

LE ORIGINI DEGLI ETRUSCHI STORIA ARCHEOLOGIA ANTROPOLOGIA

a cura di
Vincenzo Bellelli

«L'ERMA» di BRETSCHNEIDER



Università degli Studi di Palermo
Polo didattico di Agrigento
Corso di Laura magistrale in Archeologia

Le origini degli Etruschi Storia Archeologia Antropologia

© Copyright 2012 «L'ERMA» di BRETSCHNEIDER
Via Cassiodoro, 19 - 00193 Roma
www.lerma.it - erma@lerma.it

Progetto grafico
«L'ERMA» di BRETSCHNEIDER

Tutti i diritti riservati. È vietata la riproduzione
di testi e illustrazioni senza il permesso scritto dell'Editore.

In copertina:
Particolare del volto maschile del Sarcofago degli Sposi,
da Cerveteri (Museo Nazionale Etrusco di Villa Giulia);
foto di Antonio Russo pubblicata su concessione
del Ministero per i Beni e le Attività Culturali - Soprintendenza per i Beni
Archeologici dell'Etruria Meridionale (Aut. n. Prot. MBAC-SBAEM 7950 del 6-9-2012)

Volume stampato con il contributo
dell'Università degli Studi di Palermo - Centro di Gestione "Polo didattico di Agrigento"
e della Fondazione della Cassa di Risparmio di Civitavecchia



Le origini degli Etruschi. Storia, Archeologia, Antropologia / a cura di Vincenzo Bellelli - Roma: «L'ERMA» di BRETSCHNEIDER, 2012 - 496 ; ill. 24 cm. (Studia Archaeologica ; 186)
ISBN 978-88-8265-742-0

CDD 22. 937.5
1. Etruschi

INDICE GENERALE

PREMESSA (<i>Oscar Belvedere</i>) »	7
INTRODUZIONE (<i>Vincenzo Bellelli</i>) »	11

PRIMA PARTE

ATTI DEL SEMINARIO DI AGRIGENTO (9 febbraio 2011)

I	ALLA RICERCA DELLE ORIGINI ETRUSCHE (<i>Vincenzo Bellelli</i>) »	17
II	LE TRADIZIONI LETTERARIE SULLE ORIGINI DEGLI ETRUSCHI: <i>STATUS QUAESTIONIS</i> E QUALCHE ANNOTAZIONE A MARGINE (<i>Roberto Sammartano</i>) »	49
III	LE ORIGINI ETRUSCHE: IL QUADRO DI RIFERIMENTO DELLA PROTOSTORIA (<i>Alessandro Zanini</i>) »	85
IV	<i>EX PARTE ORIENTIS</i> : I TERESH E LA QUESTIONE DELL'ORIGINE ANATOLICA DEGLI ETRUSCHI (<i>Massimo Cultraro</i>) »	105
V	ETRUSCHI: POPOLO O NAZIONE ? (<i>Luca Sineo</i>) »	143
VI	GLI ETRUSCHI E LA LORO ORIGINE ALLA LUCE DEGLI STUDI DI ANTROPOLOGIA FISICA (<i>Giandonato Tartarelli</i>) »	153

SECONDA PARTE

SAGGI

VII	SULLA GRAFIA E LA LINGUA DELLE ISCRIZIONI ANELLENICHE DI LEMNOS (<i>Luciano Agostiniani</i>) »	169
VIII	ETRURIA MERIDIONALE E MEDITERRANEO NELLA TARDA ETÀ DEL BRONZO (<i>Barbara Barbaro, Marco Bettelli, Isabella Damiani, Daniela De Angelis, Claudia Minniti, Flavia Trucco</i>) »	195

IX	IL VILLANOVIANO: UN PROBLEMA ARCHEOLOGICO DI STORIA MEDITERRANEA (<i>Anna Maria Bietti Sestieri</i>) »	249
X	LA TRADITION PÉLASGIQUE À CAERÉ (<i>Dominique Briquel</i>) »	279
XI	ORIGINI ETRUSCHE, ORIGINI ITALICHE E L'ERUDIZIONE ANTIQUARIA SETTECENTESCA (<i>Stefano Bruni</i>) »	295
XII	L'IDENTITÀ ETNICA COME PROCESSO DI RELAZIONE: ALCUNE RIFLESSIONI A PROPOSITO DEL MONDO ITALICO (<i>Luca Cerchiai</i>) »	345
XIII	L'ORIGINE LIDIA DEL POPOLO ETRUSCO: QUESTIONI DI PRINCIPIO (<i>Carlo De Simone</i>) »	359
XIV	LATINO E I TIRRENI (HES. TH. 1011-1016): QUESTIONI DI STORIA E DI CRONOLOGIA (<i>Andrea Ercolani</i>) »	383
XV	LE PROBLÈME DES ORIGINES ÉTRUSQUES DANS L'ENTRE – DEUX – GUERRES (<i>Marie-Laurence Haack</i>) »	397
XVI	BRONZO FINALE IN ISTRIA (<i>Kristina Mihovilić</i>) »	411
XVII	GLI INFLUSSI DEL VICINO ORIENTE SULL'ETRURIA NELL'VIII-VII SEC. A.C.: UN BILANCIO (<i>Alessandro Naso</i>) »	433
XVIII	DIONYSUS AND THE TYRRHENIAN PIRATES (<i>Dimitris Paleothodoros</i>) »	455

ETRUSCHI: POPOLO O NAZIONE?

Luca Sineo

Tra i diversi campi di applicazione dell'antropologia biologica c'è lo studio della genesi e dell'evoluzione delle popolazioni antiche. Qui la disciplina si affianca all'archeologia e, traendo spunto dai dati storici e dalle evidenze di scavo, applica delle metodologie "classiche" di analisi morfologica e metrica dei reperti scheletrici e metodologie "bio-molecolari" di analisi genetica e modellizzazione matematica per definire delle dinamiche di crescita, migrazione, scomparsa, o assimilazione, delle popolazioni del passato e più ampiamente, degli ancestrali dell'uomo¹.

Lo studio dell'origine e della storia biologica del popolo etrusco è di grande interesse ed attualità.

Gli Etruschi si affermano nella penisola italiana all'inizio del primo millennio a.C., in quella che viene detta Età del Bronzo finale ed Età del Ferro. La penisola italiana in questo momento vede la nascita di una serie di culture geograficamente delimitate, che si differenziano per ritualità e per produzione artistica e manifatturiera. Camporeale definisce questi popoli "compagini etniche"². Un insieme duttile (e diciamo noi polimorfo) sulla cui origine permane un forte contenzioso. Esistono infatti a tutt'oggi ipotesi etnografiche, che prevedono una migrazione di genti egee, levantine, o di genti nord europee a formare una popolazione culturalmente e geneticamente coesa che, a partire dal

VII secolo, si manifesta in Etruria, o ipotesi di sviluppo autoctono di una popolazione italica che nel VII secolo manifesta una *facies* orientaleggiante ma che malgrado tutto appare in forte continuità con la *facies* villanoviana (IX-VIII a.C.)³.

Non parleremo in questo paragrafo delle metodologie di analisi morfologica in quanto questo è oggetto di una trattazione specifica in questo medesimo contesto, mentre cercheremo di delineare lo stato dell'arte circa i risultati derivanti dai recenti studi sulla paleo-genetica della popolazione etrusca o dalla ricostruzione, sulla base dell'analisi delle popolazioni contemporanee, dell'origine e della sua evoluzione, o ancora, del contributo genetico "etrusco" in alcune popolazioni attuali. Quest'ultimo dato riveste una notevole importanza perché permette di affrontare indirettamente la problematica della dimensione demografica dell'Etruria nonché della sua omogeneità genetica.

Sin dal loro esordio le metodologie bio-molecolari sono apparse fondamentali nello studio della storia delle popolazioni archeologiche in quanto offrono ad esempio la possibilità di indagare direttamente il campione antico circa la sua individualità genetica e la sua filogenesi.

Nel caso della genesi degli Etruschi l'approccio genetico o paleogenetico è molto importante, data l'incertezza che permane e che viene alimentata sia dalle

fonti storiche che dalle fonti epigrafiche ed iconografiche circa un'origine alloccona o autoctona di questo popolo. Lo studio comparativo delle caratteristiche genetiche degli Etruschi (o dei loro discendenti) consente di cercare analogie e differenze con altri popoli e di definire – parsimoniosamente – una parentela. Le relazioni filogenetiche identificate mediante lo studio del DNA possono anche spiegare alcuni fenomeni culturali archeologicamente attribuiti a migrazioni o a intensi flussi commerciali. Oltre al principale quesito filogenetico la paleogenetica offre la possibilità di rispondere a quesiti archeologici come le possibili relazioni parentali in una sepoltura multipla, o definire i parametri biologici quali il sesso e l'età degli inumati. Non solo, l'indagine paleogenetica, unita alle possibili ricostruzioni paleoecologiche, può anche fornire importanti dati circa lo stato di salute e l'alimentazione di un popolo.

Le indagini paleo-genetiche, ossia lo studio del cosiddetto "DNA antico" (aDNA), traggono impulso dall'applicazione delle metodologie di amplificazione genica PCR⁴, dalle metodologie di analisi di restrizione e di sequenziamento "Sanger"⁵ e dal loro tumultuoso sviluppo successivo, nonché dal progressivo ed ugualmente rapido progresso delle metodologie di sequenziamento e caratterizzazione di DNA fortemente diagenizzati che vedono nei *Next Generation Sequencing* il loro punto di forza⁶.

Le indagini genetiche e di filogenesi di una popolazione fossile non vengono generalmente svolte sul DNA nucleare, troppo danneggiabile dal tempo, ma quasi esclusivamente sul DNA mitocondriale (mtDNA) o meglio sulle regioni ipervariabili (HVR1-2) della regione di controllo⁷. Il mtDNA è decisamente più piccolo del nucleare, è presente in un elevato numero di copie in ogni cellula

e quindi in elevato numero in ogni campione (l'evento diagenetico si distribuisce stocasticamente sulle varie molecole consentendo, con l'analisi di molte, la ricostruzione di un *puzzle* di sequenze); ha il pregio di non essere coinvolto nel fenomeno della ricombinazione e mantiene un tasso di mutazione studiabile più elevato rispetto al nucleare. Di contro il mtDNA ha una trasmissione materna e quindi le filogenesi che possono essere ricostruite sono essenzialmente delle filogenesi matrilineari⁸. Indubbiamente la difficoltà tecnica del lavoro con aDNA⁹ e il costo degli approcci analitici di ultima generazione, per molti laboratori proibitivo, limita molto l'analisi molecolare dei materiali archeologici e la relega ad alcuni laboratori di riferimento¹⁰. Questa problematica, unita al fatto che spesso i materiali scheletrici di derivazione archeologica provengono da situazioni "ecologiche" difficili e sono quindi troppo degradati (terreni troppo acidi o troppo basici, esposizione atmosferica ad eccessivo calore), o arrivano all'analisi in condizioni non ottimali, perché raccolti in modo non consono alle successive analisi, o perché eccessivamente e maldestramente manipolati (e quindi inquinati con DNA moderno), o trattati con sostanze inibenti le successive analisi genetiche, limita molto uno studio diretto del materiale antico e indirizza spesso i ricercatori verso una ricostruzione del passato genetico di un'area geografica attraverso lo studio del DNA delle popolazioni attuali. Confidando nel fatto che la molecola funziona, in alcune parti non codificanti e non soggette a selezione naturale, come un "inghiottitoio" di mutazioni, è possibile infatti una interpretazione storico, cronologica, popolazionistica del suo passato ed una integrazione critica dei risultati provenienti dall'analisi diretta del aDNA, qualora possibile. Anche in questo

caso le maggiori speculazioni degli studiosi si concentrano sul mtDNA e quindi sul cromosoma Y nella regione NRY (vedi nota n. 8), sia per quanto riguarda problematiche di ampio respiro quali l'origine e diffusione dell'uomo¹¹, che per quanto riguarda la storia demografica e la micro-differenziazione genetica delle popolazioni attuali¹², anche valutata in termini diacronici e comparativi¹³ mediante valutazioni sul aDNA.

Un solido tentativo di interpretazione multidisciplinare antropologico-genetica-storica-linguistica delle popolazioni europee e quindi del popolamento dell'Italia antica e della intrigante *Storia degli Etruschi*, è riferibile alla teoria delle migrazioni e sostituzioni demiche proposta da Cavalli-Sforza¹⁴. Gli autori, sulla base di una serie di frequenze alleliche, ma indubbiamente molto influenzati dalle evidenze archeologiche ed artistiche (che vedono più di una influenza orientale nell'arte etrusca), sostengono, come già Erodoto¹⁵, ma per la prima volta su base genetica, una migrazione degli Etruschi dal Vicino Oriente/Anatolia. Questa teoria, coerente con alcune interpretazioni archeologiche e linguistiche¹⁶, vede sistematiche riprese di interesse nel tempo ma, anche se viene portata avanti e discussa con grande forza e mole di dati (come vedremo successivamente), non si accorda con una più accreditata origine locale degli Etruschi¹⁷. Qualcosa di simile a quanto già affermato da Dioniso di Alicarnasso¹⁸. Questa origine autoctona, da una popolazione villanoviana è collocabile temporalmente nel primo millennio a.C. ma non è di semplice interpretazione dato che presumibilmente prevede, sin da subito, una commistione di componenti alloctone e indigene. Una genesi piuttosto lunga quindi che passa per una integrazione e che comincia nel X secolo a.C. Pallottino (1975) usa il concetto di

“formazione”. La formazione è composta da diversi contributi etnici, linguistici e culturali: «*we can find oriental, continental, indigenous elements and we need a very and deep study ... but today we can say that the national formation process has been exclusively in Etruria*».

Già Piazza (*et al.*, 1988) aveva affrontato l'argomento sulla base delle frequenze alleliche derivanti dallo studio dei polimorfismi genetici classici e delle componenti principali, parlando di flussi macrogeografici¹⁹, ma soprattutto di evidenze microgeografiche in Italia. Queste definiscono un gradiente di variabilità nord-sud, acuito in epoca pre-romana dalla colonizzazione greca del sud; un isolamento genetico di alcune parti della Sardegna; l'eterogeneità genetica dell'interno della Sicilia, ma soprattutto, aree di indipendenza genetica nei territori dei Liguri e degli Etruschi.

La prima analisi genetica indiretta degli Etruschi e una ricostruzione della demografia dell'Etruria, basate su un accurato approccio bio-molecolare ed analitico-statistico del mtDNA di un campione selezionato di toscani contemporanei, lo dobbiamo a Francalacci²⁰. Se comparate con sequenze di 13 diverse popolazioni mondiali, incluse sequenze delle popolazioni europee e mediterranee più peculiari, quali i Baschi, i Sardi, e i Mediorientali, le frequenze ipervariabili HVR1 e 2 dei toscani, presunti discendenti degli Etruschi, dimostrano una certa unicità (che può far pensare ad aplotipi “toscani” ancestrali e quindi Etruschi (?)) e un grado di variabilità genetica piuttosto elevato in considerazione dell'area geografica in esame, molto ridotta in dimensioni. Questo potrebbe indicare una unicità ma al contempo l'eterogeneità potrebbe essere in relazione a dinamiche di popolazione complesse e successive nell'area geografica e quindi essere una

variabile di disturbo nell'analisi. D'altro canto la distribuzione delle frequenze delle differenze tra toscani e altre popolazioni non esclude la relazione tra la popolazione toscana (etrusca) e quella "mediorientale" ancor più variabile e a supportare l'ipotesi di Cavalli-Sforza di una origine dal Vicino Oriente. Ad un più attento esame la popolazione toscana selezionata appare per altro "europea", composita e senza una origine identificabile se comparata con le caratteristiche di sequenza di altre (Baschi, Bretoni, Sardi o Anatolici ad esempio); essa è equidistante tra i due opposti (Mediorientali e Baschi) se analizzata con le matrici di distanza rappresentate in un albero di Neighbor-Joining²¹ e non distante da un generico raggruppamento dei Caucasi. Per la prima volta (siamo nel 1996) Francalacci, che non propende in modo chiaro per una origine autoctona degli Etruschi, mette fondamentalmente in luce un problema teorico e un limite metodologico molto importante nell'interpretazione del dato genetico popolazionistico e nella ricostruzione demografica antica dell'Europa. Il fattore di confondimento che determina la persistenza nella genetica attuale europea di *stigmata* genetiche ancestrali, paleolitiche, precedenti di molto le migrazioni protostoriche e storiche del primo millennio. Il *pattern* identificato dagli autori non è infatti incompatibile con una migrazione dal Medio Oriente, atto che potrebbe però non essere strettamente correlato, perché precedente, alla comparsa degli Etruschi. La genetica dei Toscani, secondo lo studio, sembra infatti il prodotto di una espansione molto precoce, precedente anche a quella neolitica legata alla diffusione dell'agricoltura. Secondo questa ipotesi le diverse espansioni europee di *H. sapiens* hanno origine da distribuzioni extraeuropee di popolazioni serbatoio

da cui sono partite le migrazioni ed è su questo substrato che si sono sviluppate le microdinamiche genetiche e demografiche del continente, ivi incluse quelle delle popolazioni italiche e degli Etruschi stessi. In definitiva, secondo l'autore e secondo studi successivi²², malgrado il notevole numero di generazioni passate, queste persistenze non consentono un livello di leggibilità e di interpretazione efficace, in quanto le popolazioni mantengono livelli di ancestralità che possono più o meno fortemente simulare una parentela e attribuire un significato non corretto alla ricostruzione successiva.

Il primo lavoro di analisi genetica diretta su materiale subfossile proveniente da una sepoltura etrusca lo dobbiamo a Cappellini²³ che analizza i resti umani della tomba 5859 della necropoli di Monterozzi a Tarquinia. La tomba, scavata negli anni '80, e non precedentemente profanata dai tombaroli, restituisce quattro adulti con corredo. La situazione del recupero consente una indagine paleogenetica partendo da presupposti molto importanti e non sempre disponibili: il recupero dei resti scheletrici secondo dettami di sistematicità e "sterilità" e l'esclusione di una manipolazione impropria dei resti da parte di profanatori diversi. Lo studio, basandosi sull'analisi delle sequenze HVR1 del mtDNA estratto dalle ossa e anche, senza troppo successo, sulla definizione di un pattern di polimorfismi STR²⁴, consente l'identificazione individuale e l'attribuzione di possibili relazioni parentali nonché la definizione della coerenza con il contesto sepolcrale di questo nucleo familiare risalente alla fine del IV, inizio III secolo a.C. Per quanto riguarda invece un quesito più generale sull'origine etrusca, il lavoro non fornisce indicazioni degne di particolare attenzione dato che le sequenze mitocondriali identificate non appaiono peculiari; in

un caso (5859-17) la sequenza è identica alla CRS²⁵.

La necessità di assolvere alla necessità di rappresentatività quantitativa e qualitativa del campione antico induce Vernesi e colleghi (2004) ad uno studio di genetica di popolazioni dell'Etruria basato unicamente su aDNA. Lo studio parte da due interrogativi *classici*: definire la genetica di popolazione degli Etruschi partendo dal aDNA, per stabilire la loro omogeneità o eterogeneità (ossia l'annoso quesito se l'Etruria sia stata nazione aggregante diverse popolazioni sotto una cultura dominante) e investigare la loro provenienza mediorientale o diversa o, di contro, la loro evoluzione *in situ* a partire da popolazioni "villanoviane" italice o nord europee, che vennero coinvolte successivamente da una influenza attiva o passiva da parte delle culture mediorientali²⁶. Il lavoro analizza campioni ossei che provengono dalle principali necropoli dell'Etruria ed ottiene sequenze genetiche analizzabili²⁷ da 30 campioni provenienti da un'ampia raccolta (80 campioni iniziali). Gli estremi geografici del campionamento sono a nord Adria e Capua a sud, due aree piuttosto controverse in quanto considerate dagli archeologi troppo esposte, per la loro marginalità, specialmente dopo il IV secolo, ad inquinamenti popolazionistici e culturali. Oltre il 50% del campione ha comunque provenienza dall'Etruria propria e i campionamenti coprono un periodo cronologico che va dal VII al III secolo a.C. Il periodo classico dell'esistenza etrusca.

Il dato fondamentale di questo studio è che, a differenza dell'indagine svolta da Fracalacci sul mitocondrio moderno, il campione antico mostra una certa omogeneità e questo fa ipotizzare agli autori la presenza di un *pool* mitocondriale etrusco, vicino ma non sovrapponibile agli aplotipi europei (sono presenti

secondo gli autori gli aplotipi 5AM, 6AM e 19M) e che, inoltre, ha un certo livello di vicinanza con il mtDNA mediorientale. L'analisi degli aplotipi mette in luce anche un flusso genico all'interno dell'Etruria e quindi una panmissia tra le genti etrusche seppur organizzate in città stato. Il secondo dato riportato, la non definita vicinanza ad aplotipi europei ed italiani attuali e quindi il probabile -non contributo- di questi aplotipi alla costruzione della variabilità attuale, alimenta il quesito sull'estinzione precoce degli Etruschi, o della sua classe dirigente inumata nelle necropoli, dopo l'assimilazione operata da Roma²⁸. Quest'ultimo punto sostiene per altro il dubbio di una appartenenza degli etruschi di derivazione sepolcrale ad una *élite* dominante geneticamente estranea rispetto alle popolazioni dell'Etruria e numericamente limitata. Quindi non in grado di influenzare decisamente la genetica futura della regione.

Proprio in relazione alla discontinuità genetica tra Etruschi e Toscani attuali e sempre con l'attenzione rivolta verso le possibili origini mediorientali di questo popolo, che sembra coinvolgere in egual modo alcuni archeologi e i genetisti, dobbiamo citare due diversi approcci metodologici: una simulazione matematica basata sulla Teoria della Coalescenza²⁹ della demografia antica e moderna dell'Etruria/Toscana³⁰ e uno studio diacronico della Toscana, etrusca, medioevale e contemporanea, in parte condotto su aDNA e in parte su DNA contemporaneo, che si arricchisce di una simulazione matematica analoga³¹. Ambedue i lavori propendono per una discontinuità genetica tra gli Etruschi e gli abitanti attuali dell'Etruria. Questa discontinuità può essere generata da diversi fenomeni tra cui l'assimilazione e la forte ibridazione del popolo etrusco con le altre genti italice dopo l'avvento di Roma, o l'estinzione di

una classe dirigente numericamente limitata e geneticamente diversa. Questa ipotesi più volte presa in considerazione, che spiegherebbe la scomparsa dei pochi aplotipi "etruschi" dal panorama genetico attuale, non facilmente spiegabile secondo le normali dinamiche di popolazione (e in considerazione del numero relativamente limitato di generazioni intercorse - *la memoria genetica è dura a morire*) sembrerebbe supportare una origine alloctona quanto meno della classe dirigente etrusca, che potrebbe quindi essere responsabile di quella vicinanza genetica al Vicino Oriente, ipotesi che, invero, non viene esclusa da nessuno dei lavori di genetica disponibili (ma valutata molto criticamente da Francalacci) e riproposta con forza prima da Achilli³² che individua una vicinanza genetica significativa con i Turchi e quindi ancora dal gruppo di Cavalli-Sforza, Piazza, Torroni³³. Il vasto campionamento del lavoro di Achilli effettuato a Volterra, in Casentino e a Murlo, che secondo gli autori sono siti con un passato isolamento genetico, indicherebbe questi luoghi come sede di aplotipi peculiari, mantenuti e consolidati, diversi da quelli evidenziabili in Europa.

Il dato di Guimaraes appare al momento il più articolato e completo. Ci parla degli Etruschi come di "outliers" rispetto all'Europa³⁴ (e questo conferma un loro isolamento o quantomeno una loro variabilità genetica peculiare) ma soprattutto ci indica una discontinuità storica tra le popolazioni dell'Etruria, che si manifestò tra i 2000 e i 1000 anni fa: la popolazione attuale sarebbe il frutto di una genetica medioevale, complessa e genericamente europea e quindi non riferibile ad un *pool* genico antico, sia esso villanoviano o levantino. Questo risultato chiude apparentemente in modo definitivo la possibilità di analizzare popola-

zioni toscane moderne geneticamente isolate (o meglio recentemente isolate) per la ricostruzione di una storia genetica e geografico-demografica degli Etruschi.

Alla luce di questa provata discontinuità anche il dato di una vicinanza con gli aplotipi moderni dell'Anatolia³⁵ appare un dato non convincente e comunque non rilevante, in quanto non interpretabile in funzione della ricostruzione delle origini e della storia demografica dell'Etruria.

CONCLUSIONI SINTETICHE

Ci sono evidenze ugualmente significative circa una origine mediorientale o una evoluzione *in situ* da genti villanoviane (o comunque europee) che produrrebbe, con meccanismi demografici ancora non chiari, una popolazione omogenea o quantomeno una *élite* omogenea a partire dal VII secolo. Diversi studi bio-molecolari, pur non identificando una straordinaria chiusura genetica degli Etruschi, individuano un *pool* genico etrusco distinguibile dagli altri *pool* genici europei.

La popolazione etrusca, secondo i dati paleogenetici, appare quindi dotata di una propria variabilità genetica caratterizzante, che esula, a parte due aplotipi, dal panorama genetico attuale europeo. Saremmo quindi al cospetto di una popolazione e non di una nazione etrusca eterogenea e coesa da una cultura comune e dai commerci. Le diverse evidenze parlano di un flusso genico efficace all'interno dell'Etruria e quindi di una popolazione culturalmente omogenea in un'area di panmissia.

L'efficacia dei campionamenti per lo studio di aDNA è stata spesso citata in ambito archeologico come un limite di un approccio paleogenetico. Gli scenari paleogenetici disponibili originano da diversi campionamenti che provengono

dall'Etruria e sono riferibili alla popolazione etrusca tra il VII e il III secolo a.C., per cui, a parte alcune località considerate nel campionamento del lavoro di Vernesi³⁶, non sembrano sussistere particolari problemi di adeguatezza del campione antico.

Il fatto che gli aplotipi "etruschi" scompaiano dal panorama genetico attuale della Toscana e dell'Europa e che siano evidenti tracce di una relazione con il Vicino e Medio Oriente possono indicare: sia che la popolazione fosse di origine orientale ma numericamente limitata ed influente nella dinamica demografica dell'Etruria tarda e della Toscana attuale³⁷, sia una relazione filogenetica ancestrale non significativa con le popolazioni anatoliche, ossia non legata direttamente alla genesi del popolo etrusco. La scomparsa di questi aplotipi caratterizzanti in Italia (Toscana) non depone infatti per una efficace migrazione. L'ipotesi di origine levantina dell'etnia, prevederebbe un consolidamento ed una dimensione popolazionistica di questi aplotipi, cosa non verificata. Inoltre, il fatto che questi aplotipi "mediorientali" si riscontrino in altre popolazioni isolate europee³⁸ ci induce ancor di più a pensare che essi siano la reliquia di una situazione antica, unificante. Questa potrebbe essere una migrazione molto precoce di genti provenienti da una sacca di popolazione epipaleolitica con distribuzione mediorientale, da cui, con un collo di bottiglia non troppo selettivo, si siano spostate verso l'Europa. Se così, questo movimento ancestrale precederebbe e prescinderebbe dall'origine del popolo etrusco che va quindi ricercata in dinamiche demografiche peculiari della penisola nel periodo del bronzo finale, sulle quali si sommano contributi (culturali e genetici) diversi, sia di ambito italico che più generalmente mediterraneo. Una origine autoctona

quindi, seppur geneticamente complessa. Questo è in accordo con le seppur scarse fonti archeologiche recenti da cui si evince che alla cultura villanoviana, già nella fase più antica (IX a.C.), corrisponde un popolo differenziato³⁹.

L'approccio paleogenetico qui commentato offre molti spunti per l'attuale dibattito, ma non sostiene in modo essenziale nessuna delle ipotesi archeologiche sull'origine degli Etruschi. Presumibilmente il livello di risoluzione analitica dei dati sul polimorfismo del DNA mitocondriale non è ancora sufficientemente sofisticato per poter definire se le omologie o le differenze osservate siano causali o meno nell'origine di questa popolazione. Consideriamo comunque che gli studi sono ancora molto pochi e che il primo studio paleogenetico sull'origine degli Etruschi è stato fatto nel 2004. Gli Etruschi sono per altro una delle poche popolazioni antiche ad essere state tipizzate geneticamente. È presumibile che più intense analisi e un sequenziamento massivo di nuovi campioni antichi potranno offrire nuovi dati e nuovi spunti di discussione.

RINGRAZIAMENTI

L'autore ringrazia V. Bellelli per i preziosi commenti e suggerimenti sul testo, oltre che per l'invito a partecipare a questa iniziativa editoriale.

BIBLIOGRAFIA

ACHILLI A. et al. 2007. *Mitochondrial DNA variation of modern Tuscans supports the near eastern origin of Etruscans*, in *Am. J. Hum. Genet.* 80: 759-768.

ANDERSON A. et al. 1981. *Sequence organization of the human mitochondrial genome*, in *Nature* 290: 457-465.

- ARSLAN A. et al. 2008. *Archeological, etymological, and genetic traces of migrations along with etruscan migration for forming european nations: migrational traces was followed together with alphabetical evolution*. In: Tarihyen Bir Kesit: Etruskler. Sempozyum Bildirileri. 2-4 Haziran 2007, Bodrum.
- BARKER G.-RASSMUSSEN T. 1998. *The Etruscans*. Blackwell, Oxford, UK.
- BELLE E. et al. 2006. *Serial coalescence simulations suggest a weak genealogical relationship between Etruscans and modern Tuscans*, in *PNAS* 103 (21): 8012-8017.
- BERTRANPETIT J. et al. 1995. *Human mitochondrial DNA variation and the origin of Basques*, in *Ann. Hum. Genet.* 59: 63-81.
- BRAMANTI B. et al. 2009. *Genetic discontinuity between local hunter-gatherers and Central Europe's first farmers*, in *Science* 326: 137-140.
- CAMPOREALE G. 2011. *Gli Etruschi. Storia e civiltà*, Torino.
- CANN R. et al. 1987. *Mitochondrial DNA and human evolution*, in *Nature* 325: 31-36.
- CAPPELLINI E. et al. 2004. *Biomolecular study of the human remains from tomb 5859 in the Etruscan necropolis of Monterozzi, Tarquinia (Viterbo, Italy)*, in *J. Archaeol. Sci.* 31: 603-612.
- CAVALLI SFORZA L.L. et al. 1994. *The history and geography of human genes*. Princeton University Press, Princeton, NJ.
- COOPER A.R.-POINAR H. 2000. *Ancient DNA: do it right or not at all*, in *Science* 289: 1139.
- FALCHI A. et al. 2006. *Genetic history of some western Mediterranean human isolates through mtDNA HVR1 polymorphisms*, in *J. Hum. Genet.* 51: 9-14.
- FRANCALACCI P. et al. 1996. *Sequenze diversità of the control region of mitochondrial DNA in Tuscany and its implications for peopling of Europe*, *Am. J. Phys. Anthropol.* 100: 443-460.
- GHIOTTO S. et al. 2009. *Inferring genealogical processes from patterns of Bronze-age and modern DNA variation in Sardinia*, in *Mol. Biol. Evol.* 27 (4): 875-886.
- GILBERT M.T. et al. 2005. *Assessing ancient DNA studies*, in *TRENDS in Ecology and Evolution* 20 (10): 541-544.
- GUIMARAES S. et al. 2009. *Genealogical discontinuity among Etruscan, medioeval and contemporary Tuscans*, in *Mol. Biol. Evol.* 26 (9): 2157-2166.
- HIGUCHI R. et al. 1984. *DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family*, in *Nature* 312: 282-284.
- HIGUCHI R. et al. 1989. *Simple and rapid preparation of samples for PCR*. In H.A. ERLICH (ed.), *PCR technology principles and applications for DNA amplification*. N.Y. Stockton Press 31-38.
- PAABO S. et al. 2004. *Genetic analyses from ancient DNA*, in *Annu. Rev. Genet.* 38: 645-679.
- PALLOTTINO M. 1947. *L'origine degli Etruschi*, Roma.
- PALLOTTINO M. 1975. *The Etruscans*. Indiana University Press, Bloomington, IN.
- PALLOTTINO M. 1984. *Storia della prima Italia*, Milano.
- PALLOTTINO M. 1989. In: *Atti del II Congresso internazionale etrusco*, Roma.
- PELLECCHIA M. et al. 2007. *The mystery of Etruscan origin: novel clues from Bos taurus mitochondrial DNA*, in *Proc. R. Soc. B.* 274: 1175-1179.
- PIAZZA A. et al. 1988. *A genetic history of Italy*, in *Ann. Hum. Genet.* 52: 203-213
- SCHULTES S. et al. 1997. *Classification of isolated skeletal elements using a DNA typing*, in *Anthropol Anz.* 55: 207-216.
- SEMINO O. et al. 2000. *The genetic legacy of Palaeolithic Homo sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective*, in *Science* 290: 1155-1159.
- SIMONI L. et al. 2000. *Geographic patterns of mtDNA diversity in Europe*, in *Am. J. Hum. Genet.* 66, pp. 262-278.
- VERNESI C. et al. 2002. *Mitochondrial diversity in linguistic isolates of the Alps: a reappraisal*, in *Hum. Biol.* 74: 725-730.
- VERNESI C. et al. 2004. *The Etruscans: a population-genetic study*, in *Am. J. Hum. Genet.* 74: 694-704.
- VIGILANT L. 2009. *Elucidating Population Histories Using Genomic DNA Sequences*, in *Current Anthropology* 50 (2): 201-207.
- VIGILANT L. et al. 1991. *African populations and the evolution of mitochondrial DNA*, in *Science* 253: 1503-1507.

NOTE

¹VIGILANT 2009.

²CAMPOREALE 2011, pag. 76.

³La facies villanoviana presume, data la sua

apparenza, l'esistenza di una popolazione numerosa e ben caratterizzata dal punto di vista culturale, dedita all'agricoltura intensa, che si sviluppa tra il bronzo finale e il ferro.

⁴ HIGUCHI *et al.* 1984 e 1989.

⁵ HIGUCHI *et al.* 1984.

⁶ Poinar e Schuster hanno usato un nuovo metodo di sequenziamento "454" Life Sciences (Brandford, CT, USA) per sequenziare in modo massivo il DNA nucleare e mitocondriale di un campione di *mammoth* di 27000 anni. Con questo metodo hanno ottenuto circa 13 milioni di paia di basi originali del campione selezionandoli da un totale di 28 milioni di paia di basi sequenziate (15 milioni di basi risultano pertanto "inquinanti").

⁷ BRAMANTI *et al.* in *Science* 2009.

⁸ La scelta di usare il mtDNA operata da CANN (*et al.* 1987) apparve ai detrattori di questo approccio come un grosso limite, in quanto obiettavano che una ricostruzione filogenetica su base matrilineare potesse essere non rappresentativa della realtà analizzando situazioni complesse quali le dinamiche popolazionistiche animali e quindi umane. Successivi approcci mediante l'uso di sequenze non ricombinanti del cromosoma Y (NRY), variabili anch'esse e trasmissibili solo per via maschile, quindi paterna, hanno messo in luce dinamiche migratorie e demografiche sovrapponibili nella storia genetica dell'uomo ricostruita secondo questo tipo di approccio parsimonioso. Caduta questa eccezione, il mtDNA (e il suo analogo NRY, usato per altro quasi esclusivamente negli studi di genetica delle popolazioni moderne) sono diventati oggetti del crescente interesse per la loro efficacia nella ricostruzione di scenari evolutivi e di relazioni filogenetiche e popolazionistiche.

⁹ GILBERT *et al.* 2005; PAABO *et al.* 2004; COOPER-POINAR 2000. I criteri di autenticazione del DNA antico sono stati introdotti da COOPER e POINAR nel 2000 e ci si riferisce ad essi come al "Golden Standard". Le problematiche sono comunque molte: secondo Gilbert – «*Mosaic haplotypes arisen as a result of the artificial combination of several phylogenetically unrelated markers*».

¹⁰ Questo, se probabilmente impedisce la produzione di dati non del tutto affidabili per inesperienza o inadeguatezza tecnologica, limita la ricerca e dà spesso spazio alla creazione di

veri e propri monopoli scientifici e tecnologici.

¹¹ CANN *et al.* 1987, VIGILANT *et al.* 1991.

¹² BERTRANPETIT *et al.* 1995

¹³ FALCHI *et al.* 2006; GHIOTTO *et al.* 2009. La storia genetica del Mediterraneo mette in evidenza vari flussi genetici ma l'ipotesi che la base genetica forte delle diverse popolazioni abbia origine con le prime espansioni paleolitiche appare molto convincente.

¹⁴ CAVALLI-SFORZA *et al.* 1994. L'analisi delle Componenti principali (detta pure PCA oppure CPA) è utilizzata nell'ambito della statistica multivariata. Consente una più facile gestione e semplificazione dei dati originali, spesso molto numerosi. Scopo principale di questa analisi è quindi la riduzione di variabili (rappresentanti caratteristiche del fenomeno analizzato) in variabili latenti mediante la trasformazione lineare delle variabili che proietta quelle originarie in un nuovo sistema cartesiano nel quale esse vengono ordinate in ordine decrescente di varianza. La variabile con maggiore varianza viene proiettata sul primo asse, la seconda sul secondo asse e così via. La riduzione della complessità si compie limitandosi ad analizzare le principali (per varianza) tra le variabili nuove.

¹⁵ Secondo Erodoto una popolazione antica detta dei "Lidi" colonizzò le terre dei Tirreni.

¹⁶ ARSLAN *et al.* 2008.

¹⁷ PALLOTTINO 1947, 1984, 1989.

¹⁸ Dioniso di Alicarnasso cita la tesi di Ellenico di Lesbo che definisce i Tirreni, o Pelasgi, autoctoni dell'Italia centrale e dice che fossero effettivamente gli Etruschi «*un popolo molto antico che non assomiglia ad altri né per il linguaggio, né per costumi ed usanze*».

¹⁹ Sulla base dell'analisi delle componenti principali Piazza individua in Europa 4 flussi cosiddetti macrogeografici: i movimenti demici neolitici, le migrazioni dei popoli uralici, le migrazioni dei popoli "indoeuropei" e quindi la colonizzazione greca. Questi, secondo Piazza compongono la base genetica dell'Europa antica e il canovaccio su cui si instaurano dei fenomeni locali di microvariabilità.

²⁰ FRANCALACCI *et al.* 1996

²¹ Vedi FRANCALACCI *et al.* 1996, fig. 7, pag. 455.

²² SEMINO *et al.* 2000.

²³ CAPPELLINI *et al.* 2004.

²⁴ STR (Short Tandem Repeat) – e il loro uso controverso in archeologia – SCHULTES *et al.* 1997.

²⁵ Anderson's Cambridge Reference Sequence – ANDERSON *et al.* 1981

²⁶ (PALLOTTINO 1975; BARKER-RASSMUSSEN 1998).

²⁷ In accordo con Cooper e Poinar vengono clonati e quindi sequenziati solo i campioni rispondenti a tutti i Golden standard nell'analisi del aDNA.

²⁸ «Therefore, the notion that the modern inhabitants of a region are descendent from its ancient resident does not seem a robust general assumption, but rather a hypothesis that whenever possible, should be tested empirically using ancient DNA» (GUIMARAES *et al.* 2009, pag. 2165).

²⁹ La teoria coalescente è un modello di evoluzione, vista come processo genealogico dove la trasmissione ereditaria viene trattata indipendentemente dal processo di mutazione. Secondo il *Principio della coalescenza*, tutti i tipi molecolari osservabili in un insieme di genomi possono essere ricondotti a un unico antenato comune ancestrale. Su questo principio si basa la ricostruzione di diverse linee evolutive definite dai diversi eventi mutazionali che contribuiscono alla variabilità osservata.

³⁰ BELLE *et al.* 2006.

³¹ GUIMARAES *et al.* 2009.

³² ACHILLI *et al.* 2007.

³³ PELLECCIA *et al.* 2007. L'origine anatolica degli Etruschi trova un conforto nell'analisi del mitocondriale di *Bos taurus*.

³⁴ Europa poco variabile da un punto di vista mitocondriale come già messo in evidenza da SIMONI *et al.* 2000: il dato è coerente con quanto definito da SEMINO (*et al.*) dello stesso anno e nel precedente di FRANCALACCI *et al.* 1997.

³⁵ Una vicinanza che non riveste quindi un significato filogenetico e che non è dirimente per l'origine del popolo etrusco ma indice presumibilmente di un retaggio genetico forte ed uniformante, frutto di una migrazione molto più antica di provenienza Mediorientale, retaggio che ritroviamo per altro anche in altri genomi europei, come nei Ladini (VERNESI *et al.* 2002).

³⁶ VERNESI *et al.* 2004.

³⁷ «The extinction of a social class can explain the situation ...» (BELLE *et al.* 2006)

³⁸ VERNESI *et al.* 2002.

³⁹ CAMPOREALE 2011.