



Fondazione Internazionale Balzan

Luigi Luca Cavalli-Sforza

Premio Balzan 1999
per la scienza delle origini dell'uomo

Estratto dalle pubblicazioni:

Premi Balzan 1999 (edizione aggiornata e ampliata, 2009)

Meeting the Challenges of the Future.
A Discussion between "The Two Cultures"
(Leo S. Olschki Editore, 2003)

*Pubblicato, ampliato e aggiornato, in occasione della
lectio magistralis tenuta da Luigi Luca Cavalli-Sforza
presso la Fondazione Corriere della Sera di Milano
lunedì 7 settembre 2009, nell'ambito dell'evento pubblico
di annuncio dei vincitori dei Premi Balzan 2009.*

SOMMARIO

Luigi Luca Cavalli-Sforza, Premio Balzan 1999 per la scienza delle origini dell'uomo Motivazione del Premio e <i>laudatio</i>	5
Discorso di ringraziamento	6
<i>Una sintesi panoramica delle mie ricerche</i>	11
<i>Gli sviluppi della mia attività dopo il Premio Balzan (1999-2009)</i>	26
<i>Ci sono limiti alla conoscenza?</i>	30
Dati biografici e bibliografici	37
Fondazione Internazionale Balzan	43

**Luigi Luca Cavalli-Sforza,
Premio Balzan 1999 per la scienza delle origini dell'uomo**

Motivazione del Premio e *laudatio*

Per la completezza del suo lavoro sull'evoluzione umana, che ha studiato integrando gli aspetti genetici e culturali.

Luigi Luca Cavalli-Sforza è oggi il massimo esperto mondiale sulla diversità genetica delle popolazioni e su quanto essa ci può dire sull'albero filogenetico dell'umanità.

Ha intuito come la comprensione dell'evoluzione del genere umano richieda la conoscenza sia dei meccanismi genetici, sia di quelli culturali, e in special modo linguistici. Studiando i geni di un gran numero di gruppi etnici diversi e più di cento differenti alleli, e analizzando dati storici, demografici e linguistici, Luigi Luca Cavalli-Sforza è pervenuto a ricostruire l'origine delle antiche migrazioni e a elaborare un modello di diffusione della cultura nell'età del neolitico.

Nei lavori onnicomprensivi che egli ha così condotto, hanno avuto un ruolo importante le sue ricerche genetiche su popolazioni primitive quali i Pigmei dell'Africa, uno dei pochi gruppi rimasti che vivono di raccolta e caccia.

Esemplari, inoltre, sono i suoi studi sulle conseguenze genetiche dello sviluppo tecnologico, in particolare sugli effetti della diffusione dell'agricoltura dal Medio Oriente, sua area di origine, verso l'Europa. Tutto ciò, unito ai dati archeologici, gli ha permesso di ricostruire un albero completo della discendenza dei popoli, nel quale geni e linguaggi vanno di pari passo, per dimostrare come la convergenza di dati genetici e culturali consenta di dare una spiegazione convincente dell'evoluzione dell'uomo.

In conclusione si ritiene che Luigi Luca Cavalli-Sforza abbia creato una sintesi molto completa sulla differenziazione delle popolazioni del pianeta, integrando vari campi di ricerca e fornendo in modo evidente la prova della nostra "co-evoluzione" genetica e culturale.

Discorso di ringraziamento

Berna - 16 novembre 1999

*Signora Presidente della Confederazione Svizzera,
Membri della Fondazione Balzan,
Signore e Signori,*

vorrei iniziare ringraziando tutti i miei amici e le altre persone che non conosco che hanno proposto il mio nome per il Premio Balzan; il Comitato che ha preso la decisione sulla base di queste segnalazioni; ma, soprattutto, Eugenio Balzan e sua figlia Angela Lina, che hanno dimostrato una grande generosità nei confronti della scienza e della cultura. Da trent'anni circa vivo negli Stati Uniti, dove ho molte occasioni di ammirare il grande mecenatismo, specie scientifico, da cui le università e le istituzioni traggono un gran beneficio. E spesso penso che, purtroppo, in Italia gli sponsor sono molto rari. Una ragione sta certamente nella legislazione italiana che non favorisce questo genere di generosità, se non in pochi casi e solo da poco tempo. Così non si è diffusa in Italia quella mentalità che stimola persone facoltose a dedicare parte del proprio patrimonio allo sviluppo scientifico, culturale e intellettuale del paese. Spero proprio che la generosità dei Balzan venga presa a modello da altri. In base a quanto conosco della vita e opera di Eugenio Balzan e di sua figlia, sono un loro profondo ammiratore, e sono certo che il loro nome sarà ricordato con grande rispetto da quanti, come me, hanno potuto beneficiare della loro generosità. Desidero esprimere di nuovo la mia gratitudine a tutti coloro che hanno scelto di onorare me e la mia disciplina.

Il Premio Balzan mi è stato conferito per le mie ricerche sulle origini dell'uomo. I primi dieci anni del mio lavoro di ricercatore furono dedicati alla genetica dei batteri, ma a partire dal 1952 ho ripreso in Italia la strada indicatami dal mio maestro di genetica, il professor Adriano Buzzati-Traverso. A lui devo il mio interesse per la genetica delle popolazioni e l'evoluzione, e ben presto decisi di riprendere questo interesse dedicandolo in particolare agli esseri umani. Penso che la scelta degli esseri umani sia stata dettata dai miei studi universitari che completai laureandomi in medicina.

Lo studio dell'evoluzione stava assumendo una veste rigorosa grazie all'introduzione di una teoria matematica, sviluppata tra il 1918 e il 1950 da tre grandi

scienziati, Sir Ronald A. Fisher, J.B.S. Haldane, e Sewall Wright. Io ebbi la fortuna di lavorare con Sir Ronald Fisher a Cambridge nel 1948-50, e fu una collaborazione molto importante per me. Poco dopo mi posi il problema se non fosse possibile ricostruire la storia dell'evoluzione umana attraverso l'analisi delle differenze genetiche tra gli esseri umani oggi viventi. I dati sulla genetica delle popolazioni erano allora ancora scarsi. Si conoscevano le frequenze di alcuni gruppi sanguigni, tra i quali i gruppi cosiddetti AB0, usati per la trasfusione di sangue, il famoso sistema RH, e pochi altri. In attesa che emergessero altre conoscenze per raggiungere un sufficiente materiale critico, ci si poteva dedicare allo studio teorico dell'evoluzione. A quei tempi vi era ancora una fondamentale divergenza d'opinione circa la maggior importanza tra i due fattori evolutivi essenziali: la selezione naturale da una parte, e l'influenza casuale dall'altra, specie in rapporto a popolazioni di numero limitato, che porta inevitabilmente a delle fluttuazioni nella frequenza statistica dei caratteri genetici, fluttuazioni il cui effetto si ripercuote sulle successive generazioni.

Non vi era alcun dubbio che la selezione naturale avesse un ruolo centrale. Dell'influenza casuale aveva già dato ampie prove uno dei padri della teoria matematica dell'evoluzione, Sewall Wright, ma mancavano gli adeguati dati di osservazione. Mi è grato ricordare qui che Sewall Wright fu insignito del Premio Balzan nel 1984, essendo sopravvissuto assai più a lungo degli altri due geni della genetica evolutiva. L'altro genetista cui è finora toccato l'onore di ricevere questo premio, è John Maynard Smith, uno tra i più brillanti allievi di J.B.S. Haldane. Vi è, quindi, la coincidenza interessante che dei tre genetisti ai quali finora è stato conferito il Premio Balzan, Sewall Wright era l'ultimo dei tre grandi della genetica ancora vivente, mentre gli altri due furono allievi di Haldane e Fisher.

Mi proposi di risolvere il problema di come misurare l'influenza del caso sulla variazione genetica, studiando una popolazione vicina all'università di Parma, dove insegnavo negli anni cinquanta. L'effetto del caso sulle differenze genetiche tra villaggi doveva essere facilmente dimostrabile sulla base di dati demografici, che i registri parrocchiali di nascite, matrimoni e morti, disponibili fin dal 1500, permettevano di ricostruire. Si sarebbe potuto così calcolare l'ipotizzata variazione genetica dovuta al caso, e confrontarla con quella attualmente osservata. Questo lavoro ebbe un bel successo grazie all'aiuto di due giovani allievi: il sacerdote Antonio Moroni e Franco Conterio, oggi entrambi professori a Parma, l'uno di ecologia, l'altro di antropologia.

Nel 1961 si erano ormai accumulate osservazioni e materiale genetico di numerose popolazioni del mondo tali da permettere una prima analisi di un albero evolutivo delle popolazioni umane. Anthony Edwards, dell'Università di Cambridge, mi aiutò a sviluppare e applicare metodi di ricostruzione di alberi evolutivi che avevo in mente. Eseguiamo gli indispensabili e difficoltosi calcoli grazie al calcolatore Olivetti Elea, appena acquistato dall'Università di Pavia, dove mi ero trasferito, e dove continuai la mia ricerca. E così fu possibile ricostruire il primo albero evolutivo delle popolazioni umane la cui struttura di base è tuttora valida. Un'altra collaborazione importante per me fu quella con Sir Walter Bodmer, anch'egli allievo di R.A. Fisher, con il quale abbiamo pubblicato due libri sulla genetica di popolazioni umane. Uno di questi, *The Genetics of Human Populations*, è stato ristampato solo pochi mesi fa dalla Dover Publications, quasi trent'anni dopo la sua prima pubblicazione.

Nella seconda metà degli anni Sessanta estesi, per quanto possibile, il modello di ricerca genetica da me sviluppato sulla popolazione parmense a un gruppo di cacciatori-raccoglitori della foresta africana, i Pigmei, una delle poche popolazioni che vivono ancora in economia preagricola, non troppo lontana da quella paleolitica. Mi aiutò molto il professor Marcello Siniscalco, allora professore a Leida, eseguendo nel suo laboratorio le analisi genetiche di moltissimi campioni di sangue che avevo raccolto in Africa. Il contatto con una cultura così diversa mi spinse a cominciare ricerche di evoluzione culturale, che iniziai dopo il mio passaggio all'università di Stanford nel 1971. Prima fra queste fu l'analisi dei dati archeologici sulla diffusione dell'agricoltura in Europa nel neolitico, in collaborazione con l'archeologo Albert Ammerman. Grazie a una teoria matematica proposta da R.A. Fisher nel 1937, potemmo misurare la velocità di diffusione dell'agricoltura e dimostrare che era compatibile con l'ipotesi che fossero le stesse popolazioni agricole, e non la tecnologia agricola, a diffondersi. In altre parole, era la diffusione degli agricoltori, che soprannominammo "diffusione demica", e non solo quella dell'agricoltura, che sarebbe una forma di pura "diffusione culturale". Nella seconda metà degli anni Settanta, con Alberto Piazza e Paolo Menozzi, oggi professori di genetica umana a Torino e di ecologia a Parma, conducemmo un'analisi sui dati di frequenze geniche in Europa, che ci permise di dimostrare che esiste una forte correlazione tra dati genetici e archeologici, a riprova dell'idea che l'espansione agricola ha avuto inizio nel Medio Oriente. Questo fu l'inizio di una collaborazione con Menozzi e Piazza durata 14 anni, che ci ha permesso di estendere questi studi di geografia e storia ge-

netica al resto del mondo, e di pubblicare, nel 1994, un libro intitolato *History and Geography of Human Genes* (edizione italiana: *Storia e geografia dei geni umani*, Adelphi, 1997).

Con gli anni Ottanta arrivarono i primi metodi di analisi genetica che permettevano di studiare direttamente il DNA. Questo progresso rivoluzionario ha permesso di allargare enormemente il panorama della variazione genetica, da poche centinaia di geni a decine di migliaia, e di spingere l'analisi all'atomo del DNA, il singolo nucleotide. È anche diventato possibile introdurre nuovi metodi per raccogliere i dati genetici di significativi fattori nella storia evolutiva dell'uomo, in particolare dell'espansione dell'uomo moderno al di fuori dei confini in cui fu generato: l'Africa. Quattro anni fa un ricercatore del mio laboratorio, Peter Underhill, assieme a Peter Oefner, un collega del laboratorio di Ron Davis, ha inventato un nuovo metodo di ricerca di differenze del DNA particolarmente efficace, con il quale è stato possibile trovare molte variazioni genetiche nel cromosoma Y. Fino ad allora questo cromosoma, che si è rivelato prezioso per più ragioni, aveva contribuito ben poco allo studio dell'evoluzione. Oggi siamo perciò entrati in una fase di grande attività e di scoperte affascinanti.

La crescita esplosiva della conoscenza negli ultimi anni ha investito anche certi campi di studi socioculturali, come la linguistica e l'onomastica – lo studio dei nomi propri. In questo mio studio, come in quello sulla consanguineità, desidero ricordare l'aiuto prezioso datomi dalla professoressa Gianna Zei di Pavia. Abbiamo potuto osservare una notevole somiglianza tra l'evoluzione delle lingue e quella dei geni, dovuta in parte alla comunanza di meccanismi evolutivi e a dei processi storici di espansione delle popolazioni. Nello studio dell'evoluzione delle lingue mi hanno aiutato Joseph Greenberg e Merritt Ruhlen di Stanford, e Bill Wang di Berkeley. In parte, questi ultimi studi sono il risultato di una trentennale collaborazione con il professor Marcus Feldman di Stanford, con il quale abbiamo costruito una teoria matematica dell'eredità culturale. Gli studi di evoluzione culturale hanno finora trovato poco interesse tra gli antropologi culturali, con una importante eccezione: la ricerca congiunta sui Pigmei con il professor Barry Hewlett della Washington University. Hanno, invece, stimolato gli economisti, che sono più interessati all'approccio matematico.

Le mie ricerche mi hanno spesso portato in campi di solito "proibiti" alle scienze naturali; potranno di conseguenza sollecitare un maggior interscambio tra le

“due culture”. In campi come il mio, la multidisciplinarietà è essenziale. D’altro canto, la scienza richiede sempre più una elevatissima specializzazione, senza la quale si incorre nel pericolo della superficialità. Comunque si può sempre diventare multidisciplinari a condizione che si riesca a trovare dei buoni collaboratori nelle altre discipline. Sono lieto di aver potuto nominare e ringraziare almeno i più importanti. Senza di loro la mia ricerca non sarebbe stata possibile.

LUIGI LUCA CAVALLI-SFORZA

Una sintesi panoramica delle mie ricerche
(1999 – aggiornata e ampliata, luglio 2009)

di Luigi Luca Cavalli-Sforza

Professore Emerito presso la School of Medicine, Stanford University

Nel discorso di ringraziamento ho tratteggiato una storia preliminare delle mie ricerche sulle origini dell'uomo, nominando con piacere tutti i principali collaboratori che mi hanno aiutato. Ora vorrei offrire una sintesi dei principali risultati.

La deriva genetica opposta alla selezione naturale come fattori di evoluzione e l'importanza della demografia

Jacques Monod ha pubblicato un libro importante intitolato *Caso e necessità* che, dato il contenuto, avrebbe potuto anche essere nominato con il meno affascinante, ma più rappresentativo titolo di “Mutazione e selezione naturale”. Nel libro, il caso è ritenuto parzialmente responsabile dell'evoluzione a motivo della casualità della mutazione, ma in realtà esso svolge un ruolo ancor più importante per la deriva genetica, che è l'effetto delle fluttuazioni statistiche delle frequenze dei geni, dovute alle dimensioni delle popolazioni, all'isolamento e alla povertà di scambi migratori. Quando iniziai le mie ricerche i sostenitori della selezione tendevano a minimizzare l'importanza della deriva genetica. Al principio dimostrai che è possibile prevedere l'entità e l'importanza della deriva utilizzando informazioni demografiche sulle popolazioni, prestando particolare attenzione alla loro struttura geografica, e sulle migrazioni, e che essa non è affatto da trascurare. È chiaro che l'evoluzione umana è estremamente adatta per lo studio della deriva, perché la demografia, che può prevederla da un punto di vista quantitativo, è particolarmente facile da studiare nell'uomo. Ma la demografia è anche alla base della selezione naturale, che è il risultato delle differenze dei potenziali di sopravvivenza e di riproduzione legati alla costituzione genetica di ogni individuo. Non c'è da sorprendersi che Darwin sia stato fortemente influenzato dalle intuizioni di Malthus sulle modalità di crescita demografica delle popolazioni umane. È ormai chiaro che la comprensione dell'evoluzione è in gran parte basata sullo studio della demografia. Nel suo famoso libro *The Genetical Theory of Natural Selection*, R.A. Fisher ha adottato l'equazione di Lotka, che esprime il tasso di crescita della popolazione, per definire il metodo di misurazione della “fitness

darwiniana”, cioè la capacità ereditaria dell'adattamento individuale nella selezione naturale, e usarne la sua variazione individuale per prevedere gli aspetti principali dell'evoluzione per selezione naturale.

Grazie al genetista delle popolazioni Motoo Kimura, la genetica molecolare ha avuto un ruolo chiave per comprendere la grande influenza della deriva nell'evoluzione in generale. La deriva è importante anche quando vi è selezione naturale, ma in assenza di questa ultima – vale a dire con tratti “selettivamente neutrali” – sarebbe l'unico fattore, con la mutazione e la migrazione, dei cambiamenti evolutivi. Molte varianti genetiche scoperte a livello di DNA sono selettivamente neutre o quasi. Kimura ha introdotto l'idea di “sopravvivenza del più fortunato” per sottolineare il ruolo del caso come contraltare della selezione naturale, definita dalla “sopravvivenza del più adatto”.

Struttura demografica e sociologica delle popolazioni e scambi migratori tra esse sono estremamente importanti per comprendere l'evoluzione umana. Stanno cominciando anche a svolgere un ruolo di primo piano nella genetica medica, per un semplice motivo: sta diventando chiaro che le popolazioni umane “isolate” sono molto comuni. Si tratta di popolazioni che sono passate attraverso un “collo di bottiglia demografico” a un certo punto della loro vita e hanno avuto scambio limitato o nullo con i vicini. Esse sono fortemente soggette alla deriva, e il risultato è che la loro epidemiologia genetica è molto diversa da quella della popolazione umana nel suo complesso. Molte malattie ereditarie, comuni altrove, sono rare o assenti in alcune di queste popolazioni isolate, mentre altre malattie genetiche rare, o del tutto assenti nelle altre popolazioni, sono invece comuni in quelle isolate. Esempi classici di tali popolazioni isolate sono i Franco-Canadesi, gli Afrikaner, gli Ebrei ashkenaziti, i Sardi e molte altre più piccole, come quella dell'isola Tristan da Cunha, ecc.. Malattie ereditarie, come la schizofrenia o le allergie, sono dovute a cause genetiche multiple e sono quindi difficili da studiare nella popolazione in generale, ma i geni responsabili sono più facili da identificare in popolazioni isolate. In realtà è probabile che un singolo gene sia responsabile, nonostante tutto, di una determinata malattia in una popolazione isolata, o almeno è molto più facile dissezionare, in tal caso, un complesso sistema di causalità genetica di malattie o altri tratti rari.

Alberi evolutivi

Il primo approccio che ho tentato per ricostruire la storia dell'evoluzione umana è stato l'uso di alberi evolutivi. La loro applicazione si basa sul principio che

quanto più prolungata è la separazione di due popolazioni, tanto maggiore, in probabilità, è l'entità della differenza genetica tra esse. Ciò richiede che venga misurata una quantità che abbiamo chiamato "distanza genetica". Quando si esamina la distanza genetica tra le specie che sono state separate per tempi molto lunghi, decine o centinaia di milioni di anni, di solito si esamina un individuo per specie, e si trova che le specie si differenziano per molte singole diversità genetiche. La percentuale di unità di DNA che si trovano a essere diverse in due specie è legata, in modo molto semplice, alla loro separazione evolutiva nel tempo. Ma le popolazioni umane viventi oggi sono state separate per un tempo relativamente breve. L'archeologia mostra che l'essere umano moderno è apparso solo un po' più di centomila anni fa, in Africa, e si è diffuso prima in Asia, tra centomila e cinquantamila anni fa, e dal sud est asiatico in Oceania tra i sessantamila e i quarantamila anni fa. L'Europa è stata raggiunta circa quarantamila anni fa sia dall'Asia occidentale che dall'Africa del Nord, mentre la diffusione in America, dalla Siberia, iniziò quindicimila anni fa.

La mutazione compare prima in un individuo, quindi si estende ad altri solo in generazioni successive, quando l'individuo che porta la prima mutazione ha diverse progenie che conservano la mutazione. La diffusione avviene perché i mutanti sono favoriti dalla selezione e sopravvivono facilmente, o hanno più figli, o semplicemente perché è favorita dal caso. Di solito ci vogliono un gran numero di generazioni prima che la mutazione si osservi in molti individui, e ancor di più perché rimpiazzino completamente il tipo originale. Così tra il primo presentarsi di una mutazione e la sostituzione del tipo originale di solito trascorre un tempo lunghissimo. Durante questo periodo il tipo mutante è "polimorfo", vale a dire che coesistono nella popolazione sia il tipo originale (l'antenato) che il tipo mutante. Sono pochissime le mutazioni che hanno raggiunto l'intera specie umana, dopo la sua origine in Africa.

In realtà, abbiamo stabilito che, pur se l'intera popolazione umana ha un'enorme variazione genetica tra individui, l'85% del totale della variazione umana è all'interno di tutte le singole popolazioni, e solo il 15% le divide. Pertanto, non possiamo utilizzare per il confronto delle diverse popolazioni umane la stessa misura di distanza genetica utile alla comparazione delle diverse specie viventi, per le quali basta un individuo di ogni specie. Per esempio, troviamo che il tipo RH negativo ha una frequenza del 50% in alcune popolazioni, come ad esempio i Paesi Baschi, una più bassa in Inghilterra (40%), e 0% nell'Asia orientale. Sostituzione genetica significa transizione dallo 0% al 100%. La differenza tra Baschi e Inglese è solo $50\% - 40\% = 10\%$ di una sostituzione completa, e tra i Ba-

schi e gli estremo orientali è 50%. In realtà impieghiamo formule un po' più sofisticate per calcolare la distanza genetica fra due popolazioni, che sono, in media proporzionali al tempo di separazione tra le due. È anche essenziale calcolare medie di molti geni perché queste misure siano valide.

Quando la casualità è uno dei principali fattori responsabili del cambiamento, l'unico modo per eliminare l'incertezza che provoca è quello di applicare la legge dei grandi numeri, ovvero usare un gran numero di differenze genetiche. Ma anche se potessimo limitarci a studiare le differenze dovute a selezione naturale dovremmo sempre fare medie di molti caratteri. Le popolazioni di cui possiamo studiare la separazione con gli alberi evolutivi sono quelle più ampiamente separate, e la separazione genetica è strettamente proporzionale a quella geografica. Popolazioni geograficamente vicine sono molto simili le une alle altre, in generale perché la migrazione è più frequente tra vicini stretti. Marito e moglie tendono a nascere a breve distanza l'uno dall'altro. La migrazione si comporta come un omogeneizzatore genetico e tende a sopprimere le differenze genetiche provocate dalla selezione naturale o dalla deriva. Ma quando due gruppi sono situati a grande distanza, sufficiente a reprimere lo scambio genetico tra la popolazione e la nuova colonia che si è formata, la differenziazione ha inizio e continua con un tasso più o meno costante, dettato largamente dalla deriva e, se vi sono importanti differenze ambientali, dalla selezione naturale. Per questo motivo, gli alberi evolutivi delle popolazioni ci permettono di ricostruire la loro storia, e sono in ragionevole accordo con le osservazioni archeologiche.

Più di recente, abbiamo ricostruito alberi genetici di singoli individui, in particolare per i caratteri genetici ereditati tramite un solo genitore. Questi si basano sul DNA mitocondriale, che viene trasmesso solo attraverso le madri a tutti i figli, oppure sul DNA di cromosomi Y che sono trasmessi solo da padri a figli maschi. Le sequenze di DNA permettono di ricostruire genealogie di mutazioni avvenute in periodi molto lunghi, e confermano splendidamente gli alberi evolutivi costruiti sulle popolazioni, ma sono molto più dettagliati e significativi. In pratica ricostruiscono la genealogia individuale a partire da una sola "Eva" (con il DNA mitocondriale), o rispettivamente, da un solo "Adamo" (con il cromosoma Y), vissuti tra cento e duecentomila anni fa, ma non perché vi sia mai stato un momento in cui viveva una sola coppia o un solo progenitore. Probabilmente all'inizio della nostra specie vi era una tribù di un migliaio di persone che vivevano in un punto non ben precisato dell'Africa orientale, ma per ragioni statistiche, sia per i mitocondri che per i cromosomi Y, vi è un solo progenitore comune a tutti i mitocondri e tutti i cromosomi Y presenti oggi: è l'unico

che si è riprodotto fino a oggi, tutti gli altri non hanno avuto figli, nipoti o pronipoti vissuti fino a oggi. Per chi pensa che in realtà vi è stato un tempo in cui viveva solo una coppia di individui, come dice la Bibbia, dobbiamo dire che i nostri Adamo ed Eva genetici vivevano in tempi e forse luoghi molto separati.

Genetica e cultura

Mi piace chiamare “cultura” il patrimonio di conoscenze accumulato di generazione in generazione, o potremmo anche dire: ciò che si impara dagli altri e influisce sul nostro comportamento: è una definizione molto più generale di quella normalmente usata, per la parola “cultura”, dai quotidiani, che sembra riguardare soltanto film e romanzi. La maggior parte degli animali ha una cultura, ma è chiaro che gli esseri umani sono gli animali più culturali di tutti. La cultura si evolve secondo regole simili a quelle della biologia, ma il substrato è chiaramente molto diverso, basandosi su relazioni e stati neuronali piuttosto che sulla struttura del DNA. Ci sono cambiamenti culturali che equivalgono a mutazioni genetiche, come le invenzioni o le innovazioni, ma non sono così casuali come le mutazioni biologiche. Al contrario, essi sono spesso orientati verso un obiettivo specifico: questa è una grande differenza dall’evoluzione biologica. Un’altra grande differenza è che la trasmissione non è limitata a quella dai genitori ai figli, ma può avere luogo, e avviene molto più spesso, tra persone estranee. Questo rende il cambiamento culturale molto più veloce di quello biologico. Ma vi sono anche tratti culturali che, dal punto di vista evolutivo, sono assai più stabili. Essi sono sovente trasmessi dai genitori ai figli (la trasmissione che chiamiamo “verticale”), e quindi imitano in qualche misura la trasmissione biologica, che è nota per essere molto stabile. I bambini sono, in una certa misura, malleabili, ma attraversano anche periodi critici in cui sono particolarmente sensibili all’apprendimento di cose specifiche, ad esempio la propria lingua si deve imparare nei primi tre o quattro anni di vita. E la maggior parte delle persone hanno difficoltà a imparare lingue straniere dopo l’adolescenza. La maggior parte della trasmissione culturale è però “orizzontale”, cioè non è necessariamente influenzata dal rapporto di parentela o differenza di età fra il trasmettitore e il recettore. Questo fatto rende molto veloce, potenzialmente, l’acquisizione di novità culturali e perciò la rapida evoluzione culturale favorisce l’assimilazione. Ciò che è appreso non è sempre necessariamente favorevole per la sopravvivenza o la riproduzione. Tuttavia si può considerare la cultura come un meccanismo di adattamento che si è sviluppato dall’uso congiunto di comunicazione, osser-

vazione degli altri e capacità di apprendimento. E, ovviamente, si basa sulla presenza di strutture neurali che lo consentono. Il cambiamento culturale non è necessariamente buono o cattivo, ma contribuisce in modo importante a determinare il nostro comportamento e, pertanto, è soggetto alla selezione naturale. Si può prevedere che questo non mancherà di mantenere mediamente adattativo il cambiamento culturale, anche se aberrazioni culturali maladattative, come la criminalità, la droga ecc., sono in una certa misura inevitabili.

Vi è stata la tendenza, in alcuni ambienti della sociobiologia e dei suoi continuatori, a prendere in considerazione i tratti culturali come dominati dalla biologia, ma l'opposto sta diventando la regola. Vi è senza dubbio una serie di nuovi caratteri genetici che sono stati introdotti in risposta a cambiamenti culturali. La maggior parte di essi hanno a che fare con l'acquisizione di tratti culturali dati da nuove diete o abitudini, come il vestirsi. L'espansione verso l'Asia settentrionale sarebbe stata impossibile senza indumenti. Se il vestirsi sia stato determinato da una precedente perdita di villosità, o abbia esso contribuito alla perdita dei peli è difficile dire, ma è probabile che la perdita del pelo si sia verificata prima, e abbia reso necessari gli indumenti. Si può anche pensare che i peli si sono ridotti perché il fuoco era diventato un importante compagno della vita umana, e la villosità è pericolosa in prossimità del fuoco. Un altro cambiamento genetico che ha particolari conseguenze razzistiche è il colore bianco della pelle. Sbiancare la pelle è stato in gran parte una conseguenza della dieta a base di cereali, che, con una pelle scura, causa rachitismo in latitudini settentrionali. Il grano non contiene vitamina D, ma una sostanza chimica che ne è un precursore, che può essere trasformato in vitamina D solo da un enzima presente negli strati inferiori della pelle. Ma l'enzima deve essere attivato da raggi ultravioletti, che in Europa sono troppo scarsi a causa della elevata latitudine. La melanina responsabile del colore scuro della pelle arresta i raggi ultravioletti, ma la pelle bianca permette invece la formazione di vitamina D in una dieta a base di grano ed evita le conseguenze altamente dannose del rachitismo.

Un altro esempio di conseguenze biologiche dell'evoluzione culturale è l'intolleranza al latte (e la tolleranza). Praticamente tutti i mammiferi perdono la capacità di utilizzare lo zucchero del latte, il lattosio, dopo lo svezzamento, ma tra molti popoli pastori si è diffuso il costume degli adulti di bere latte, anche se può dare fenomeni di intolleranza al lattosio anche gravi. Una mutazione insorta tra pastori dei monti Urali intorno a 6000 anni fa ha abolito la scomparsa dopo lo svezzamento dell'enzima che permette l'utilizzazione del lattosio, e i portatori di questa mutazione sono perfettamente tolleranti al lattosio. Oggi la mutazione si

trova nel 90-95% degli scandinavi, è molto frequente in Europa settentrionale, un po' meno in quella centrale e presente nel 20-40% nel sud Italia.

L'ereditarietà dei caratteri comportamentali acquisiti grazie all'evoluzione culturale è una realtà che consente ai caratteri trasmessi per via culturale di evitare la grande lentezza con cui i caratteri biologici favorevoli normalmente si diffondono nelle popolazioni: con la sola eredità biologica. L'esempio della diffusione della tolleranza al lattosio è una delle evoluzioni biologiche più rapide nell'uomo, ma è senza dubbio stata enormemente aiutata dalla diffusione del consumo del latte, specie tra gli adulti, che è avvenuta per un'eredità di tipo lamarckiano (dei caratteri acquisiti durante la vita). Ora, lo studio genetico dell'evoluzione umana ha mostrato con estrema chiarezza che il successo genetico di una popolazione, dimostrato dall'espansione del numero di abitanti e della vastità del territorio occupato, è stato largamente il risultato di grandi innovazioni tecnologiche in tempi relativamente recenti: la produzione di alimenti (come l'agricoltura e l'allevamento di animali e i loro diversi sviluppi), o il trasporto (bestiame, cavalli, cammelli, lama, barche, navigazione oceanica), o la potenza militare (bronzo, ferro, bestiame e cavalli, cammelli) e, in tempi più recenti, la comunicazione (strade, ancora una volta il cavallo, telefono, radio, televisione e così via), la matematica (agronomia, geografia, astronomia, computer), il metodo sperimentale (ingegneria, chimica, fisica moderna).

Con il trionfo della comunicazione l'evoluzione culturale è sempre di più la forza motrice dell'evoluzione umana, e l'evoluzione genetica dell'uomo, alla fine, può finire a essere completamente sotto il suo controllo. Anche quella di animali e piante sta subendo una forte accelerazione per effetto dell'evoluzione culturale dell'uomo. All'origine remota del suo successo stanno due innovazioni, in parte biologiche, ma forse anche in parte culturali. La prima è il linguaggio, che ha certamente richiesto un forte sviluppo di parti essenziali del nostro cervello, e quindi è stata largamente un'evoluzione biologica, ma una volta che è stato possibile usarlo ha avuto un'enorme forza traente. L'altra è l'ingegnosità umana che ha consentito la genesi di molte innovazioni culturali di cui si è dimostrata l'utilità, se non addirittura la necessità. A differenza delle innovazioni genetiche dovute alla mutazione, che sono casuali, le innovazioni culturali sono risposte a una necessità. Ma non sono sempre completamente opportune e, come tutte le innovazioni, possono anche avere costi più gravi dei benefici.

Razzismo

Non mi piace la parola “razza” in quanto corrisponde a vecchie suddivisioni che non c’entrano con la realtà genetica e sono insostenibili da parte di una classificazione razionale. Inoltre, non vi è alcun giustificato utilizzo di tali classificazioni e, quel che è peggio, vi è sempre associato un sapore razzista. Darwin aveva già riconosciuto la difficoltà di una razionale classificazione delle razze in quello che è un continuum quasi perfetto, e aveva notato l’enorme varietà di numero e definizioni delle razze, da due a quasi cento, proposte dagli antropologi. L’attuale tendenza a un maggiore mescolamento può solo rendere il concetto di razza ancora meno chiaro.

È importante, tuttavia, notare che le attuali classificazioni dipendono dall’aspetto esteriore, che è dovuto a pochissimi geni (fattori ereditari) che incidono sulla pelle, sui capelli e sul colore degli occhi. Dimensioni e forma del corpo e del viso possono coinvolgere qualche gene in più ma, come il precedente, sono il risultato di un adattamento al clima (compresi la dieta e gli indumenti i quali, ovviamente, dipendono in larga misura dal clima, e anche dalla cultura). La comune convinzione dell’“esistenza” di razze locali deve dipendere dall’uniformità di colore della pelle in diversi ambienti: decisamente scuro nel clima tropicale; bruno a una certa distanza dall’equatore, bruno chiaro nel sud Europa, raggiungendo la più alta gradazione di bianco nella parte meridionale del Baltico. A un esame superficiale le razze esistono, nel senso che alcuni gruppi di individui sono distinguibili e relativamente uniformi per alcuni tratti superficiali. Ma che esistano razze “pure” è un puro mito, generato dal fatto che la maggior parte degli europei sono bianchi, gli africani subsahariani neri, molti asiatici bruni, e alcuni altri tratti possono aiutare a distinguere più finemente l’origine geografica degli individui. Non vi è pari uniformità al di sotto della pelle: le differenze genetiche tra le popolazioni o razze, comunque definite, sono piccole o banali rispetto a quelle dei pochi caratteri perspicui che inevitabilmente ci colpiscono. Sotto una patina superficiale uniforme creata soprattutto dal colore della pelle non ci sono “razze pure”. Inoltre, le differenze culturali tra i gruppi etnici sono state spesso credute di origine genetica, ma la realtà è che la maggior parte di esse scompaiono dopo due o tre generazioni con l’assimilazione in un’altra cultura, e se alcune durano più a lungo è perché certi tratti culturali sono più fortemente conservati rispetto ad altri. Distinguere la natura dalla cultura è estremamente difficile per la maggior parte dei tratti comportamentali, ma

le differenze culturali sono spesso forti, in apparenza, ma labili alla prova del tempo. Alcuni studiosi dei gemelli sono stati traditi, credo, dal loro entusiasmo per la genetica, iniziando con il classico esempio di Sir Cyril Burt, le cui aberrazioni sono state poi svelate. Io non sto condannando indiscriminatamente tutti coloro che studiano i gemelli, ma la meraviglia che alcuni di essi hanno manifestato per il fatto che alcuni gemelli identici, cresciuti separatamente, preferiscono la stessa marca di sigarette non dovrebbe essere presa molto sul serio – e comunque, anche se vi è qualche cosa di genetico, vi sono tante differenze culturali che non vediamo in gemelli cresciuti insieme (e i gemelli separati alla nascita sono molto pochi). Un altro mito che ha dominato l'Europa nel XIX secolo, e continua a farlo in questo, è che gli ibridi interrazziali sono inferiori e che il mescolamento delle razze deve essere evitato a tutti i costi. Il grado di differenziazione genetica nella specie umana è così piccolo che è impossibile che la mescolanza razziale sia geneticamente pericolosa. Al contrario, ci si potrebbe attendere che sia probabile l'esatto opposto: il vigore degli ibridi. Vi sono, infatti, alcuni esempi recenti di ibridi interrazziali di grande successo. Essi non possono essere troppi, perché vi è ancora un vero e proprio handicap sociale degli ibridi interrazziali, che limita il loro numero e il successo nella maggior parte delle società. Rivedendo la traduzione italiana di questo testo a distanza di dieci anni, nel 2009, non riesco a trattenermi dal fare un'aggiunta: per notare la grande soddisfazione che ha dato la recente elezione di un presidente nordamericano ibrido fra le due razze più diverse, e quanto importante essa possa essere per il futuro dell'umanità.

Ritengo che il razzismo sia uno dei flagelli dell'umanità. Ci sono pochissimi ambienti sociali in cui esso è assente, e il razzismo non è certamente solo una malattia sociale europea o dei bianchi. I miei amati Pigmei africani sono considerati animali dalla maggior parte dei loro vicini Bantu, che si ritengono migliori a motivo della superiorità economica della loro economia agricola, ancorché primitiva, su quella dei cacciatori-raccoglitori. Il Saami non vuole essere chiamato Lappone, come si fa di solito, perché "lapponi" significa "non buoni" ed essi sono così chiamati dai loro vicini perché non praticano l'agricoltura. Trovo che sia più utile la cultura, non la genetica, a distinguere le persone. E ogni cultura ha i suoi meriti, ma questi danno possibilità molto diverse di successo economico ed educativo. Il razzismo è innato nella nostra specie? Non lo so, ma credo che un forte sforzo educativo per sradicare il razzismo sia una delle necessità sociali più urgenti. Può essere impossibile eliminarlo totalmente, ma dovrebbe essere possibile ridurre la criminalità alla quale esso è costantemente associato.

Difficoltà politiche incontrate dalla genetica

C'è oggi grande disaccordo sulle applicazioni pratiche della genetica molecolare nelle piante e negli animali. È bene che se ne discuta. Ogni innovazione è associata con potenziali benefici e costi; questi ultimi sono più difficili da valutare in anticipo, dando spazio alle paure dei pessimisti, e alla noncuranza degli ottimisti. È bene che i vari paesi adottino strategie differenti, in modo che quelli eccessivamente cauti possano aspettare quanto vogliono, e quelli troppo fiduciosi (se ve ne sono) possano andare incontro a difficoltà, e insegnare qualcosa agli altri.

Lo studio dell'evoluzione umana ha avuto la sua parte di difficoltà politiche. Ciò è derivato da atteggiamenti religiosi di culture primitive e da determinate arene politiche. All'inizio il Progetto Genoma Umano di Washington evitava lo studio della variazione principalmente, credo, perché si è ritenuto che avere a che fare con un unico genoma era già abbastanza ambizioso. Il ramo internazionale del Progetto Genoma Umano (Human Genome Organization, HUGO) mi ha aiutato a studiare la variazione genetica umana. Il Progetto Diversità Genetica Umana (HGDP) da me promosso – non collegato al progetto del genoma umano – è stato il risultato di questo studio. Il suo obiettivo è quello di accumulare campioni di DNA della popolazione mondiale, renderli disponibili ai ricercatori di genetica delle popolazioni umane, e di mettere i loro risultati in una banca dati a disposizione della comunità dei ricercatori. (Scrivendo dieci anni dopo, nel 2009, posso dire che il coordinamento degli sforzi ha portato a notevoli risultati). È un dato di fatto che i nuovi sviluppi della genetica medica rendono questo tipo di ricerca molto utile. Aziende farmaceutiche e biotecnologiche hanno rapidamente capito quale sia il loro interesse per la variazione genetica e hanno iniziato a lavorare agli isolati genetici e alla brevettazione di polimorfismi. Il nostro lavoro è stato reso particolarmente difficile da attacchi totalmente ingiustificati, pieni di menzogne, da parte di uno speciale gruppo di interesse, una Ong canadese, che ha stabilito una rete tra alcune popolazioni indigene d'America e Oceania. Il Progetto Diversità Genetica Umana è stato accusato di nascondere tentativi, totalmente estranei, di brevettazione di linee cellulari condotte dagli US National Institutes of Health, di essere interessato a profitti e complicità con le industrie farmaceutiche, e varie altre menzogne. La verità è che l'HGDP è un ente senza scopo di lucro, ed è sempre stato contro la brevettazione del DNA.

Fortunatamente diversi paesi e regioni, incluse l'Unione Europea, la Cina, alcuni Paesi musulmani e Israele, hanno contribuito ad avviare iniziative di studio si-

stematico della variazione umana. Il Progetto Genoma Umano ha iniziato a ri-considerare la sua politica di evitare lo studio della variazione umana. Uno dei problemi irrisolti è che poche popolazioni indigene, politicamente organizzate, chiedono di avere una quota di eventuali utili provenienti dalla ricerca sulla variazione etnica. Questa potrebbe essere una richiesta ragionevole, in particolare se si considera la soglia di povertà delle popolazioni indigene, ma questa ricerca non ha utili facilmente prevedibili e verificabili: tutt'al più essi possono manifestarsi e avvenire solo in una prospettiva di ricerca medica a lungo termine, che è molto costosa. Alcuni giornali hanno diffuso la voce che la conoscenza della variazione etnica potrebbe essere utilizzata per nuove forme di guerra biologica contro specifici gruppi etnici. Si tratta di un'ipotetica forma di guerra che è molto improbabile possa mai esistere o essere efficace, data l'estrema complessità e mescolanza della struttura delle popolazioni umane. Abbiamo testimonianza quotidiana di odiosi esempi di guerra etnica praticata in modo molto efficace con armi convenzionali tra popoli, tra i quali non esistono differenze genetiche, ma solo politiche o religiose. Purtroppo esiste già un arsenale biologico molto pericoloso di sostanze tossiche e virus sviluppati a uso bellico potenziale, ma le armi sviluppate finora non hanno, fortunatamente, alcun collegamento di sorta con differenze etniche.

Il futuro della genetica umana

Ci sono alcuni segnali della direzione che può prendere l'evoluzione umana. Vi è stata, soprattutto negli ultimi cinquecento anni, una crescente migrazione fra i vari paesi e continenti, che ha già avuto alcuni effetti sull'aumento della mescolanza globale. Il conte di Gobineau, che temeva che tale mescolanza rovinasse la qualità delle razze umane (in particolare di quella bianca, ovviamente) oggi potrebbe essere rassicurato. Non c'è assolutamente alcun pericolo, anzi, qualche vantaggio, da un aumento della mescolanza. La variazione individuale umana è la migliore assicurazione per le sfide del futuro contro parassiti o altri rischi ambientali, e la struttura genetica delle popolazioni garantisce che ciò non cambierà. La variazione globale non cambierà, ma la distribuzione di variazione tra i vari continenti o "razze" può cambiare, con una diminuzione della variazione tra le popolazioni, e un aumento all'interno di esse. Tuttavia oggi vi è una grande differenza tra il tasso netto di riproduzione dei diversi paesi e continenti. Gli europei sono cresciuti di numero nel millennio scorso, ma sono passati attraverso una transizione demografica, negli ultimi due secoli, ormai quasi completata, e

non sono praticamente più aumentati di numero, se non a causa di immigrazione. Il resto del mondo, con l'eccezione del Nord America e dell'Oceania, sta crescendo a un tasso elevatissimo. Questo è il risultato dell'arrivo nel terzo mondo dell'igiene e della medicina occidentale, anche se in modo ancora molto limitato. Non associato a una limitazione delle nascite, ciò sta provocando una preoccupante esplosione della popolazione in termini numerici. Essendo i bianchi di origine europea demograficamente stazionari e il resto del mondo, di pelle prevalentemente scura, in fase attiva di moltiplicazione, la conseguenza sarà, in media, uno scurimento della pelle a livello mondiale. Questo cambiamento può mortificare il bianco razzista, ma non preoccupa per nulla da un punto di vista genetico.

Ciò che preoccupa di più è che la medicina ha un effetto disgenico, perché ha avuto successo nella cura delle malattie che hanno una componente genetica, e quindi in futuro tali malattie aumenteranno di frequenza. In verità, vi sono stati progressi molto scarsi nella cura del nocciolo duro delle malattie ereditarie. La principale speranza sembra essere rappresentata piuttosto dalla terapia genica, che non verrà necessariamente a maturazione in un prossimo futuro. I progressi della medicina sono stati più concreti nel trattamento chirurgico e in quello delle malattie infettive, in cui la componente genetica è meno determinante, ancorché non assente. Mentre le malattie che aumenteranno in frequenza sono quelle curabili, non ci sarà un peggioramento delle condizioni generali di salute, ma ci sarà, per contro, un aumento del costo globale delle cure mediche, per effetto dei maggiori costi dei moderni trattamenti medici, indipendentemente dalla aumentata frequenza delle malattie. Questo aumento dei costi sta già compromettendo i sistemi sociali della sanità. Un'altra causa dell'aumento è l'estensione progressiva delle cure mediche ai paesi in via di sviluppo, che però è molto lenta e comunque augurabile.

Nel secolo scorso e nella prima parte di quello attuale vi è stata grande fiducia nell'eugenetica, un movimento che raccomandava il miglioramento della specie umana, incoraggiando la riproduzione di persone con caratteri di successo (eugenetica positiva), e scoraggiando invece quella di individui antisociali e medicalmente inadatti (eugenetica negativa). Essa ha tratto ispirazione fondamentalmente dalla pratica degli allevatori di animali e di piante, che cercano di migliorare le specie con la selezione artificiale dei riproduttori. Ma ci sono trappole pericolose nelle politiche eugenetiche: è molto difficile distinguere i "geni buoni" dai "geni cattivi", così come le persone buone dalle persone cattive – an-

che se, naturalmente, alcuni casi sono chiari. Tentativi di eliminare forme gravi di malattie psichiatriche come la schizofrenia e la psicosi maniaco-depressiva potrebbero distruggere importanti fonti di piacere estetico e intrattenimento, come il teatro, la letteratura e le arti, dato che vi è una significativa associazione tra questi disturbi e la creatività artistica e anche scientifica. Un ottimo genetista, H.J. Muller, ne ha dato involontariamente un altro famoso esempio. Egli era a favore della conservazione dello sperma di persone illustri per l'inseminazione di volontari di sesso femminile, e ha dato un elenco di esempi di uomini il cui sperma doveva essere conservato per la propagazione dei loro geni. Era comunista e se ne andò in URSS prima della seconda guerra mondiale nella speranza di convincere le autorità sovietiche a provare il suo programma. Ma non ha avuto successo e, al suo ritorno nel mondo libero, ha deciso di togliere Lenin e Stalin dal suo elenco di grandi uomini che dovevano donare lo sperma per il suo programma di eugenetica.

Noi oggi possiamo prevedere la nascita di bambini con gravi malattie genetiche, in tempo per una precoce e sicura interruzione di gravidanza. Questa pratica, che permette di evitare grandi dolori e spese alle famiglie e a potenziali pazienti affetti da malattie molto gravi, ha avuto notevole seguito anche in paesi tradizionalmente cattolici, nei quali il punto di vista religioso è ancora contrario. C'è spesso confusione fra questa pratica e l'eugenetica, ma essa non è né eugenica né disgenica. Fa quasi esattamente ciò che fa la selezione naturale, allontanando dalla riproduzione individui che normalmente non si riproducono. Con pochissime eccezioni, è semplicemente una rimozione prima che i malati siano nati, ed evita immensi dolori a essi e ai loro parenti. In pratica, dunque, non modifica l'incidenza genetica della malattia, ma la elimina prima che appaia, nell'individuo non ancora nato.

Multidisciplinarietà e studi storici

La ricerca delle origini dell'uomo è stata utile o necessaria per lo studio parallelo di eventi e fenomeni in un certo numero di discipline correlate, che vanno dalla genetica alla paleoantropologia, all'archeologia, all'ecologia, alla storia, alla demografia, alla sociologia, all'antropologia fisica e culturale, alla linguistica, alla toponomastica e all'antroponimia, e questo elenco probabilmente aumenterà in futuro. Ciò è stato reso possibile dall'apporto di molti collaboratori che ho nominato nel mio discorso di ringraziamento. Ci sono vantaggi precisi nella multidisciplinarietà. Uno dei più grandi è il piacere intellettuale di trovare tante ana-

logie tra diversi ambiti di studio, alcuni dei quali appartengono tradizionalmente ai due lati opposti della cultura: la scienza e le discipline umanistiche. L'unità del metodo scientifico emerge molto chiaramente da un esercizio siffatto. È anche chiaro che molti paradigmi di base, in particolare quelli matematici, sono estremamente utili in molte discipline differenti, sia scientifiche che umanistiche, e sono abbastanza pochi e semplici da poter essere facilmente esportati da un campo all'altro. Il libro *The Two Cultures* di C.P. Snow ha già fornito le ragioni per non mantenere lo iato esistente tra le due culture, ma poco è stato fatto da quando è stato pubblicato.

Vi è anche un vantaggio della multidisciplinarietà specifico nello studio dell'evoluzione; l'evoluzionismo, come la storia tutta, ha un grave handicap: non può usare il metodo sperimentale, perché nessuno può sperare di replicare la storia allo scopo di verificarne le cause. Per questo motivo alcuni filosofi della scienza hanno negato che lo studio dell'evoluzione sia una scienza. Ma gli eventi storici, raramente, hanno un significato o un'influenza circoscritta. Si possono trovare e ritrovare le stesse conseguenze degli stessi eventi in fenomeni profondamente diversi. Per fare un esempio, la storia dell'insediamento nelle aree geografiche da parte di popolazioni in espansione demografica ha spesso conseguenze simili in genetica e in linguistica, tanto che gli alberi evolutivi genetici e linguistici hanno somiglianze importanti nonostante la profonda differenza del substrato fisico che evolve nella biologia e nella lingua. Alcuni scienziati temono molto la superficialità di possibili conclusioni tratte sulla base di analogie tra scienze diverse. Ma uno dei grandi scienziati, Darwin, ha rilevato, nel capitolo 14 dell'*Origine delle specie* (seconda edizione), che se conoscessimo l'albero genealogico dell'umanità potremmo prevedere quello delle lingue. In realtà abbiamo visto che aveva ragione, anche se forse ha espresso fiducia fin eccessiva nell'idea. Molti ricercatori, indipendentemente l'uno dall'altro, hanno osservato le somiglianze tra l'evoluzione dei geni, delle lingue e, più in generale, della cultura. Senza lo studio della demografia, quello dell'evoluzione dei fattori genetici, in particolare della specie umana, sarebbe enormemente impoverito. Si potrebbe continuare con altri parallelismi, interazioni, fecondazioni reciproche di discipline diverse, ma, naturalmente, non vi sono mai due casi in cui lo stesso modello può essere applicato in modo veramente identico. Analogie, metafore e modelli sono strumenti potenti per le nuove idee, ma il pensiero critico resta la migliore difesa possibile contro la superficialità di conclusioni che si possono trarre da essi.

L'aumento delle conoscenze richiede, oggi, estrema specializzazione ma, nella mia esperienza, la collaborazione di scienziati di diverse discipline può dare quel

grado di visione generale senza la quale la ricerca sarebbe penalizzata. La multidisciplinarietà è un importante arricchimento soprattutto nelle scienze nelle quali la ripetizione di un esperimento è impossibile, come nella storia, e si può sperare di ottenerne un aiuto inatteso.

Gli sviluppi della mia attività dopo il Premio Balzan (1999-2009)

di Luigi Luca Cavalli-Sforza

La Fondazione Balzan ha preso la gentile iniziativa di ripubblicare sia in inglese che in italiano miei scritti, preparati per la Fondazione al tempo in cui mi concesse il Premio Balzan (1999). Poiché la mia attività scientifica ha continuato da allora, mi è sembrato utile prepararne un breve aggiornamento.

Nel 1999 – e sin dal 1992 – ero professore emerito (per ragioni di età) del Dipartimento di Genetica della Facoltà di Medicina dell'Università di Stanford, ma con l'aggiunta ufficiale della qualifica di “attivo”, cioè col diritto di mantenere il mio laboratorio fintanto che avessi avuto i fondi necessari per continuare la mia attività scientifica. In USA le università più note si attendono che i loro professori finanzino le loro ricerche con fondi ottenuti da enti esterni, che in USA sono molto più numerosi e attivi che in Italia.

Nel 1992 cominciai a passare metà del mio tempo in Italia per continuarvi ricerche che non avevo mai comunque abbandonato, e vi ho sviluppato diversi progetti nuovi. Nel primo di questi ho collaborato con mio figlio Francesco alla scrittura di libri di scienze per scuole secondarie per la casa editrice Einaudi Scuola - Edumond, progetto che tuttora continua. Tre progetti scientifici sono stati effettivamente cominciati dopo l'anno 2000, anche se erano in progetto da tempo e in parte iniziati. Uno di questi, detto Human Genome Diversity Panel (HGDP) consiste in una collezione di linee cellulari di linfociti ottenuti da un totale di più di mille individui di 52 popolazioni indigene dei cinque continenti, allo scopo di ottenerne i DNA da distribuire a laboratori di ricerca non commerciale, per evitare brevetti sul DNA che avrebbero compromesso la nostra ricerca. Questi prendevano l'impegno di rendere pubblici in dettaglio i dati ottenuti prima della pubblicazione delle ricerche relative, allo scopo di favorirne l'analisi da parte dei laboratori di genetica di popolazioni umane, oggi molto numerosi, di tutto il mondo. Questa ricerca ha bisogno di molti dati. La collezione è stata raccolta col contributo di molti ricercatori, in larga parte miei amici personali, e depositata nel laboratorio CEPH (Centre d'Etude des Polymorphismes Humains) di Parigi, fondato dal prof. Jean Dausset, sotto la direzione del prof. Howard Cann. La distribuzione dei DNA a laboratori interessati ad analizzarli

è cominciata nel 2002. Oggi oltre 130 laboratori hanno ricevuto la collezione dei DNA. La serie di risultati più ricca è stata prodotta, su mia proposta, da un gruppo di collaboratori, per la maggior parte del Dipartimento di Genetica di Stanford, e immediatamente resa disponibile su internet nell'estate 2007. I risultati dell'analisi sono stati pubblicati nel febbraio 2008 (J.Li et al., Science). I 948 individui non imparentati della collezione sono stati analizzati per 650.000 nucleotidi polimorfici (cioè che si sono finora dimostrati variabili nella nostra specie) con Microarray Illumina, e sono la più grande analisi di variazione genetica di una specie tuttora disponibile. L'analisi statistica di un materiale così vasto impegnerà vari laboratori per parecchi anni. Oltre a questa attività mantengo collaborazioni strette con il prof. Marcus Feldman del Dipartimento di Biologia di Stanford, largamente centrate sugli argomenti su cui (nel 1981) abbiamo scritto insieme un libro, *Cultural Transmission and Evolution*.

L'attività iniziata in Italia include due altri progetti di largo respiro, uno dei quali è vicino a maturare i primi risultati: il Progetto Genoma Italia (PGI), che segue da vicino il modello dell'HGDP. Sono già disponibili i campioni di linfociti di oltre un migliaio di persone, provenienti più o meno da una provincia per regione italiana, e scelti come rappresentanti della provincia con metodi antroponimici, così da fornire una prima analisi del genoma della popolazione italiana. La collezione PGI è costituita da donatori volontari di sangue AVIS (Associazione Volontari Italiani del Sangue, che ha più di un milione di membri), tutti informati e consenzienti, e la BGT (Bio-Genomic Technology) ne ha prodotto colture cellulari di linfoblastoidi. L'esame del DNA con oltre un milione di nucleotidi Illumina è appena cominciato. Sarà usato per ricerche sulla costituzione genetica della popolazione italiana, ma avrà grande importanza pratica per la collaborazione che intende offrire ai numerosi genetisti medici italiani che già stanno o intendono cominciare ricerche sul determinismo genetico di malattie di loro particolare interesse. Una volta questa ricerca era compiuta confrontando malati e loro parenti sani, ma oggi è riconosciuto come più efficiente il metodo di confrontare statisticamente il DNA di un gruppo di malati con un gruppo di sani della stessa origine etnica (oggi lo chiamiamo genoma, e ne studiamo ancora solo una parte, ma è quella più probabilmente coinvolta). In Italia, malgrado lo scarsissimo aiuto governativo alla ricerca, vi sono numerosi genetisti medici attivi. Forse è un po' più facile trovare aiuto finanziario per la ricerca medica: una volta quel tipo di investimento andava solo a scopi chiaramente destinati a migliorare le probabilità del donatore di andare in paradiso.

Ma oggi la medicina è indubbiamente efficace e perciò l'investimento a scopo umanitario è diviso tra quello per il paradiso e quello che permette di andarci il più tardi possibile.

Questi progetti sono tutti lenti; il secondo progetto è cominciato prima, intorno al 1995, ed è ora quasi terminato. Riguarda un'enciclopedia che si intitola *La cultura italiana*. Io uso la parola "cultura" nel senso più vasto possibile: tutto quello che impariamo a qualunque età e da chiunque. È, in sostanza, tutto il contributo alla nostra personalità che *non* viene dalla nostra costituzione genetica: il nostro ambiente di sviluppo, di socializzazione. Dall'utero materno a quello che ci insegnano genitori e parenti, maestri, coetanei, colleghi di lavoro, amici e nemici, tutti coloro che abbiamo incontrato e ci hanno insegnato qualcosa della vita reale, scrivendo, con la parola e l'esempio e in altri modi ancora. Oggi sappiamo studiare in profondità la nostra costituzione genetica, anche se le cose sono più difficili di quanto si pensava all'inizio, e il nostro DNA non è certamente tutta la genetica. E forse il contributo di geni e cultura può essere egualmente importante in media, ma variare molto da individuo a individuo.

Ho pensato di cercar di imparare come siamo fatti noi Italiani e perché. Ho dato molta attenzione a quel che ci insegna la storia che è sempre una grande maestra (originariamente si era pensato di chiamare l'opera "Storia della Cultura Italiana"). Forse la mia curiosità è diventata acuta perché ho passato molto tempo immerso in altre culture: americana, inglese, francese, un po' anche tedesca. Una delle motivazioni a creare un'opera del genere è stata la sgradevole sorpresa, motivata da quarant'anni di vita negli Stati Uniti, che gli italo-americani sono gli americani meno interessati alla loro origine, almeno in USA, e direi mostrano il più basso orgoglio nazionale. Si capisce il perché, ricordando che nella maggior parte sono scappati con molto coraggio e incontrando enormi difficoltà da un paese che li aveva condannati a una povertà senza speranza, lasciandoli illetterati (l'80%).

In realtà anche gli Italiani rimasti in Italia fanno poco di sé e sembrano dividersi fra molti che si credono migliori di tutti gli altri, e molti che, egualmente a torto, si credono peggiori di tutti gli altri. L'opera cerca di raccontare obiettivamente chi siamo stati e diventati, con alti e bassi, e risponde a molte domande che può venir desiderio di porsi. È stata possibile perché, dopo molti tentativi insoddisfacenti, ho conosciuto casualmente Vittorio Bo, che allora dirigeva Einaudi e ora la casa editrice Codice, e ha persuaso la casa editrice UTET, una delle poche in Italia che ha pubblicato grandi opere molto impegnative, ad accet-

tare il progetto. Insieme abbiamo cercato di trovare specialisti di ogni materia che unissero due qualità importanti e difficili da trovare nella stessa persona: l'assoluto rigore scientifico e il saper scrivere per una larga cerchia di persone. Quando l'opera sarà terminata saranno stampati dodici volumi, di cui due di indici, e almeno i primi dieci potrebbero essere pubblicati entro il 2010. Gli argomenti dei primi dieci volumi sono: 1. Terra e popoli, 2. Lingue e linguaggi, 3. Città, casa e paesaggio, 4. Economia e comunicazione, 5. Struttura della società, 6. Cibo, gioco, festa, moda, 7. La cultura umanistica, 8. Scienze e tecnologia, 9. Musica, spettacolo, fotografia, design, 10. L'arte e il visuale. Sono già usciti cinque volumi, grossi praticamente quanto quelli della Treccani, ma prodotti con carta più bella e illustrazioni a colori come sanno produrre solo alcuni editori italiani. Come direttore scientifico io sono già abbastanza al corrente del contenuto, ma devo dire che quest'ultima lettura nella forma definitiva mi genera grande piacere, e quasi mi preoccupa perché tende a distogliermi da molto lavoro urgente in cui sono impegnato.

Ci sono limiti alla conoscenza?

di Luigi Luca Cavalli-Sforza
ForMem RS, genetista, Stanford University

Balzan Symposium 2002
MEETING THE CHALLENGES OF THE FUTURE
A Discussion between "The Two Cultures"
Royal Society, Londra - 13 maggio 2002

Per un certo verso questa domanda mi fa specie, persino quando viene posta. Mi sembra un tentativo di limitare la mia libertà d'indagine. Mi ricorda la Grande Inquisizione e la condanna di Galileo. Qualcuno forse sta decidendo cosa è permesso apprendere e cosa non si può nemmeno tentare? In una prospettiva del tutto diversa, mi ricorda l'insopprimibile impressione di ignoranza che ogni scienziato onesto sente quando confronta la misura di ciò che si sa con ciò che non si conosce, all'interno della nostra sfera di sapere. Su un piano meno emotivo vi è, ovviamente, il principio di indeterminazione di Heisenberg. Ma tutti gli innumerevoli tentativi di applicarlo fuori contesto sono, probabilmente, inaccettabili. Nondimeno, ci si potrebbe chiedere quanti altri principi del genere esistono in altri campi, che noi abbiamo violato senza accorgerci. Trovo più interessante, tuttavia, adottare un approccio del tutto pragmatico e chiedere: quali sono i limiti pratici alla conoscenza? Qui trovo molte limitazioni fattuali. Io vedo almeno tre importanti limiti alla conoscenza. Il primo e più serio è l'ambiguità del linguaggio. Quasi ogni parola ha, nella maggior parte delle lingue, un'enorme varietà di significati. L'inglese è probabilmente la lingua che possiede il maggior numero di parole. Questo sembrerebbe garantirle quasi una posizione ideale, di avere un solo significato per ogni parola, ma è vero il contrario. Non conosco le statistiche, ma ho il sospetto che l'inglese abbia anche il maggior numero di significati per ogni parola. Riteniamo di essere chiari quando spieghiamo le cose e di aver capito quanto ci dicono le altre persone. L'aspettativa è di solito corretta, nella maggior parte dei casi, ma ho il sospetto che perda significato quando ci avviciniamo alla filosofia, dove è comune, e probabilmente in aumento, l'uso di parole con un alto grado di astrazione. Esempi sono i verbi "essere", "esistere", "causare", e i sostantivi da essi derivati. Ciò può essere do-

vuto a miei limiti personali giacché ho spesso l'impressione di non riuscire a comprendere ciò che dicono i filosofi, ma può anche essere che essi usino spesso parole che non definiscono, o sono indefinibili in modo esatto, e potrebbero sempre essere intese in un gran numero di modi diversi. Il lettore o ascoltatore ammirato è pronto a capire, o pensa di capire. All'opposto, lo scettico può avere un blocco mentale. Probabilmente entrambi sono in errore, e tutti noi siamo vittime dell'ambiguità, cosa molto difficile da evitare.

Le carenze della maggior parte dei sistemi di traduzione automatica sono, notoriamente, conseguenze delle ambiguità, che possono essere risolte (quando è possibile) solo con un'adeguata considerazione del contesto. Ci sono molti esempi divertenti. Una è la famosa frase "Lontano dagli occhi, lontano dal cuore" che, quando tradotta dall'inglese ("out of sight, out of mind") al cinese e ancora dal cinese in inglese diventa "invisibile idiota". Un probabile rimedio per il frequente fallimento della traduzione automatica sarà l'utilizzo di un linguaggio intermedio completamente privo di ambiguità. Ciò può ridurre gli errori, in particolare per la traduzione da questa lingua artificiale a una naturale, ma la traduzione da una lingua naturale a quella artificiale può sempre essere molto difficile. Un catalogo completo di espressioni idiomatiche nella lingua di origine, probabilmente, potrebbe contribuire a evitare la maggior parte degli errori, ma resta molto verosimile che una traduzione libera da ambiguità sarà sempre orribile. Si dice che le traduzioni sono come le donne: se sono fedeli non possono essere belle, e se sono belle non possono essere fedeli (mi scuso per l'imperdonabile battuta "machista": la sua debolezza principale è che probabilmente non è vera).

Non avrei sollevato il problema della traduzione automatica, se non avessi pensato che la mancanza di comprensione, o la frequenza di equivoci, sono tra le principali cause di scontento tra la gente e persino tra le nazioni. La comunicazione è la risorsa più grande degli esseri umani rispetto a altre specie, ma anche nella nostra specie è ben lungi dall'essere completa. A causa della grande molteplicità di lingue, la probabilità che due individui presi a caso siano in grado di capirsi è bassissima. E la possibilità di una vera comprensione, che implica una buona conoscenza di una lingua comune a entrambe le persone, è anch'essa molto bassa. Tuttavia, la comprensione reciproca, da un lato, è in aumento e, dall'altro, la traduzione automatica di frasi semplici è sempre più in grado di essere prodotta. L'incomprensione dei più alti livelli di discussione filosofica è meno probabile che cessi, ma è anche meno necessaria. Ora è ai filosofi che devo chiedere di perdonarmi.

Un secondo limite, più doloroso, alla nostra conoscenza, soprattutto per il mio lavoro, è l'impossibilità di ripetere la storia. Ho iniziato le mie ricerche come sperimentatore, ed ero convinto che la scienza può portare alla verità, perché è sempre possibile ripetere un esperimento e convincere se stesso, e altri, della sua correttezza. Ma quando mi sono diretto verso lo studio dell'evoluzione umana, era chiaro che stavo cercando di ricostruire la storia passata e non vi è alcuna possibilità di ripeterla, mentre invece vorremmo farlo, così da risolvere problemi che sembrano insolubili. Ci sono, tuttavia, come ha detto Vico, corsi e ricorsi della storia, cosicché c'è spazio per ricorrere all'analogia, ma essa richiede grande cautela. Un'altra risorsa è più utile: la ricerca interdisciplinare. In generale, per i principali fatti storici la storia deve essere solo un approccio, e gli stessi eventi portano a percorsi diversi da diverse discipline, ma vi è sempre una parte comune, ed è la loro sintesi che è più convincente di ogni storia singola. Così è stato molto produttivo, per la storia dell'espansione umana degli ultimi 100.000 anni, mettere insieme informazioni provenienti da diverse discipline: la genetica delle popolazioni umane viventi, l'archeologia e un loro ibrido, l'archeogenetica – una parte importante della quale è lo studio del DNA fossile – nonché la linguistica. È stato molto gratificante vedere come pezzi di varie discipline appaiano incastrati insieme in un unico mosaico. Vi è una reciproca complementarità, che rende particolarmente utile la ricerca interdisciplinare. Lo stesso quadro generale dell'evoluzione si ottiene, per gli ultimi 100.000 anni, da diverse fonti di informazione. Negli ultimi anni abbiamo visto alcuni aspetti dell'evoluzione culturale, in particolare i tratti più conservativi, come la struttura familiare e sociale, salire sul carrozzone. Anche l'evoluzione di alcuni batteri e virus comuni oggi fra noi sembra seguire le strade della loro lunga espansione dal luogo di origine in Africa orientale, circa 100.000 anni fa, dapprima attraverso tutta l'Africa poi, tra 40.000 e 60.000 anni fa, verso l'Asia da meridione e da settentrione contemporaneamente e, infine, dall'Asia agli altri tre continenti. Perché c'è questa concordanza? La spiegazione è semplice: molti di questi tratti, siano essi culturali come la lingua, siano essi familiari agli antropologi culturali, oppure malattie dovute a parassiti, sono più probabilmente trasmessi non solo dall'imitazione, come in un percorso culturale consolidato, ma anche, e talvolta prevalentemente, da madre a figlio, o più in generale all'interno della famiglia. Ci si aspetta questo, in particolare, per i tratti acquisiti nei primi anni, un modello notoriamente valido per la lingua madre. Mentre la trasmissione da madre a figlio (chiamata "verticale") è l'unico modo con cui i geni vengono trasmessi, non sorprende affatto che i modelli di evoluzione determinata da espan-

sioni, seguita da divisioni e periodi di evoluzione indipendente in territori diversi, siano simili per quegli elementi che non possono avere interrelazioni causali dirette, come i geni e le lingue o altri tratti culturali, ma semplicemente correlazioni dovute a una storia comune di cambiamenti.

Sia che venga chiamata inter-, multi- o trans-disciplinare, la collaborazione, in particolare tra le due culture, sta contribuendo in modo importante alla nostra attuale comprensione dell'evoluzione dell'uomo moderno. Ogni disciplina è in grado di generare conoscenza sui diversi aspetti di questo processo: l'archeologia è in grado di generare informazioni specialmente sulle date, ma anche sui processi demografici. La genetica ha contribuito anche alla comprensione dei percorsi e dei meccanismi di espansione, comprese le date, anche se finora lo ha fatto con ampi margini di errore. Sarà possibile in futuro diminuire in modo sostanziale l'errore tramite un approccio più organizzato allo studio di gruppi etnici, soprattutto se il numero di individui e di geni studiato è aumentato altrettanto sostanzialmente. Un'analisi più sistematica della diversità culturale e linguistica può aiutarci a comprendere meglio i capricci, talvolta veramente sorprendenti, dell'evoluzione culturale. È solo una questione di investimenti adeguati, che finora sono stati molto modesti. È chiaro che questa analisi promette anche di aiutare a combattere efficacemente il pregiudizio razzista. Il mosaico di informazioni composto da tessere provenienti da scienze diverse, che normalmente si incastrano in modo apprezzabile, si presenta con un accordo multidisciplinare che è forse l'aspetto più piacevole di questa ricerca, e reca anche il sostegno più robusto alle conclusioni. Esso fornisce un'alternativa all'auspicabile, ma impossibile, ripetizione sperimentale della storia.

Vi sono nondimeno esempi di ripetizioni spontanee della storia che contengono informazioni di comune utilità. Sono spesso ripetizioni nello spazio, più che nel tempo. In passato mi sono particolarmente interessato al meccanismo di diffusione dell'agricoltura dal suo luogo di origine. Circa 10.000 anni fa, la vita del paleolitico è giunta a stati di crisi indipendenti ma simili, nelle zone con climi temperati, proprio dove aveva avuto maggior successo, come il Medio Oriente e la Turchia, la Cina e il Messico. La crisi può essere stata accelerata da un cambiamento di clima o dalle difficoltà del foraggiamento della popolazione (caccia, raccolta, pesca) arrivato troppo vicino alla saturazione. In tutti questi luoghi sono stati effettuati con successo, probabilmente in modo indipendente, tentativi di coltivazione di biade autoctone, soprattutto cereali, e di addomesticamento degli animali locali, ove possibile. Queste innovazioni hanno generato una nuova economia di produzione alimentare che ha consentito la crescita della popo-

lazione e favorito l'espansione a partire dal luogo di origine verso territori limitrofi dove questa economia agro-pastorale poteva prosperare. Non si può neanche escludere che vi sia stato un rapporto causale: cioè che l'idea abbia viaggiato da un luogo all'altro con qualche coraggioso viaggiatore. Dopo tutto un uomo capace di affrontare i pericoli del viaggio e dell'incomprensione può fare a piedi in pochi anni il giro del mondo. Una volta che ho perduto la strada, nel 1967, ho incontrato un tenda ove viveva una famiglia iraniana, marito, moglie, due bambini piccoli e due capre, che era partita dall'Iran un anno prima e voleva andare a vedere l'oceano Atlantico. Non ho chiesto perché, ma forse posso capirlo: sono anch'io motivato da curiosità molto forte. Comunque, il passaggio dalla raccolta del cibo alla sua produzione, iniziato in molti luoghi lontani in tempi relativamente simili, intorno a diecimila anni fa, ha fatto partire un aumento quasi esponenziale della popolazione, che ora ha raggiunto mille volte il livello di partenza, e sta quasi per raggiungere il suo limite di saturazione. Siamo pronti per una nuova crisi: l'espansione fuori dalla Terra, l'autodistruzione?

Comunque, la diffusione dell'agricoltura dal luogo di origine è stata molto lenta, se ne abbiamo potuto calcolare, con P. Menozzi e A. Piazza, il tasso medio in Europa abbastanza esattamente. La diffusione è resa possibile dalla combinazione di due fenomeni demografici atti a generare espansione della popolazione dalla zona di origine: crescita ed emigrazione (circa un chilometro all'anno). La crescita demografica è stata provocata dalla maggiore disponibilità di cibo e, non appena raggiunta la saturazione locale, ha generato una nuova espansione geografica tramite l'emigrazione, per la maggior parte fatta da gruppi di famiglie o piccoli nuclei sociali, verso territori limitrofi che, potenzialmente, offrivano suolo fertile. In questo settore di ricerca, in collaborazione con l'archeologo Albert Ammerman, abbiamo studiato questo processo e gli abbiamo dato il nome di diffusione "demica". Ci è voluto un po' di tempo perché questa ipotesi fosse accettata dagli archeologi, soprattutto nel nord Europa e negli Stati Uniti, perché totalmente in contrasto con la tendenza di pensiero che vi si era sviluppata, in opposizione a idee precedenti, che furono rese popolari negli anni Venti dall'archeologo Clarke. Egli, in gran parte responsabile di queste idee, aveva spiegato ogni variazione archeologica con la circolazione delle persone. Quando, dopo la guerra, il pendolo ha oscillato verso il polo opposto, l'ipotesi della migrazione è scomparsa. Solo i mercanti si spostavano, portando in giro i prodotti che sono stati trovati e usati dagli archeologi per descrivere le espansioni: una moda ora chiamata "indigenismo". Ma l'idea che sia stata davvero la crescita e

la migrazione degli agricoltori a portare l'agricoltura intorno ai territori d'origine è stata provata dimostrando che vi sono gradienti di geni di origine medio-orientale in tutta Europa, che seguono in modo abbastanza preciso il percorso archeologico della penetrazione della coltura-allevamento. Date e tassi di espansione sono anche in accordo con i calcoli della genetica e della demografia. Il gradiente genetico osservato potrebbe essersi formato soltanto se, oltre alla diffusione demica degli agricoltori, vi fu anche l'adozione della coltivazione-allevamento da parte dei cacciatori-raccoglitori locali, sia per matrimonio che per acculturazione.

Cosmologi e astronomi sono afflitti dal problema che la storia del mondo non è in grado di essere ripetuta. Un vantaggio che essi hanno è che si possono fare oggi misurazioni molto più precise e previsioni teoriche razionali per testare le loro ipotesi. La biologia sta iniziando a seguire questo esempio. La genetica è una scienza quantitativa, anche se gli errori nelle misurazioni e le previsioni sono di solito più approssimate che in chimica o in fisica. Ma nello studio dell'evoluzione umana stiamo cominciando ad avere misurazioni accettabili, per esempio i tassi di espansione.

[Tra il tempo in cui questo scritto è stato tradotto in italiano e quello in cui è stato letto, dieci anni dopo la sua pubblicazione, l'analisi del genoma ci ha portato al sequenziamento completo del DNA, che crea un livello di precisione, oggi, oltre mille volte più grande, e la precisione è ancora in crescita. - N.d.A.]

Il tasso medio di avanzamento della produzione agricola è stato dell'ordine di un chilometro l'anno in Europa, ma l'espansione nel Mediterraneo dalla sua zona di origine, in Medio Oriente e Turchia, è stata un po' più rapida rispetto a quella verso il nord-ovest, Romania, Grecia, Balcani ed Europa centrale. Abbiamo misurazioni indicative di altri tassi. Quella dei Bantu, iniziata in Camerun circa 3.000 anni fa e conclusa circa 300 anni fa in Sud Africa, dove hanno incontrato gli agricoltori boeri, è stata più rapida del 50% in media (ha potuto far uso del ferro). L'espansione malaio-polinesiana si è originata nel Sud-est asiatico (l'esatta zona di origine è discussa: Taiwan o Filippine?) e ha attraversato l'Oceano Pacifico. L'Isola di Pasqua è stata raggiunta circa 1.500 anni fa, con molti salti da isola a isola. È stata quindi di circa cinque o sei volte più veloce. Si è inoltre estesa anche verso ovest, raggiungendo il Madagascar solo leggermente più tardi. Per espansioni precedenti abbiamo solo stime di minor precisione: durante l'ultima glaciazione, tra 29.000 e 13.000 anni fa, la maggior parte del nord Europa era coperta di ghiaccio e la popolazione si era rifugiata in due territori non comunicanti: il sud-ovest della Francia, e i Balcani-Ucraina. Alla fine

della glaciazione i cacciatori del paleolitico cominciarono a reinsediarsi nel nord, a un tasso di circa 0,7 chilometri all'anno. Questo tasso deve essere stato in qualche misura controllato dalla velocità con la quale si è ritirato il ghiaccio. In generale, i tassi di espansione sono determinati dalla media (geometrica) del tasso di crescita della popolazione e di migrazione dei singoli per colonizzazioni successive. La prima estensione di *Homo sapiens* dall'Africa orientale all'America meridionale ha preso circa 50.000 anni per coprire 25.000 chilometri (0,5 km in media all'anno), ma è possibile che l'insediamento in America dei cacciatori-raccoglitori dall'Alaska al Cile sia stato assai più rapido. Il limite alla qualità di tali stime è costituito dalla quantità e qualità di reperti archeologici.

Pensando alla genetica del futuro, un limite molto potente è fissato da considerazioni etiche e pratiche. Oggi conosciamo circa 10.000 malattie genetiche, tutte mendeliane: cioè seguono le leggi di Mendel per i caratteri determinati da singoli geni e sono molto rare, per fortuna, giacché quasi tutte sono gravi e non facilmente curabili. Le malattie più importanti e comuni, come l'artrite, il diabete, l'ipertensione, molte malattie immunologiche, la schizofrenia, la sindrome maniaco-depressiva, sono ancora poco conosciute. Siamo sicuri che vi è una componente genetica anche in queste, ma vi è una tale moltitudine di geni potenzialmente implicata in ognuna, oltre a fattori esterni, che è difficile da definire. La conoscenza del genoma umano potrà essere di aiuto, ma c'è ancora molto lavoro da fare. Questa eredità "poligenica o multifattoriale" può essere studiata negli animali, nei quali sono possibili incroci controllati e trattamenti sperimentali impensabili per l'uomo, per cui vi è la speranza, e si è già avuto qualche successo, di avere l'aiuto dagli animali per la risoluzione di problemi di genetica umana. Ma ci sono seri limiti etici alla comprensione della fisiologia e patologia umana, provocata dall'inaccettabilità di quasi tutte le sperimentazioni.

E così, quando cerco di immaginare che cosa la scienza e la tecnologia potranno fare in un lontano futuro, trovo molto difficile prevedere limiti seri alla nostra conoscenza. Tutte le fantasie di Jules Verne si sono avverate, e molte di più. Forse, qualunque limite ci immaginiamo oggi farà sorridere i nostri discendenti. Il limite più serio alla crescita della conoscenza è di un altro tipo: il mondo sopravviverà alle macchinazioni di un luddismo altamente tecnologizzato e delirante? Al momento c'è, per fortuna, una probabilità molto bassa che questo possa provocare la fine della sola parte dell'universo in cui, per quanto ne sappiamo, è praticata la scienza.

Dati biografici e bibliografici

LUIGI LUCA CAVALLI-SFORZA, nato a Genova il 25 gennaio 1922, è cittadino italiano e statunitense. Laurea in Medicina e Chirurgia (1944), Università di Pavia, e M.A. (1950), Università di Cambridge, UK; Direttore dei Laboratori di Ricerca di Microbiologia, Istituto Sieroterapico Milanese, Milano (1950-1957); Docente di Genetica e Statistica, Facoltà di Scienze, Università di Parma e Università di Pavia (1957-1960); Professore di Genetica, Università di Parma (1960-1962); Professore di Genetica e Direttore dell'Istituto di Genetica, Università di Pavia (1962-1970); alla Stanford University come Professore di Genetica (1970-1992), Direttore del Dipartimento di Genetica (1986-1990) e attualmente Professore Emerito Attivo alla School of Medicine dal 1992. Si è ristabilito a Milano nel settembre 2008.

Fra i numerosi riconoscimenti citiamo:

- Cavaliere di Gran Croce della Repubblica italiana (2000)
- Royal Anthropological Institute of Great Britain and Ireland, Huxley Lecture in Anthropology, Londra (1972)
- R.A. Fisher Memorial Lecture, Londra (1974)
- Premio Ibico Reggino, Reggio Calabria (1976)
- Weldon Medal in Biometry, Università di Oxford (1978)
- Premio Accademia Nazionale dei Lincei, Roma (1982)
- Quinto Premio Internazionale San Remo per la Genetica Umana, Berlino (1986)
- Allen Award in Human Genetics (American Society of Human Genetics, 1987)
- Medaglia d'oro del Consiglio Nazionale delle Ricerche (1990)
- International Catalonia Award (1992)
- Fyssen International Award (1994)
- Premio Nonino (1996)
- Premio Chiron, Accademia Italiana di Medicina (1998)
- Presidente della Biometric Society (1967-1968)
- Vice Presidente dell'International Congress of Genetics, Tokyo (1968)
- Foreign Honorary Member della American Academy of Arts and Sciences (1973) e della Japanese Society of Human Genetics (1977)

- Foreign Associate della US National Academy of Sciences (1978)
- Honorary Fellow del Gonville and Caius College, Cambridge UK (1982)
- Presidente della American Society of Human Genetics (1989)
- Membre associé du Musée d'Histoire Naturelle de Paris (1990)
- Socio nazionale dell'Accademia Nazionale dei Lincei (1991)
- Foreign Member della Royal Society, Londra (1992)
- Laurea honoris causa dalla Columbia University, dalla Università di Cambridge e dalle università di Calabria, Bologna, Viterbo, Cagliari, Roma, Parma, Torino.

Luigi Luca Cavalli-Sforza è autore e co-autore di molti libri e articoli scientifici nonché di pubblicazioni di divulgazione scientifica.

Libri scientifici:

- La teoria dell'Urto e le Unità Biologiche Elementari (con A. Buzzati-Traverso), 1948, Milano: Longanesi
- Analisi Statistica per Medici e Biologi, 1961, prima edizione; 1993, terza edizione, Torino: Boringhieri
- The Genetics of Human Populations (con W. Bodmer), 1971, San Francisco: Freeman, 1999, Mineola, N.Y., Dover Publications
- Genetics, Evolution, and Man (con W. Bodmer), 1976, San Francisco: Freeman; edizione italiana Mondadori 1977
- Cultural Transmission and Evolution: A Quantitative Approach (con M.W. Feldman), 1981, Princeton, N.J.: Princeton University Press
- The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe (con A. Ammerman), 1984, Princeton, N.J.: Princeton University Press; edizione italiana Bollati Boringhieri
- African Pygmies, 1986, Orlando, Florida: Academic Press
- History and Geography of Human Genes (con P. Menozzi e A. Piazza), 1994, Princeton, N.J.: Princeton University Press; edizione italiana Adelphi 1997, 2000
- L'evoluzione della cultura, 2004, Milano: Codice edizioni
- Consanguinity, Inbreeding, and Genetic Drift in Italy (con Antonio Moroni e Gianna Zei), 2004, Princeton, N.J.: Princeton University Press

Articoli scientifici:

Fra gli oltre 500 articoli scientifici, alcuni tra i più recenti sono:

- Cavalli-Sforza LL et al., 1988, Reconstruction of Human Evolution: Bringing Together Genetic Archeologic and Linguistic Data. PNAS. 85:6002-6006
- Cavalli-Sforza LL et al., 1992, Coevolution of Genes and Languages Revisited. PNAS. 89:5620-4
- Mountain JL et al., 1992, Evolution of Modern Humans: Evidence from Nuclear DNA Polymorphisms. Philos Trans R Soc Lond Biol Sci. 337 (1280):159-65
- Cavalli-Sforza LL et al., 1993, Demic Expansions and Human Evolution. Science. 259:639-46
- Zei G et al., 1993, Barriers to Gene Flow Estimated by Surname Distribution in Italy. Ann Hum Genet. 57:123-40
- Bowcock AM et al., 1994, High Resolution of Human Evolutionary Trees with Polymorphic Microsatellites. Nature. 368:455-7
- Mountain JL e Cavalli-Sforza LL, 1994, Inference of Human Evolution through Cladistic Analysis of Nuclear DNA Restriction Polymorphisms. PNAS. 91:6515-9
- Piazza A et al., 1995, Genetics and the Origin of European Languages. PNAS. 92:5836-40
- Seielstad M et al., 1994, Construction of Human Y-chromosomal Haplotypes Using a New Polymorphic A to G Transition. Hum Mol Genet. 3:2159-61
- Mountain JL et al., 1995, Demographic History of India and mtDNA-sequence Diversity. Am J Hum Genet. 56:979-92
- Goldstein DB et al., 1995, Genetic Absolute Dating Based on Microsatellites and the Origin of Modern Humans. PNAS. 92:6723-7
- Underhill PA et al., 1996, A Pre-Columbian Y chromosome-specific Transition and its Implications for Human Evolutionary History. PNAS. 93:196-200
- Cavalli-Sforza LL, 1997, Genetic and Cultural Diversity in Europe. J Anthr Res. 53:383-404
- Cavalli-Sforza LL, 1997, Genes, Peoples, and Languages. Proc Natl Acad Sci USA. 94:7719-24
- Barbujani AE et al., 1997, Apportionment of Human DNA Diversity. Proc Natl Acad Sci USA. 94:4516-9
- Cavalli-Sforza LL e Minch E, 1997, Paleolithic and Neolithic Lineages in the European Mitochondrial Gene Pool [letter]. Am J Hum Genet. 61:247-54

- Underhill PA et al., 1997, Detection of Numerous Y chromosome Biallelic Polymorphisms by Denaturing High-performance Liquid Chromatography. *Genome Res.* 7:996-1005
- Cavalli-Sforza LL, 1998, The Chinese Human Genome Diversity Project. *Proc Natl Acad Sci USA.* 95:111501-11503
- Cavalli-Sforza LL, 1998, The DNA Revolution in Population Genetics. *Trends Genet.* 14:60-65
- Cavalli-Sforza LL, 1998, Man and the diversity of his genome. An extraordinary phase in the history of population genetics. *Pathol Biol, Paris.* 46: 98-102
- Risch N et al., 1999, A genomic screen of autism: evidence for a multilocus etiology. *Am J Hum Genet.* 65:493-507
- Jin L et al., 1999, Distribution of haplotypes from a chromosome 21 region distinguishes multiple prehistoric human migrations. *Proc Natl Acad Sci USA.* 96:3796-800
- Shen P et al., 2000, Population genetic implications from sequence variation in four Y chromosome genes. *Proc Natl Acad Sci USA.* 97 :7354-9
- Underhill PA et al., 2000, Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nat Genet.* 26:358-61
- Passarino G et al., 2000, Y chromosome binary markers to study the high prevalence of males in Sardinian centenarians and the genetic structure of the Sardinian population. *Hum Hered.* 52:136-9
- Underhill PA et al., 2001, The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Ann Hum Genet.* 65:43-62
- Passarino G et al., 2001, The Werner syndrome gene and global sequence variation. *Genomics.* 71:118-22
- Underhill PA et al., 2001, Maori origins, Y-chromosome haplotypes and implications for human history in the Pacific. *Hum Mutat* 17:271-80
- Vlad MO et al., 2002, Neutrality condition and response law for nonlinear reaction-diffusion equations, with application to population genetics. *Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys.* 65:061110
- Cavalli-Sforza LL, Feldman MW, 2003, The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. *Nat Genet.* 33(Suppl):266-75
- McIntire JJ et al., 2003, Immunology: hepatitis A virus link to atopic disease. *Nature.* 6958(425): 576
- Cinniolu C et al., 2004, Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Hum Genet* 114:127-48

- Edmonds CA, Lillie AS, Cavalli-Sforza LL, 2004, Mutations arising in the wave front of an expanding population. *Proc Natl Acad Sci USA*, 101:975-9
- Vlad MO, Cavalli-Sforza LL, Ross J, 2004, Enhanced (hydrodynamic) transport induced by population growth in reaction-diffusion systems with application to population genetics. *Proc Natl Acad Sci USA*. 101:10249-53
- Ramachandran S et al., 2005, Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in Africa. *Proc Natl Acad Sci USA*
- Kivisild T et al., 2005, The role of selection in the evolution of human mitochondrial genomes. *Genetics* 2005
- Cavalli-Sforza LL, 2005, Studying diversity. *EMBO Rep.* 6:713
- Vlad MO et al., 2005 Fisher's theorems for multivariable, time- and space-dependent systems, with applications in population genetics and chemical kinetics. *Proc Natl Acad Sci USA*
- Cavalli-Sforza LL, 2005, The Human Genome Diversity Project: past, present and future. *Nat Rev Genet.* 6:333-40
- Sengupta S et al., 2006, Polarity and temporality of high-resolution y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of central Asian pastoralists. *Am J Hum Genet.* 78:202-21
- Li J et al., *Science*. February 2008.

Libri e articoli di divulgazione scientifica:

- Chi Siamo - La Storia Della Diversità Umana (con F. Cavalli-Sforza), 1995, 2007, Milano: Mondadori
- Geni, popoli e lingue, 1996, Milano: Adelphi
- La scienza della felicità (con F. Cavalli-Sforza), 1997, Milano: Mondadori
- Il caso e la necessità - Ragioni e limiti della diversità genetica, 2007, Roma: Di Renzo Editore
- Perché la Scienza? (con F. Cavalli-Sforza), 2004, Milano, Mondadori
- Progettista e Direttore scientifico dell'enciclopedia in dodici volumi edita dalla casa editrice UTET e intitolata "La cultura italiana", di cui sono usciti diversi volumi. Sarà completata nel 2010.

Ha inoltre pubblicato numerosi articoli su quotidiani italiani quali "La Stampa", "Corriere della Sera", "Il Sole 24 Ore" e "La Repubblica".

Fondazione Internazionale Balzan

La Fondazione Internazionale Balzan nasce a Lugano nel 1956 grazie alla generosità di Lina Balzan che, alla morte del padre Eugenio e ispirandosi ai suoi propositi, destina il cospicuo patrimonio ereditato a un'opera per onorarne la memoria. Eugenio Francesco Balzan, nato a Badia Polesine (Rovigo) il 20 aprile 1874 da famiglia di proprietari terrieri, aveva passato quasi tutta la vita lavorativa al *Corriere della Sera* di Milano. Entrato al giornale nel 1897, era diventato in pochi anni redattore, capocronaca e inviato speciale. Nel 1903 il direttore Luigi Albertini gli affidava la gestione amministrativa della società editrice del *Corriere* della quale otteneva una piccola partecipazione azionaria. Amministratore abile e oculato, ma anche personaggio di spicco nella Milano del suo tempo, lasciava l'Italia nel 1933 per l'opposizione di ambienti ostili all'autonomia del *Corriere*. Si trasferiva allora in Svizzera, tra Zurigo e Lugano, dove si era fatto accreditare da anni le proprie rendite, collocate con successo, e proseguiva l'intensa attività benefica verso enti e singoli. Rientrato ufficialmente in Italia nel 1950, Eugenio Balzan moriva a Lugano, nella Svizzera italiana, il 15 luglio 1953*.

Oggi la Fondazione Balzan, che ha carattere internazionale, agisce attraverso due sedi: una di diritto italiano e l'altra di diritto svizzero.

A Milano, la *Fondazione Internazionale Premio E. Balzan* – “Premio” ha lo scopo di incoraggiare, senza distinzioni di nazionalità, di razza e di religione, la cultura, le scienze e le più meritevoli iniziative umanitarie, di pace e di fratellanza tra i popoli. Vi provvede attraverso l'assegnazione annuale di quattro premi nelle categorie “lettere, scienze morali e arti” e “scienze fisiche, matematiche, naturali e medicina”.

Le candidature per i premi nei campi scientifici e umanistici provengono da tutto il mondo, da enti culturali appositamente interpellati, e sono selezionate dal *Comitato Generale Premi* a composizione europea. Dal 2001 l'ammontare di ciascun premio è di un milione di franchi svizzeri, di cui la metà dovrà essere destinata dal premiato a un lavoro di ricerca, favorendo preferibilmente i giovani. Con un intervallo non inferiore a un triennio, la Fondazione Balzan assegna anche un “Premio per l'umanità, la pace e la fratellanza tra i popoli”, di entità variabile. A Zurigo, la *Fondazione Internazionale Premio E. Balzan* – “Fondo” amministra il patrimonio lasciato da Eugenio Balzan.

* Renata Brogгинi, *Eugenio Balzan 1874-1953. Una vita per il “Corriere”, un progetto per l'umanità*, Milano, 2001; Renata Brogгинi, *Eugenio Balzan 1874-1953. A Biography*, Milano, 2007.

Organi della Fondazione Internazionale Balzan
(al giugno 2009)

Consiglio di Fondazione "Premio"

Bruno Bottai (Italia), *Presidente*
Carlo Fontana (Italia), *Vicepresidente*
Marco Cameroni (Svizzera)
Achille Casanova (Svizzera)
Enrico Decleva (Italia)
Paolo Matthiae (Italia)
Alberto Quadrio Curzio (Italia)

Comitato Generale Premi

Salvatore Veca (Italia), *Presidente*
M.E.H. Nicolette Mout (Paesi Bassi), *Vicepresidente*
Werner Stauffacher (Svizzera), *Vicepresidente*
Enric Banda (Spagna)
Giovanni Busino (Italia/Svizzera)
Nicola Cabibbo (Italia)
Étienne Ghys (Francia)
Bengt Gustafsson (Svezia)
John Richard Krebs (Regno Unito)
Nicole Le Douarin (Francia)
Paolo Matthiae (Italia)
Erwin Neher (Germania)
Antonio Padoa Schioppa (Italia)
Dominique Schnapper (Francia)
Gottfried Scholz (Austria)
Dmitry O. Shvidkovsky (Russia)
Quentin Skinner (Regno Unito)
Karlheinz Stierle (Germania)
Marc Van Montagu (Belgio)
Luzius Wildhaber (Svizzera)
Suzanne Werder (Italia), *Segretario Generale*

Consiglio di Fondazione "Fondo"

Achille Casanova (Svizzera), *Presidente*

Bruno Bottai (Italia)

Luisa Bürkler-Giussani (Svizzera)

Maria Casutt Dietrich (Svizzera)

Carlo Fontana (Italia)

Claudio Generali (Svizzera)

Arina Kowner (Svizzera)

**I Premi Balzan per le lettere, scienze morali, arti;
per le scienze fisiche, matematiche, naturali e la medicina**

- | | |
|--|--|
| 2008 WALLACE S. BROECKER (USA) | scienza del mutamento climatico |
| MAURIZIO CALVESI (Italia) | arti figurative dal 1700 |
| IAN H. FRAZER
(Australia/Regno Unito) | medicina preventiva,
inclusa la vaccinazione |
| THOMAS NAGEL (USA/Serbia) | filosofia morale |
| 2007 ROSALYN HIGGINS (Regno Unito) | diritto internazionale dopo il 1945 |
| SUMIO IJIMA (Giappone) | nanoscienza |
| MICHEL ZINK (Francia) | letteratura europea (1000-1500) |
| JULES HOFFMANN (Francia)
e BRUCE BEUTLER (USA) | immunità innata |
| 2006 LUDWIG FINSCHER (Germania) | storia della musica occidentale
dal XVII secolo |
| QUENTIN SKINNER (Regno Unito) | storia e teoria del pensiero politico |
| PAOLO DE BERNARDIS (Italia)
e ANDREW LANGE (USA) | astronomia e astrofisica osservative |
| ELLIOT MEYEROWITZ (USA)
e CHRISTOPHER SOMERVILLE
USA/Canada) | genetica molecolare delle piante |
| 2005 PETER HALL (Regno Unito) | storia sociale e culturale delle città
dall'inizio del XVI secolo |
| LOTHAR LEDDEROSE (Germania) | storia dell'arte dell'Asia |
| PETER E ROSEMARY GRANT
(USA/Regno Unito) | biologia delle popolazioni |

	RUSSELL HEMLEY (USA) e HO-KWANG MAO (USA/Cina)	fisica dei minerali
2004	PIERRE DELIGNE (USA/Belgio)	matematica
	NIKKI RAGOZIN KEDDIE (USA)	il mondo islamico dalla fine del XIX alla fine del XX secolo
	MICHAEL MARMOT (Regno Unito)	epidemiologia
	COLIN RENFREW (Regno Unito)	archeologia preistorica
2003	REINHARD GENZEL (Germania)	astronomia infrarossa
	ERIC HOBSBAWM (Regno Unito/Egitto)	storia europea dal 1900
	WEN-HSIUNG LI (USA/Taiwan)	genetica e evoluzione
	SERGE MOSCOVICI (Francia/Romania)	psicologia sociale
2002	WALTER JAKOB GEHRING (Svizzera)	biologia dello sviluppo
	ANTHONY THOMAS GRAFTON (USA)	storia degli studi umanistici
	XAVIER LE PICHON (Francia/Vietnam)	geologia
	DOMINIQUE SCHNAPPER (Francia)	sociologia
2001	JAMES SLOSS ACKERMAN (USA)	storia dell'architettura (compresa l'urbanistica e l'architettura del paesaggio)
	JEAN-PIERRE CHANGEUX (Francia)	neuroscienze cognitive
	MARC FUMAROLI (Francia)	storia e critica letteraria dal XVI secolo ad oggi
	CLAUDE LORIUS (Francia)	climatologia

2000 ILKKA HANSKI (Finlandia)	scienze ecologiche
MICHEL MAYOR (Svizzera)	strumentazione e tecniche in astronomia e astrofisica
MICHAEL STOLLEIS (Germania)	storia del diritto dal XVI secolo ad oggi
MARTIN LITCHFIELD WEST (Regno Unito)	antichità classica
1999 LUIGI LUCA CAVALLI-SFORZA (USA/Italia)	scienza delle origini dell'uomo
JOHN ELLIOTT (Regno Unito)	storia moderna dal XVI al XVIII secolo
MIKHAEL GROMOV (Francia/Russia)	matematica
PAUL RICCEUR (Francia)	filosofia
1998 HARMON CRAIG (USA)	geochimica
ROBERT MCCREDIE MAY (Regno Unito/Australia)	biodiversità
ANDRZEJ WALICKI (USA/Polonia)	storia: storia culturale e sociale del mondo slavo dal regno della Grande Caterina alle rivoluzioni russe del 1917
1997 CHARLES COULSTON GILLISPIE (USA)	storia e filosofia delle scienze
THOMAS WILSON MEADE (Regno Unito)	epidemiologia
STANLEY JEYARAJA TAMBIAH (USA/Sri Lanka)	scienze sociali: antropologia sociale

- | | |
|--|---|
| 1996 ARNO BORST (Germania) | storia: culture medievali |
| ARNT ELIASSEN (Norvegia) | meteorologia |
| STANLEY HOFFMANN
(USA/Francia/Austria) | scienza politica: relazioni internazionali
dei nostri giorni |
| 1995 YVES BONNEFOY (Francia) | storia e critica delle belle arti in Europa
dal Medioevo ai giorni nostri |
| CARLO M. CIPOLLA (Italia) | storia economica |
| ALAN J. HEEGER (USA) | scienza dei nuovi materiali
non biologici |
| 1994 NORBERTO BOBBIO (Italia) | diritto e scienza delle politiche
(governo dei sistemi democratici) |
| RENÉ COUTEAUX (Francia) | biologia (struttura della cellula
con particolare riferimento
al sistema nervoso) |
| FRED HOYLE (Regno Unito)
e MARTIN SCHWARZSCHILD
(USA/Germania) | astrofisica (evoluzione delle stelle) |
| 1993 WOLFGANG H. BERGER
(USA/Germania) | paleontologia, con particolare
riferimento all'oceanografia |
| LOTHAR GALL (Germania) | storia: società del XIX e XX secolo |
| JEAN LECLANT (Francia) | arte e archeologia dell'antichità |
| 1992 ARMAND BOREL (USA/Svizzera) | matematica |
| GIOVANNI MACCHIA (Italia) | storia e critica delle letterature |
| EBRAHIM M. SAMBA (Gambia) | medicina preventiva |
| 1991 GYÖRGY LIGETI
(Austria/Ungheria/Romania) | musica |

	VITORINO MAGALHÃES GODINHO (Portogallo)	storia: nascita e sviluppo dell'Europa nel XV e XVI secolo
	JOHN MAYNARD SMITH (Regno Unito)	genetica e evoluzione
1990	WALTER BURKERT (Germania)	scienze dell'antichità (bacino mediterraneo)
	JAMES FREEMAN GILBERT (USA)	geofisica (terra solida)
	PIERRE LALIVE D'EPINAY (Svizzera)	diritto internazionale privato
1989	EMMANUEL LÉVINAS (Francia/Lituania)	filosofia
	LEO PARDI (Italia)	etologia
	MARTIN JOHN REES (Regno Unito)	astrofisica delle alte energie
1988	SHMUEL NOAH EISENSTADT (Israele/Polonia)	sociologia
	RENÉ ETIEMBLE (Francia)	letteratura comparata
	MICHAEL EVENARI (Israele/Francia) e OTTO LUDWIG LANGE (Germania)	botanica applicata (ivi compresi gli aspetti ecologici)
1987	JEROME SEYMOUR BRUNER (USA)	psicologia umana
	RICHARD W. SOUTHERN (Regno Unito)	storia medievale
	PHILLIP V. TOBIAS (Sud Africa)	antropologia fisica
1986	OTTO NEUGEBAUER (USA/Austria)	storia della scienza
	ROGER REVELLE (USA)	oceanografia/climatologia
	JEAN RIVERO (Francia)	diritti fondamentali della persona

- | | |
|--|---|
| 1985 ERNST H.J. GOMBRICH
(Regno Unito/Austria) | storia dell'arte occidentale |
| JEAN-PIERRE SERRE (Francia) | matematica |
| 1984 JAN HENDRIK OORT (Paesi Bassi) | astrofisica |
| JEAN STAROBINSKI (Svizzera) | storia e critica delle letterature |
| SEWALL WRIGHT (USA) | genetica |
| 1983 FRANCESCO GABRIELI (Italia) | orientalistica |
| ERNST MAYR (USA/Germania) | zoologia |
| EDWARD SHILS (USA) | sociologia |
| 1982 JEAN-BAPTISTE DUROSELLE
(Francia) | scienze sociali |
| MASSIMO PALLOTTINO (Italia) | scienze dell'antichità |
| KENNETH VIVIAN THIMANN
(USA/Regno Unito) | botanica pura e applicata |
| 1981 JOSEF PIEPER (Germania) | filosofia |
| PAUL REUTER (Francia) | diritto internazionale pubblico |
| DAN PETER MCKENZIE,
DRUMMOND HOYLE
MATTHEWS e FREDERICK JOHN VINE
(Regno Unito) | geologia e geofisica |
| 1980 ENRICO BOMBIERI (USA/Italia) | matematica |
| JORGE LUIS BORGES (Argentina) | filologia, linguistica e critica letteraria |
| HASSAN FATHY (Egitto) | architettura e urbanistica |
| 1979 TORBJÖRN CASPERSSON (Svezia) | biologia |
| JEAN PIAGET (Svizzera) | scienze sociali e politiche |

ERNEST LABROUSSE (Francia) e GIUSEPPE TUCCI (Italia)	storia
1962 PAUL HINDEMITH (Germania)	musica
ANDREJ KOLMOGOROV (Russia)	matematica
SAMUEL ELIOT MORISON (USA)	storia
KARL VON FRISCH (Austria)	biologia

I Premi Balzan per l'umanità, la pace e la fratellanza fra i popoli

2007 KARLHEINZ BÖHM (Austria/Germania)

2004 COMUNITÀ DI SANT'EGIDIO

2000 ABDUL SATTAR EDHI (Pakistan/India)

1996 COMITATO INTERNAZIONALE DELLA CROCE ROSSA

1991 ABBÉ PIERRE (Francia)

1986 ALTO COMMISSARIATO O.N.U. PER I RIFUGIATI

1978 MADRE TERESA DI CALCUTTA (India/Macedonia)

1962 S.S. GIOVANNI XXIII (Città del Vaticano/Italia)

1961 FONDAZIONE NOBEL

Finito di stampare
nel mese di settembre 2009
da Ancora Arti Grafiche - Milano
Printed in Italy