

Recensione

David Reich, *Chi siamo e come siamo arrivati fin qui. Il DNA antico e la nuova scienza del passato dell'umanità*

Francesca Romana Capone

Premessa

Nei primi anni '90, Luigi Luca Cavalli Sforza, assieme a Paolo Menozzi e Alberto Piazza, pubblicava il fondamentale saggio *Storia e geografia dei geni umani*, che raccoglieva decenni di studi gettando le basi della moderna antropologia genetica. A distanza di meno di trent'anni, un suo giovane allievo, David Reich, ci mostra in *Chi siamo e come siamo arrivati fin qui* come il progresso nelle tecnologie di sequenziamento del genoma e la possibilità di studiare DNA antico abbiano in parte rivoluzionato le conclusioni tratte dal maestro.

Reich è uno dei pionieri dello studio del DNA antico. Partendo dalle tecnologie di estrazione e di isolamento di frammenti di DNA umano dai DNA contaminanti messe a punto da Svante Pääbo presso l'Istituto Max Planck di Lipsia, nel 2013 ha allestito un laboratorio dedicato al DNA antico ad Harvard, sviluppando metodologie di amplificazione delle sequenze fino ad ottenere - in tempi ridotti e a costi limitati - dati "genome wide" (ovvero sull'intero genoma). La tecnica messa a punto da Reich e colleghi a partire dal 2009 si avvale della possibilità di sintetizzare tratti del genoma e di utilizzarli come "esca" per pescare sequenze significative di DNA antico: sintetizzando sequenze di DNA di 52 lettere si possono coprire oltre un milione di loci noti per la loro variabilità tra individui. Tali sequenze vengono poi amplificate e processate da robot, in modo da consentire a una sola persona di studiare in pochi giorni oltre 90 campioni (abbassando notevolmente i costi rispetto all'analisi a tappeto). Accanto alle nuove tecnologie, lo studioso e i suoi collaboratori hanno messo a punto anche sofisticate metodologie statistiche utili per interpretare i risultati dei sequenziamenti.

L'analisi dell'impressionante serie di dati prodotti nel laboratorio di Reich e negli altri nell'ultimo decennio è alla base di una nuova fotografia del passato dell'umanità: secondo lo studioso, "le prove fornite dalla genetica prima del 2009 erano quasi sempre secondarie rispetto agli studi sul passato dell'umanità svolti in altri campi, misere ancelle dell'impresa

regina, quella dell'archeologia. Dal 2009, invece, i dati sul genoma completo hanno cominciato a mettere in dubbio le opinioni invalse in campo archeologico, storico, antropologico e persino linguistico, e ad appianare le dispute in quei settori"¹. Si tratta, insomma, di una rivoluzione che non coinvolge solo la scienza ma rimette in discussione un campo tradizionalmente appannaggio delle discipline umanistiche e chiama in causa lo stesso pensiero dell'uomo su se stesso, con vaste implicazioni che Reich delinea nell'ultima parte del suo saggio.

È qui, infatti, che l'autore riflette su temi fondamentali quali quello della razza e dell'identità, alla luce delle evidenze presentate nel volume. Ci sembra importante ripercorrere tutte le tappe del suo cammino per evidenziare in che senso questi studi possano riproporre lo spinoso problema dell'esistenza delle razze, già più volte affrontato negli interventi pubblicati su questo sito.

Come la storia si è impressa nel genoma

La prima parte del testo è dedicata a dimostrare in che modo lo studio del genoma antico possa contribuire alla ricostruzione della storia remota dell'umanità. Già negli anni '80 del secolo scorso, le prime applicazioni della genetica allo studio del passato hanno portato, attraverso l'analisi delle mutazioni del DNA mitocondriale, alla scoperta della cosiddetta "Eva mitocondriale", un'antenata comune a tutte le attuali popolazioni non africane vissuta intorno a 160 mila anni fa: una prova schiacciante a favore della teoria "out of Africa" contro l'ipotesi dello sviluppo multiregionale dell'uomo moderno. Ma i dati forniti dall'analisi dell'intero genoma portano in sé una messe di informazioni assai più ricca. Come spiega Reich, ogni cromosoma è frutto della giunzione di frammenti materni e paterni, combinati in molti modi diversi (ad esempio, un terzo del cromosoma dalla madre e due terzi dal padre). Ogni femmina crea 45 nuove giunzioni quando produce un ovulo, mentre un maschio ne crea circa 26 con lo sperma, per un totale di 71 per generazione. Ogni genoma è composto da 47 pezzi di DNA (due coppie di 23 cromosomi da madre e padre, più il DNA mitocondriale); se risaliamo di una generazione, i pezzi diventano 118 (47 + 71), di due 189 (47 + 71 + 71). Risalendo nel tempo, il numero degli antenati

¹ David Reich, *Chi siamo e come siamo arrivati fin qui. Il DNA antico e la nuova scienza del passato dell'umanità*, Raffaello Cortina Editore, Milano, 2019, p.24.

supera quello dei pezzi ancestrali di DNA: dopo 10 generazioni, gli antenati saranno 1024 mentre i pezzi di DNA 757. Più lontano andiamo, più il numero degli antenati supera quello dei frammenti, il che significa che la genealogia storica non coincide con la storia genetica dell'individuo (molti antenati non lasciano cioè alcuna traccia genetica). Per ogni tratto del genoma, inoltre, esiste un limite al tempo al quale si può risalire, ovvero l'antenato comune di ciascun tratto. Ma se per il DNA mitocondriale questo limite si pone, come abbiamo visto, a circa 160 mila anni fa, per la gran parte del genoma esso cade tra 5 e 1 milione di anni fa ed è quindi potenzialmente ricco di informazioni su un passato assai più lontano.

Un altro campo nel quale si è pensato che la ricerca genetica potesse fare luce riguarda la spiegazione per il salto di qualità, evidente dai reperti archeologici, che l'umanità ha compiuto a partire da circa 50 mila anni fa. In questo ambito, l'analisi genome wide ha dimostrato come sia fallace l'idea di un semplice "interruttore biologico", ovvero di una singola mutazione responsabile del balzo in avanti del comportamento umano. Da un lato si è potuta verificare la distanza che ha isolato alcune popolazioni in un passato lontano oltre 100 mila anni, precedente, dunque, al cambiamento di 50 mila anni fa, in evidente contraddizione con l'idea di una singola mutazione significativa trasmessa a tutta l'umanità. Dall'altro la ricerca di un antenato comune a tutti i gruppi umani attuali, attuata su numerosi loci, porta a una data di circa 320 mila anni fa: troppo lontana per giustificare l'improvvisa emergenza del progresso del paleolitico superiore. Lo studio dell'intero genoma, quindi, ci mette in guardia rispetto all'esistenza di soluzioni apparentemente semplici a problemi complessi.

Un grande passo avanti nella comprensione dei meccanismi di formazione della nostra specie è venuto dalla scoperta - ormai confermata senza possibilità di smentita - dell'ibridazione tra umani moderni e neandertaliani avvenuta in Europa e Medio Oriente dopo l'uscita dall'Africa, tra i 54 mila e i 49 mila anni fa. La teoria "out of Africa", dunque, va corretta distinguendo la genesi degli attuali non africani che, in media, presentano un 2% di DNA neandertaliano. Tale percentuale non è ugualmente distribuita nell'intero genoma ma sembra essere stata sottoposta alla pressione della selezione naturale: i dati indicano infatti una scarsa fertilità degli ibridi, tale da diluire il DNA neandertaliano negli umani moderni. Ma c'è di più: il sequenziamento del DNA dell'uomo di Denisova² ha

² Ominide del quale è stata ritrovata una falange in una grotta dei Monti Altaj, in Siberia del sud, quando l'analisi del DNA mitocondriale condotta da Svante Pääbo nel 2010 dimostrò che non apparteneva a nessuna specie nota. In seguito, nella stessa località, sono stati trovati resti di un altro individuo.

portato a riscontrare un'ulteriore ibridazione tra umani moderni e popolazioni arcaiche: gli attuali abitanti della Nuova Guinea portano in sé un 3-6% di DNA denisoviano, nonostante la distanza dalla Siberia. Qui Reich evidenzia come la “scommessa” di Cavalli Sforza di poter ricostruire la diffusione delle popolazioni del passato attraverso lo studio dei genomi moderni sia in parte perduta: l'analisi dei genomi antichi dimostra che l'attuale diffusione delle popolazioni è poco indicativa delle migrazioni o delle sostituzioni di popolazione avvenute in un remoto passato. Inoltre, la comparazione genetica tra neandertaliani e denisoviani, più vicini tra loro che agli umani moderni, fa pensare all'esistenza di una popolazione “superarcaica” separatasi dalle attuali linee genetiche oltre un milione di anni fa. Di essa non esistono tracce materiali ma solo indicazioni di tipo genetico.

Gli studi sulle ibridazioni nel continente euroasiatico offrono, ancora una volta, un punto di vista nuovo sull'evoluzione umana: le migrazioni che hanno portato al pool genetico moderno potrebbero essersi svolte non solo dall'Africa, a partire dalla prima di circa 1 milione e 800 mila anni fa, ma anche dall'Eurasia di ritorno in Africa. Nelle parole di Reich: “La popolazione superarcaica e quella ancestrale degli umani moderni, dei neandertaliani e dei denisoviani potrebbero essere nate entro i confini eurasiatici senza richiedere un'ulteriore coppia di migrazioni dall'Africa, visto che basta una sola successiva migrazione di ritorno in Africa per inserirvi i geni condivisi con gli umani moderni”³. Questa ipotesi è più economica ma mette in discussione molte certezze come quella che vuole l'Africa quale culla della diversità umana: se la teoria è corretta, nel continente euroasiatico si sarebbe svolta una parte significativa dell'evoluzione dell'uomo moderno.

Un giro del mondo a bordo del DNA antico

La seconda parte del volume è dedicata all'analisi dei dati sul DNA antico nelle diverse regioni del mondo negli ultimi 50 mila anni e, ancora una volta, offre una prospettiva nuova sulle mescolanze che hanno portato alle popolazioni attuali. Non è questa la sede per entrare nei dettagli, ma tenteremo tuttavia di sintetizzare alcuni risultati affinché sia chiaro in che modo lo scenario immaginato da Cavalli Sforza e colleghi si sia complicato.

Un contributo importante è quello relativo alla storia delle popolazioni europee. In base alle ricostruzioni rese possibili dallo studio del DNA antico, emerge una storia di mescolanze,

³ David Reich, *Chi siamo e come siamo arrivati fin qui*, cit., p.104.

migrazioni e vicoli ciechi demografici, già a partire dalle popolazioni di cacciatori raccoglitori stanziate nel continente tra 45 mila e 14 mila anni fa. Parte di questi gruppi si è mescolata con i primi agricoltori tra 8800 e 4500 anni fa, in misura maggiore a partire da 6000 anni fa, mentre i primi agricoltori diffusi in Anatolia, Spagna, Germania e Ungheria e geneticamente assai simili ai sardi attuali risultano più “puri”. Nel tempo, il gruppo di cacciatori raccoglitori sparisce come popolazione a sé, lasciando un contributo di circa il 20% del DNA nelle popolazioni europee. Intorno a 4500 anni fa si verifica la diffusione dei pastori delle steppe portatori delle lingue indoeuropee: in questo caso, più che di mescolanza con le popolazioni preesistenti in Europa, bisogna parlare di sostituzione. Poiché intorno all’origine delle popolazioni indoeuropee si è addensato, nel secolo scorso, il dibattito sulla presunta purezza “ariana”, Reich mette in guardia dal sovrapporre i propri risultati alle ideologie:

Che gli individui di lingua indoeuropea originari vivessero in Medio Oriente o nell’Europa dell’est, fatto sta che gli Yamnaya, il principale gruppo responsabile della diffusione delle lingue indoeuropee in un immenso tratto di pianeta, nacquero da una mescolanza. (...) Il DNA antico ha imposto le grandi migrazioni e le mescolanze tra popolazioni altamente divergenti come forza cruciale nella formazione della preistoria umana, perciò le ideologie che cercano di tornare a una mitica purezza sono in aperta contraddizione con la vera scienza⁴.

La storia genetica del subcontinente indiano presenta numerose analogie con quella europea. L’attuale popolo indiano è frutto della mescolanza di due gruppi ancestrali: gli indiani del nord (ANI), imparentati con europei, centroasiatici, mediorientali e caucasici, e gli indiani del sud (ASI), che non hanno legami con alcuna popolazione odierna fuori dall’India. I due gruppi presentano una correlazione diretta con le famiglie linguistiche (gli ANI con l’indoeuropeo e gli ASI con le lingue dravidiche), ma anche con il sistema castale: le caste più alte presentano più geni ANI e quelle più basse sono maggiormente legate agli ASI. Le mescolanze indiane raccontano anche una storia di sopraffazione sessuale, poiché il contributo genetico ANI è prevalentemente maschile mentre quello ASI femminile (situazione analoga a quella degli attuali afroamericani, dove il contributo genetico maschile europeo è oltre quattro volte più elevato di quello africano). La forte endogamia

⁴ Ivi, p.162-163

legata al sistema delle caste è verificabile anche attraverso lo studio del DNA poiché si riscontrano dati compatibili con numerosi “colli di bottiglia” demografici (lungi segmenti di DNA condivisi da tutti gli appartenenti alla casta). Mettendo insieme i dati genetici è stato possibile ricostruire la storia della popolazione indiana a partire dall’ibridazione dei primi agricoltori iranici con i cacciatori-raccoglitori locali tra 9000 e 4000 anni fa. Come l’Europa, l’India subì un’ulteriore migrazione che portò i geni dei popoli delle steppe, quelli riscontrabili nei gruppi ANI. Essi veicolavano non solo la lingua indoeuropea ma, molto probabilmente, anche la cultura e la religione che, grazie alla forte endogamia, sono state conservate dai bramini e dalle caste superiori per giustificare la gerarchizzazione della società.

Anche la storia del popolamento delle Americhe, alla luce dello studio del DNA antico, riserva diverse sorprese. Ma mette anche in guardia rispetto ad alcuni risvolti sociali che questo tipo di ricerche non può ignorare: molte tribù native americane hanno norme che vietano di partecipare a indagini genetiche, sia per motivi religiosi, sia a causa di un uso scorretto dei dati in passato. Il quadro emerso dagli studi condotti, con le limitazioni dovute all’opposizione di alcune tribù, mostrano che, tra 15 mila e 5 mila anni fa, vi furono almeno quattro ondate di popolamento delle Americhe, delle quali due giunsero fino al Sud America. Anche in questo caso, l’indagine genetica ha consentito di ipotizzare l’esistenza di gruppi umani che non hanno lasciato tracce materiali mentre, per i tempi storici, hanno reso palese l’impatto dell’imperialismo europeo e il consistente flusso genico africano dovuto all’importazione degli schiavi.

Per quel che concerne il sud est asiatico, le evidenze genetiche mostrano come due “popolazioni fantasma”, una formatasi nel bacino dello Yangtze, l’altra del Fiume Giallo, si siano separate circa 9000 anni fa dal ceppo dei cacciatori raccoglitori stanziatisi tra 50 mila e 10 mila anni fa. La loro collisione in Cina ha dato origine al pool genetico di questa area. Anche il popolamento delle isole del Pacifico deve aver nascosto più ondate migratorie successive: l’attuale DNA di ascendenza papuasica sembra frutto di flussi più recenti, mentre i primi abitanti delle isole avevano DNA prevalentemente est asiatico.

Un problema ancora in gran parte aperto riguarda la storia umana degli ultimi 50 mila anni in quella che pure è la culla della nostra civiltà: l’Africa. C’è una carenza di studi sul DNA antico di quest’area (dovuta anche a fattori climatici che incidono sulla conservazione dei reperti) che non consente di verificare le mescolanze e mutazioni avvenute come è stato

fatto per altre regioni del mondo. È probabile che in Africa - come in Eurasia - siano avvenute ibridazioni tra umani moderni e arcaici che, d'altro canto, hanno convissuto fino a tempi relativamente recenti. Prove genetiche di un'importante mescolanza avvenuta ben prima di 50 mila anni fa indicano un contributo pressoché paritario di due popolazioni sorgente, suggerendo che "Forse la stessa mescolanza fu cruciale nella formazione degli umani moderni, assommando caratteri biologici delle due popolazioni che si univano e combinandoli in modi vantaggiosi per le popolazioni appena formatesi"⁵. Sulla successiva evoluzione delle popolazioni africane è difficile far luce a causa della grande diffusione dei gruppi di agricoltori negli ultimi millenni che, mescolandosi con le popolazioni preesistenti, hanno offuscato le tracce genetiche. Nonostante gli studi condotti sul DNA di antichi cacciatori-raccoglitori, la storia delle mescolanze africane è ancora in gran parte da scrivere e potrebbe rivelare nuove sorprese.

A conclusione di questo percorso, l'autore sottolinea come gli studi sul DNA antico possano essere considerati una "seconda rivoluzione" in campo archeologico, dopo quella della datazione al radiocarbonio del 1949. I dati che si stanno accumulando produrranno, in breve tempo, una sorta di atlante umano del DNA antico. Oggi gli scienziati affrontano la sfida di analizzare i movimenti recenti delle popolazioni negli ultimi 5 mila anni, che richiedono metodi statistici più raffinati e tecnologie più precise volte a individuare variazioni di minore entità. Un ulteriore campo di indagine riguarda la stima delle dimensioni medie delle popolazioni antiche, sulle quali non abbiamo praticamente informazioni. Anche la biologia umana potrà arricchirsi attraverso la misura della pressione della selezione naturale sui geni di singole popolazioni, nonché grazie ai dati sull'evoluzione dei patogeni che hanno accompagnato la nostra storia. Il rischio da cui Reich mette in guardia è però quello di un'eccessiva specializzazione, in un ambito nel quale resta fondamentale la collaborazione tra archeologi e genetisti per interpretare una mole di dati sempre maggiore.

Diseguaglianze, razza, identità: cosa può svelare il genoma antico

Il saggio di Reich racconta in parallelo due storie: quella brevemente riassunta sopra dei risultati degli studi sul DNA antico e quella, altrettanto interessante, della ricerca stessa

⁵ Ivi, p.264.

che, chiamando in causa l'evoluzione umana, ha incontrato diversi ostacoli e si è prestata a numerose dispute etiche. È sui risvolti morali e sociali che si concentra l'ultima parte del volume, ponendo questioni ancora senza risposta ma di scottante interesse. Un cenno è già stato fatto rispetto alla fotografia delle disuguaglianze di genere che emerge dagli studi genetici: dove una popolazione dominante si è mischiata con una sottomessa, l'ascendenza della prima è riscontrabile soprattutto nel cromosoma Y maschile, mentre la seconda lascia tracce nel DNA mitocondriale, trasmesso per linea materna. Ciò significa che, ad esempio, negli afroamericani, i geni europei sono trasmessi prevalentemente per via maschile poiché erano gli uomini ad unirsi alle donne schiavizzate. Ma tracce di questo tipo si ritrovano anche in epoche assai più remote: pochi maschi potenti delle steppe eurasiatiche di 5 mila anni fa hanno lasciato tracce genetiche in milioni di persone abitanti oggi in Eurasia. Tuttavia il tema più delicato toccato da Reich è l'impatto dei nuovi studi genetici sulla definizione di razza e identità⁶. Per introdurre il problema Reich ricorda i suoi studi sul cancro alla prostata negli afroamericani, soggetti a questa patologia più degli americani di origine europea. In un segmento del genoma di ascendenza africana, l'autore individuò 7 fattori di rischio indipendenti per il cancro alla prostata, in grado di spiegare la maggior incidenza della malattia in questo gruppo. Ma quando presentò i suoi risultati in un convegno, fu tacciato di razzismo e gli fu consigliato di citare le popolazioni come "raggruppamento A" e "raggruppamento B". I critici di Reich stavano dando voce alla ortodossia corrente in campo antropologico almeno dal saggio di Lewontin (1972) in poi, secondo cui le differenze biologiche tra le popolazioni umane non solo sono trascurabili, ma vanno trascurate dalla scienza in quanto alimentano ideologie razziste. Che il problema sia sentito lo dimostra quanto riporta Reich:

È un timore tanto spasmodico che la politologa Jacqueline Stevens ha addirittura proposto che le ricerche e persino le discussioni via email sulle differenze biologiche tra le popolazioni vengano vietate e che gli Stati Uniti "emanino un regolamento che proibisca al personale o ai beneficiari (...) di divulgare sotto qualsiasi forma, compresi i documenti interni e le citazioni di altri studi, affermazioni riguardanti la genetica associata alle variabili della razza, etnia, nazionalità o qualsiasi altra categoria demografica osservata o immaginata come ereditaria, a meno che esistano disparità significative dal punto di vista statistico tra i gruppi la cui descrizione fornisca chiari benefici alla salute pubblica, dietro

⁶ Le riflessioni di Reich sono reperibili in rete all'indirizzo <https://www.nytimes.com/2018/03/23/opinion/sunday/genetics-race.html>.

valutazione di un comitato a cui queste affermazioni devono essere sottoposte per l'autorizzazione”⁷.

Ma, sottolinea Reich, la rivoluzione del genoma ha già messo in crisi questa ortodossia: se è vero che siamo tutti frutto di mescolanze, è altrettanto vero che in ciascun genoma è possibile individuare tratti legati a popolazioni abbastanza divergenti da poter essere distinte. Di più: secondo l'autore anche l'idea che non possano esistere significative differenze a livello cognitivo perché implicherebbero mutazioni su un numero elevatissimo di geni è poco difendibile. Scrive infatti: “se la selezione naturale ha premuto in maniera diversa su due popolazioni da quando si sono separate, i caratteri influenzati da molte mutazioni sono capaci di arrivare a grosse differenze medie tra popolazioni quanto i tratti influenzati da poche mutazioni”⁸. E riporta, a questo proposito, un esempio significativo: l'individuazione, in uno studio su 400 mila genomi europei, di 74 mutazioni correlate al successo scolastico. Anche se ancora non è chiaro in che modo il genoma possa incidere sui risultati scolastici, studi di questo tipo suggeriscono che possono esistere differenze genetiche tra popolazioni con un'influenza sui comportamenti.

Che Reich abbia toccato un argomento tabù lo dimostra la lettera aperta pubblicata da un gruppo di 67 scienziati e ricercatori in risposta al suo libro⁹. Le argomentazioni volte a confutare le idee di Reich sono quelle dell'ortodossia antropologica: “This misrepresents the many scientists and scholars who have demonstrated the scientific flaws of considering “race” a biological category. Their robust body of scholarship recognizes the existence of geographically based genetic variation in our species, but shows that such variation is not consistent with biological definitions of race”¹⁰. Secondo gli estensori, qualunque scienziato impegnato in ricerche sulla variabilità genetica dovrebbe perciò collaborare con sociologi e politologi per chiarire cosa è rilevante e come parlarne. Il problema centrale resta quello terminologico, legato all'uso della parola “razza”:

For centuries, race has been used as potent category to determine how differences between human beings should and should not matter. But science and the categories it

⁷ David Reich, *Chi siamo e come siamo arrivati fin qui*, cit., p.305.

⁸ Ivi, p.311.

⁹ Cfr. <https://www.buzzfeednews.com/article/bfopinion/race-genetics-david-reich>

¹⁰ Ibidem.

constructs do not operate in a political vacuum. Population groupings become meaningful to scientists in large part because of their social and political salience - including, importantly, their power to produce and enforce hierarchies of race, sex, and class¹¹.

Una logica che appare paradossale quando applicata ai medesimi esempi riportati da Reich:

The same thing goes for the people descended from West African populations whom Reich examined in his work on prostate cancer. These people may have a higher frequency of a version of a particular gene that is linked to a higher risk of prostate cancer. But lots of people not from West Africa also have this same gene. We don't call these other people a "race" or say their "race" is relevant to their condition. Finding a high prevalence of a particular genetic variant in a group does not make that group a "race"¹².

È chiaro che rifiutare una classificazione sia pure grossolana significa, in questo caso, impedire di condurre uno studio scientifico. A meno che il problema non sia solo nominalistico e non possa essere risolto parlando di "gruppo A"...

Anche in Italia, tra le non molte recensioni al testo, si colgono due tendenze alla cui base è l'idea di etichettare le riflessioni di Reich su razza e identità. Da un lato, testate come Il Giornale e Libero, hanno voluto leggere le argomentazioni di Reich come un sostegno alle ideologie razziste. Dall'altro, studiosi più seri hanno tentato di minimizzare il portato delle argomentazioni dell'autore:

Ribadito giustamente che la mescolanza è nella natura umana - scrive Valerio Calzolaio su Il Bo Live - e che nessuna popolazione è, né può essere, pura, non sempre risultano convincenti quelle riflessioni finali sul fatto che nessuno conosca ancora la verità sulle vere differenze tra popolazioni codificate nei geni (e sembrano quasi alludere a una terza via tra razzismo e antirazzismo); l'esigenza di lasciare libera la ricerca è del tutto condivisibile, ma le argomentazioni appaiono meno approfondite, talvolta superficiali¹³.

Ci sembra, però, che anche le argomentazioni portate dall'autore della recensione siano tutt'altro che approfondite e lascino nell'ombra le serie obiezioni del genetista.

¹¹ Ibidem.

¹² Ibidem.

¹³ Cfr. <https://ilbolive.unipd.it/it/news/studi-ricerche-sul-dna-moderno-antico-siamo>.

Eppure Reich è molto chiaro nell'affermare come gli studi sul genoma abbiano permesso di fare piazza pulita delle vecchie categorie razziali: i dati stanno a indicare che le popolazioni attuali non sono lo specchio di quelle del passato, ma sono frutto di mescolanze tra gruppi estremamente divergenti, non più esistenti in forma pura. L'autore, quindi, pur sostenendo l'esistenza di differenze tra le popolazioni, mette in guardia rispetto alle tesi di alcuni "eretici" che, all'ortodossia antropologica, rispondono con argomenti altrettanto fallaci. Il punto è che i dati vanno interpretati. Reich porta l'esempio del numero elevatissimo di velocisti originari dell'Africa occidentale: il fatto può essere spiegato con la pressione della selezione naturale che porta a un miglioramento medio delle capacità velocistiche, ma può in alternativa essere letto come segno di una maggiore variabilità in tali capacità nelle popolazioni originarie di quest'area, con un numero più alto di persone che si pone agli estremi della scala. Ricorda Reich: "Per quasi tutti i tratti il livello di variazione tra individui è talmente grande che qualsiasi individuo di qualsiasi popolazione può eccellere in qualsiasi caratteristica indipendentemente dalle proprie origini, anche se certe popolazioni hanno diversi valori medi dovuti a un mix di influenze culturali e genetiche"¹⁴. Gli individui sono frutto dei geni, ma anche di una cultura condivisa che consente a ciascuno di ritagliarsi il proprio posto nel mondo. La ricerca genetica ci permette, insomma, di rivalutare la nostra identità (sempre più diffuse sono le aziende che, a pagamento, forniscono una lettura del genoma individuale) ma, grazie agli studi sul DNA antico, sappiamo anche che ogni individuo è frutto di mescolanze che lo connettono al resto dell'umanità. È proprio questo il messaggio che Reich lascia al termine del suo percorso: "La rivoluzione del genoma ci regala una storia condivisa che dovrebbe offrirci un'alternativa, se stiamo ben attenti, ai mali del razzismo e del nazionalismo e farci capire che abbiamo tutti eguale diritto alla nostra eredità umana"¹⁵.

¹⁴ David Reich, *Chi siamo e come siamo arrivati fin qui*, cit., p.322.

¹⁵ Ivi, p.331.