124, la "firma genetica" del fondatore del Clan, designato come «*MacGregor Of MacGregor Gregor founder of the clan*», una figura piuttosto vaga, "un Gregor" vissuto intorno al XIV secolo, la cui complessione aplotipica, la serie dei DYS

distintivi, fu ricostruita, con mere procedure induttive dal confronto tra quelle dei suoi discendenti più diretti o probabili (una sorta di circolo vizioso: dal basso all'alto e poi di nuovo in giù).

I gradi di corrispondenza necessari per ottenere la *full membership* vengono precisati e motivati in una appropriata tavola di calcolo delle distanze e delle probabili concatenazioni genético-segmentarie.

Tutto questo si può tradurre poi in un nuovo diagramma di appartenenza, una mappa grafica delle distanze che proietta linee e *record* (individui, aplotipi individuali) in una rete stellare, dove le distanze si leggono nello spazio, e lo spazio si identifica con il tempo secondo uno schema di espansione dal centro alla periferia



Uno dei cluster McGregor

Non vi sono più nomi di persona in questo albero, non ci sono più padri e madri, figli e fratelli, nessuna griglia di sequenza delle generazioni, né la mappa delle linee di sangue: seniore, juniore, diretta, collaterale. I nodi sono aplotipi (identità genetiche classificate e siglate), le linee sono distanze e divergenze, la lunghezza di queste linee corrisponde alla distanza genetica (alle mutazioni intercorse e, implicitamente all'intervallo di tempo probabile in funzione della divergenza).

L'albero, insomma, è stato anamorfizzato, proiettato su un piano, uno spazio-tempo nel quale la storia del sangue è ricodificata in campi dinamici di variabilità statistica e di divergenze misurabili. Misurabili sia in quanto gradi di somiglianza sia in quanto tempo probabile dal distacco, dall'antenato comune. In un certo senso, la stessa idea di "antenato" risponde a un procedimento di ricostruzione induttiva, quantificato. Andando a ritroso nella storia dell'eredità delle mutazioni, dei marcatori, si arriverà necessariamente al punto di congiunzione, al nodo in cui i rami distanziati si sono divisi. Quel nodo è l'antenato (de-personalizzato, semplice risultante d'un calcolo di coalescenza). Se ne potrà cercare la corrispondente figura, rintracciabile attraverso i documenti, qualora le due reti, quella d'archivio e quella bio-molecolare concordino, e qualora la profondità temporale consenta di disporre di documenti,¹¹

¹¹ Gordon Tei A., Howard III, William E., *The Evolution of the Gordon Surname: New Insight From Y-DNA Correlations and Genealogical Pedigrees* [<http://www.jogg.info/72/files/Gordon.htm>]. «Within each haplogroup we start with the oldest pairs of clusters that appear in the intercluster regions of Table 1. We plot the pairs from the oldest to the youngest in time, taking into account the locations of the Gordon intercluster pairs in Table 2. Each time a new cluster appears in the evolutionary track, we interpret it to mean that one of the original pairs has split off, producing the progenitor of a new line, which then proceeds to evolve, through mutations, down the evolutionary diagram to the present».

oppure si postulerà una sorta di identità artefatta, un X che sta per il Capostipite, o il MRCA e che rappresenterà, per così dire, il progenitore muto, riportato alla luce dalla pietà scientifica dei suoi ultimi pronipoti.

Meta-gruppi. Oltre i cognomi

Il passo ulteriore che dovremo fare in questo sommario percorso di rassegna, è quello che ci porta a un livello più spinto di astrazione (astrazione degli oggetti, non nostro, di esposizione). È il passaggio dai progetti cognome ai progetti-clade, ossia programmi di messa in comune dei profili genetici non più per famiglie che seguono il loro nome e i loro consaputi ambiti di riconoscimento parentale, ma per grandi classi, per comprensori filogenetici, oltre l'ordine di grandezza delle famiglie o delle singole linee. È un po' come se si costituissero ideali comunità di identità genetica in funzione delle nomenclature accreditate, dei titoli assegnati agli aplogruppi inclusi nel grande albero del popolamento umano e delle correnti di flusso demografiche ed etniche che ne hanno solcato gli spazi.

Un "noi" del gruppo, o del macro-gruppo, macro-lignaggio R1b1... il noi del distintivo *Null425*..., per esempio. L'esempio ci può aiutare a descrivere questo prender forma di una comunità immaginata, o piuttosto ricomposta a partire dai nuovi codici di lettura delle generazioni e delle ipseità.

Null 425 è il titolo che il clan Colla, un complesso clanico irlandese che si ramifica in quantità di cognomi e discendenze più o meno accertate, si dà quando il suo progetto cognome assume un grado di ampiezza e stabilità tale da giustificare la sua forma definitiva di aplotipo di famiglia. Il nome, il distintivo genetico *Null 425*, significa semplicemente che al *locus 425*, il valore corrispondente per lo *snps* (*Single nucleotidic polymorphism*) è uguale a zero: il marcatore reca come contenuto un vuoto, non c'è.

Attorno a questo simbolo molecolare chiave il progetto cognome si evolve in progetto aplogruppo, o progetto che rifonda la sua comunità di compartecipanti di quel tratto esclusivo, che emerge dunque come contrassegno unico, inconfondibile e, per questo aspetto, come criterio di legittimazione biologica della comunanza d'origine.

Negli anni, pochi anni, di promozione e crescita della comunità di stirpe – stirpe che trascende da eredità nominativa, stirpe, diciamo così, aperta a tutti coloro che vi si scopriranno abilitati, abilitati per *test*, per blasone DNA – il reclutamento avanza a grandi passi.

In questi anni, dal 2009 a oggi, il progetto *Null 425* ha esteso la sua rete su un territorio genealogico vastissimo, per centinaia e centinaia di cognomi, ha raccolto oltre un migliaio di *y test* (da quelli più ristretti per numero di *markers*, 12 a quelli più grandi, 67) e consolidato la mappa delle sue mutazioni caratteristiche. Dire *Null425* da qualche tempo equivale a dire la parola d'ordine di riconoscimento. Su una scala di distanze da 1 a 11 i portatori del distintivo genetico si dispongono intorno alla cerchia più prossima dei *null 425* primi, il cui centro, abbreviato in DURRQ non è altro che il profilo dell'animatore e promotore dell'impresa, Josiah McGuire, che nel 2007 stabilisce, con la serie dei suoi 67 *matkers* (STRs), la firma genetica di riferimento. Non più antenato, ma personaggio del presente, questa figura si condensa come nuovo prototipo di soggetto-utente, organizzatore di comunità genetico-elettronica cui fa capo una rete indefinita di utenti, soggetti e sotto-promotori.

Con i suoi diversi nomi e connotati: DURRQ, R1b1a2a1a1b4* (la sigla suo aplotipica del suo sottolignaggio genetico), la lista dei suoi sessantasette marcatori, J.McG è fondatore del nuovo modo d'essere, animatore della comunità dei *Null425*. È lui che ha identificato il tratto

caratteristico, e ne ha fatto la base di partenza per ridefinire il suo orizzonte di *gene-database* clanico. La sua iniziazione risale ormai a dieci anni fa, al 2004, quando si sottopone per la prima volta al *test* sul cromosoma Y; un evento che, oggi sembra emanare il valore simbolico di un principio di fondazione. I suoi seguaci, compagni e continuatori, formano una sorta di collegio scientifico-genealogico promotore di questa palingenesi ereditaria. Il tutto entro un campo, di relazioni e di discorso, che assume la scienza come orizzonte ideologico e simbolico, la scienza che vive e si immerge nel terreno dell'opera comune di riconoscimento e di costruzione d'un moderno consorzio d'identità, che si raccoglie e si studia.

Fondatore di nuovi scenari, l'amministratore del progetto associa, dagli Stati Uniti, dove risiede (Indiana) altri militanti e organizzatori: sperimentati e riconosciuti esperti genealogisti, altri volontari promotori di progetti famiglia e, infine, scienziati. Tutti passano attraverso il *test* e il rituale informatizzato di riconoscimento, e tutti si fanno attivi nella espansione del *database* di *clan*.

Dal settembre di quest'anno (2013) ha preso la direzione del progetto un nuovo amministratore, genetista microbiologo e matematico, autore di testi scientifici e Professore nel Dipartimento di Genetica alla Rutgers University, a sua volta iniziato nel 2011, (distanza genetica dall'aplotipo motale 7).

L'incrocio tra ricerca professionale e interesse diretto, auto-genealogico, qui dunque si incarna, si personifica nella figura ancipite dello specialista di conoscenza che è nello stesso tempo discendente e membro della comunità che si studia e si cerca. Il *clan* Colla entra nei suoi programmi d'insegnamento, come esempio in *corpore vili* dei processi genetico-genealogici e del rapporto fra ereditarietà clanica e la filogenesi lungo il cromosoma Y.

La figura è tutt'altro che inedita, Brian Sykes, l'autore delle *Sette figlie di Eva* (2003), uno dei maggiori *bestseller* della divulgazione scientifica e pioniere delle ricostruzioni delle stirpi mitocondriali, nonché fondatore di *Oxford Ancestors*, fu il primo a sottoporre il suo proprio cognome, Sykes, allo studio statistico di frequenza aplotipica sul territorio del suo paese, la Gran Bretagna.

Un ultimo caso, ora, prima di passare al paragrafo conclusivo di questa rassegna. Il caso delle discendenze irlandesi e dell'intreccio fra mito-genetica e genealogie storiche.

Alla guida d'una *équipe* di ricerca presso il Trinity College di Dublino, Brian McEvoy, genetista e microbiologo, conduce da tempo intense ricerche sulle discendenze irlandesi riconducibili al mitico re Niall (V secolo).¹² Il lavoro di ricognizione percorre insieme itinerari spaziali, geografici (studiare la concentrazione areale di cognomi e aplotipi) e filogenetica. Fin dal titolo dato al programma, *R1b-U106 Y-DNA Haplogroup*, si coglie il passaggio di scenario, come a una differente scala d'osservazione, un diverso ordine di fatti. Il posto che nei progetti cognome è occupato dal nome di famiglia, qui viene preso dall'etichetta della classe filogenetica, il nome dell'aplogruppo. Alla stirpe-lignaggio riconosciuta intorno a sequenze ancestrali, ai patronimici, ai nomi propri collettivi si sostituisce l'etichetta alfanumerica della classe filogenetica; il riconoscimento ha l'apparenza d'un reclutamento per *test*, per verifica della carta di congruenze genotipiche.

Il progetto *R1b-U106 Y-DNA Haplogroup* si rivolge in effetti ai clienti-candidati che già possiedono i risultati di un *test*, che li ha riconosciuti come positivi al *SNP U106* (*Single Nucleotide Polimorfism U 106*) ossia una mutazione caratteristica in un singolo nucleotide nel gruppo R1b, il gruppo europeo, l'"aplotipo modale atlantico".

¹² Brian McEvoy, Katharine Simms, Daniel G. Bradley, 2008, Genetic Investigation of the Patrilineal Kinship Structure of Early Medieval Ireland, *American Journal Of Physical Anthropology*, 136, 415-422.

*

L'aplogruppo modale atlantico, ceppo genetico dominante in Europa, siglato come R1b nella nomenclatura *standard*, è definito dalla mutazione caratteristica M343, stimata circa -18kya (diciottomila anni fa) e originata ipoteticamente in una regione non definita dell'Asia centro-occidentale. La propagazione europea in realtà è solo una fra le molte diramazioni del ceppo, che si distribuiscono con frequenza variabile nel continente e con prevalenza appunto sulle aree che si affacciano sul davanzale atlantico. I diversi segmenti e sublignaggi che si definiscono entro questo comprensorio, sempre secondo il paradigma filogenetico (biforcazioni e divergenze, nuove biforcazioni e cladi secondarie) delineano la ragnatela del molteplice catalogo di identità connesse e danno corpo alla mappa comune (comune ma differenziata) di una geografia delle identità bio-genetiche estremamente densa. In se stesso il progetto appare, per così dire, collettivista e impersonale: i singoli profili diventano tessere di un mosaico infinito che rivela, nella sua composizione corpuscolare, il disegno di lunghe storie migratorie e demografiche. Il disegno d'insieme nasce dall'unione dei molti, moltissimi *test*, e ognuno di essi rappresenta un contributo alla formazione del grande atlante del chi siamo

The R1b-U106 Project is open ONLY to those who have tested positive for SNP U106, OR BELOW, at FTDNA or via a National Geographic Geno 2.0 test, or a 23andMe test, or a deCODEme test, or a former EthnoAncestry test for the alternate SNP name S21.

We strongly encourage those predicted to be R1b1a2 (SNP M269) and who have the result at the 66th STR marker where 492=13 or higher, to test SNP U106 at FTDNA, and if found positive, to join the R1b-U106 Project.

Tuttavia, la comunità databasica è chiusa. L'accesso è riservato ai soggetti che rispondono a requisito preliminare di appartenenza (e che dunque possono superare la selezione cladistica e acquisire nuovi elementi di riconoscimento, più dettagliati, contribuendo a ricostruire così la trama della articolazione in subcladi)

Sottoporsi al *test* equivale ad acquisire il diritto di accedere al *database*: si è nello stesso tempo inclusi (trattati, dunque codificati nell'archivio: consegnando il campione del proprio DNA si entra nel catalogo genetico della compagnia che fornisce il servizio) e attori. Ognuno infatti da quel momento potrà intervenire nella ricognizione, esaminare i risultati del proprio e di altri co-iniziati, reclutare etc. Tuttavia, consegnare il proprio profilo significa cederlo, senza possibilità di ritirarlo

YOU JOIN THIS PROJECT, YOU HAVE GRANTED PERMISSION TO PLACE YOUR SNP AND STR DATA INTO THE PUBLIC DOMAIN, FROM WHICH IT CAN NEVER BE RETRIEVED. We only publish by the ancestor name that you provide, and the FTDNA kit number. We do not publish your given name or contact info.

L'identità di gruppo si condensa così in un deposito bio-elettronico che include via via nuovi donatori abilitati o iniziati previo controllo della corrispondenza fra la carta genetica individuale e l'aplotipo modale.

Larga parte di questi depositi, tuttavia, sono accessibili dall'esterno, visibili: le tabelle dei "*results*" per questo o quel progetto-cognome si possono consultare senza registrarsi, così come è possibile mettere a confronto profili, cladi e sub-cladi.

Una sorta di regola della cooperazione, in qualche modo della solidarietà nell'impresa: cooperare per accrescere la conoscenza dei cladi e subcladi, condividere le informazioni, comunicare i risultati e scambiare quesiti, interpretazioni, nuovi piani di esplorazione. Il programma-manifesto del progetto indica gli obiettivi, in una sorta di ispirata missione di solidarietà identitaria:

R1b-U106 Y-DNA Haplogroup - Goals

Some worthy goals for the R1b-U106 Project are:

- to assist one another in making progress down the SNP-based branches to your particular subclade.
- to share geographic and other genealogical information with others in this haplogroup.
- to arrange the haplotypes of members into their respective subclades, so they can see what other surnames and geographic locations are associated with a particular subclade.
- to participate in the process of discovery, and share results obtained.

Spirito di cooperazione, o di azionariato per il vantaggio dal comune capitale cognitivo: costruire una identità partecipata, una sorta di trascendente lignaticità inclusiva di cui ognuno può sentirsi partecipe e cellula, creditore e beneficiario degli utili nella banca dati della ...

Nondimeno, senza grande difficoltà è possibile gettare uno sguardo alla schiera dei sottoscrittori-donatori-titolari di porzioni (o microporzioni) dell'identità in costruzione. O meglio: i membri, repertoriati in base a numeri di ID (quindi identità criptata), in elenco, ciascuno con la sua stringa, passano attraverso un antenato palese, di cui si dichiara il nome e le date, e si esplicita la sigla d'aplotipo (oltre che la serie intera dei suoi DYS). [es. il *User Kit Number N10888*, rinvia al progenitore, vissuto nel XVII secolo, JosephHarley, nato nel 1660 e morto nel 1706, il cui *haplotype* è specificato nella sigla R1b1a2a1a1a4a1, ovvero, con sette passaggi di differenziazione filogenetica, fino alla determinazione più ristretta, condivisa peraltro da una decina di donatori, e antenati, localizzati in Germania, Polonia, New Jersey, e tutti con un loro antenato, fra il Settecento e i primi dell'Ottocento, e con cognomi diversi].

Non bisogna mai dimenticare che questa particolare modalità di formazione del *database*, per aplotipo e non per cognome, è accessibile da ogni parte del mondo, senza criteri genealogici precostituiti, salvo la conformità dei risultati del *test* al contrassegno comune: positivi rispetto a U106 (Uno SNP: polimorfismo d'un singolo nucleotide).¹³ Dunque, un *test* che non presuppone potenziali "parenti", ma anzi, proprio all'opposto, parte dagli estranei (per poi rilevarne la coalescenza).

Il rapporto tra i viventi e gli antenati è quanto mai significativo. I primi, per così dire, si celano sotto le effigi dei loro progenitori, ed è a questi che si affida il ruolo di esemplari testimoni della distinzione. Mascheramento in duplice senso: il primo, quello appena detto, ricoprirsì del nome e del tempo del capostipite di segmento, il secondo, implicito nel fatto che, in realtà è proprio dal *test* dei discendenti autocensurati che si ricava l'identità genetica dell'antenato. Ossia io fornisco le carte per definire i titoli genetici di riconoscimento del mio avo, e poi mi riparo dietro la sua identità facendomi discendente anonimo di quella figura di *ancestry*.

Tre livelli di testo

¹³ Tested positive for SNP U106, OR BELOW, at FTDNA or via a National Geographic Geno 2.0 test, or a 23andMe test, or a deCODEme test, or a former EthnoAncestry test for the alternate SNP name S21.



Tattoo

Al termine di questo percorso – che qui, a dire il vero, non si conclude, ma si sospende – credo che possa essere utile aprire un piccolo spazio di meditazione: meditare sul tipo di realtà che ho cercato di descrivere, sui tre livelli di realtà che vi sono implicati. Mi piace appuntare questi tre gradi o piani con una formula, un po' mistica, che richiama la diade *verbum/caro*. Binomio da allargare a trinomio: *verbum, caro, arbor*, o anche se volete (spingendo verso il polo più scienziata): *verbum, caro, bio-*. Questa scelta, devo confessare, risente un po' del gusto o dell'amore della simmetria, la simmetria triadica che preferisco, centrata, con uno zero algebrico in mezzo e un più e un meno ai lati, una simmetria che ricorda il tempo (prima/ora/poi) e tante altre elementari, forse pre-logiche strutture del nostro pensare, e, soprattutto, del nostro vivere.

Veniamo dunque ai tre piani del reale qui evocati. Li elenco in una versione più delimitata, una versione che mira al campo delle relazioni tra persone e gruppi, famiglie, genealogie. Il primo è quello dei nomi, delle persone (dei nomi propri: Remo, William, Farcisco...) e, dunque anche dei loro cognomi. Lo riprenderemo fra un momento. Il secondo, quello dei termini e delle relazioni di parentela: nonno, nipote, cognato, cugino... : ossia le "nomenclature", la materia prima di cui, alla fine dei conti, sono fatte le genealogie visibili, ricordate, parlate, rappresentate. Il terzo, infine, è il piano dei profili bio-molecolari, il "testo" genetico e le classi che questo genera (aplotipi, cladi e sub-cladi).

Tutti e tre questi piani condividono lo stesso oggetto o convergono sullo stesso oggetto. Un oggetto, o un campo di oggetti, che si esprime in tessuti di codificazione differenti, (testo parlato, testo genealogico, testo genomico). Scrittura biochimica, scrittura genealogica, parola dialogica: tutto ciò permea e in-forma la vita di specie, la vita trasmessa, le forme sociali della connessione parentale. Queste forme di testo, come sappiamo, non si limitano a descrivere o a registrare; esse, oltre che dire, fanno, pongono in essere le relazioni di cui sono espressione.

Commentiamoli ancora per un po' questi livelli, queste cortecce sovrapposte dell'essere plurale nel tempo. Al livello del nome, del nome proprio che "chiama" ("come ti chiami?"), la funzione appellatrice, l'interloquire, capta una dimensione del tempo, nella sincronia, o ancor meglio, nella con-presenza, che si esercita alla scala della singolarità. È il Conoscersi, il "fare conoscenza", che, non a caso, si dice "presentarsi" (un co-presentarsi: esporsi al reciproco ambito di presenza, "introdursi"). Puntuale, singolare, comunicante questo nucleo codificato (di

testo e d'azione) punta al massimo di intensità della comunicazione e al massimo di concentrazione nell'identità della persona.

Il secondo, fatto di nomenclature-classi: "cognato", "cugino", si appiglia a una struttura, nel senso, ancora fresco mi sembra, in cui Gregory Bateson ne motivava il significato in un capitolo teorico di *Naven*: in ogni singolo evento o caso di relazione attiva vi è una struttura, un presupposto strutturale. Nell'operare del rapporto madre-figlio vi è la struttura, il presupposto strutturale della relazione madre-figlio.

Vorrei spendere qualche parola di più su questo secondo grado di testualizzazione: poiché in realtà (a questo livello di realtà) ciò che vi si coglie è il primo grado di spersonalizzazione che la sociologia vivente introduce nell'esperienza dell'alterità. Una figura, tante figure che la nomenclatura codifica nei suoi vocabolari perenni, una figura classificata nella quale la relazione prevale sulla individualità, in cui il nome comune prevale sul nome proprio. (Cognato: mio cognato Francesco: non è più completamente unico, e non è veramente in-dividuo fino in fondo. Il secondo termine è sussunto nel primo, che universalizza la sua posizione. Il nome proprio si trova collocato nel ruolo quasi supplementare di aggettivo del primo nome, sostantivo)

Arriviamo infine al terzo livello, il "testo" che estrae e traduce in espressione accessibile il profilo genetico della persona (e, vedremo, cerca di esprimere anche quello della relazione, con successo solo parziale). Potremmo pensarlo come grado ancora più avanzato di spersonalizzazione? Per i suoi aspetti meccanici sì, si potrebbe dire così. Quel che avviene infatti è che il patrimonio individuale di identità genotipica viene descritto (e forse de-iscritto, scomposto) nelle sue particelle costituenti. Un algoritmo di "caratteri", di messaggi biochimici in se stessi in-significanti. Anche in questo caso l'individualità e l'unicità del composto (di un solo vivente, singolare ed esclusivo) è insieme postulata e manipolata: il mio profilo genetico è solo "mio", inconfondibile, ma, nello stesso tempo, la gran parte dei suoi elementi, e il programma dell'intero tessuto, partecipano di molti altri. Attraverso le piste di questa condivisione anzi io posso riconoscermi parte di classi maggiori di comunità vitale e restituire la mia presunta originalità alla storia filogenetica delle combinazioni dalle quali deriva.

Che questi tre livelli inclusi l'uno nell'altro corrispondano o meno ad altrettanti stati positivi dell'essere, a tre mondi distinti, quello della parentela vissuta, quello della genealogia tracciata nella storia, e quello della *genetic-genealogy* inscritta nella memoria biologica del vivente, qui non può essere oggetto di discussione. A noi può interessare ora, e forse per il momento possiamo accontentarci di rilevare, che a essi corrispondano intanto diversi tipi o mondi culturali di circolazione sociale, le etnografie del porsi in relazione e del, come ho detto già, conoscersi.

Conoscersi nel doppio senso di far pratica di scambio sociale di conoscenza e di conoscere se stessi come soggetti d'antropologia. Insomma, tre possibili ecosistemi (o geneo-eco-sistemi) di percezione sociale.

Che il terzo, il più recente, stia producendo in questi anni una sua cultura dell'identità e delle identità, che sia giunto al punto di riclassificare gruppi ed etnie, famiglie e discendenze secondo criteri e algoritmi inediti, in cui il tempo, la storia filogenetica e lo spazio vengono ricomposti in rapporto l'uno con l'altro, e che questo definisca una visione dei sé di gruppo (i "gruppi" come lignaggi genetici), e che di questa pratica culturale facciano parte gli scienziati e i profani, i dilettanti e gli specialisti, non solo come osservatori, ma come corpi osservati, mi sembra una novità antropologica degna di molta, molta attenzione.

Bibliografia

Bamford, Sandra and Leach, James, 2009, *Kinship and Beyond. The Genealogic Model Reconsidered*, New York, Berghahn Books.

- Barthelemy, Tiphonie et Pignaud Marie-Claude , Orgs., 1997, *La généalogie entre science et passion*, Paris, Éditions du CTHS.
- Bateson, Gregory, 1936, *Naven*, Redwood City (CA), Stanford University Press, 1936.
- Delille, Gérard., 2011, *Famiglia e potere locale. Una prospettiva mediterranea*, Bari, Edipuglia (ed. or. 2003, *Le maire et le prieur. Pouvoir central et pouvoir local en Méditerranée occidentale (XVe-XVIIIe siècle)*, Paris Rome, École des Hautes Études en Sciences Sociales - École française de Rome).
- Gordon Tei A. and Howard III, William E., *The Evolution of the Gordon Surname: New Insight From Y-DNA Correlations and Genealogical Pedigrees* [<http://www.jogg.info/72/files/Gordon.htm>].
- Jobling, Mark A., 2001, In the name of the father: surnames and genetics , *Trends in Genetics*, 17, 6 (June): 353-357.
- _____ and Tyler-Smith, Chris, 2003, The Humany Chromosome: An Evolutionary Marker Comes Of Age, *Nature Reviews*, 4: 598-612.
- King, Turi E. and Jobling, Mark A., 2009, What's in a name? Y chromosomes, surnames and the genetic genealogy revolution, *Trends in Genetics*, 25, 8: 351-60.
- McEvoy Brian and Bradley, Daniel G., 2006, Y-chromosomes and the extent of patrilineal ancestry in Irish surnames , *Human Genetics*, 119, 1-2: 212-219.
- _____, Katharine Simms, Daniel G. Bradley, 2008, *Genetic Investigation of the Patrilineal Kinship Structure of Early Medieval Ireland*, *American Journal of Physical Anthropology*, 136, 4: 415-422.
- _____, Martin Richards, Peter Forster, Daniel G. Bradley , 2004, The Longue Durée of Genetic Ancestry: Multiple Genetic Marker Systems and Celtic Origins on the Atlantic Facade of Europe , *American Journal of Human Genetics*, 75, 4: 693-702.
- Pallson, Gisli, 2007, *Anthropology and the New Genetics (New Departures in Anthropology)*, Cambridge, 2007.
- Redmonds George, Turi King, David Hey , 2011, *Surnames, DNA, and Family History*, Oxford, Oxford University Press.
- Sykes, Bryan, 2001, *The seven daughters of Eve*, London, New York, Bantam Press, (trad. it. 2003, *Le sette figlie di Eva. Le comuni origini etniche dell'umanità*, Milano, Mondadori).

Piergiorgio Solinas è Professore ordinario presso l'Università di Siena. Ha svolto ricerche ed elaborato molte pubblicazioni sulla parentela e sull'antropologia economica. Suoi terreni di ricerca sono stati la società contadina della Toscana, l'emigrazione dei pastori sardi in Toscana e le forme contemporanee di famiglia. Da circa vent'anni ha aperto un ulteriore terreno di ricerca in India, nel Bengala occidentale.