

Nobiltà

**Rivista di Araldica, Genealogia,
Ordini Cavallereschi**

PUBBLICAZIONE BIMESTRALE

Direttore Responsabile - Fondatore: Pier Felice degli Uberti

Direzione:

Piazza Caiazzo, 2 - 20124 Milano Mi

Redazione:

Via C. Battisti, 3 - 40123 Bologna Bo, tel. ++39.051.236717 - fax ++39.051.271124

iagifaig@gmail.it

Amministrazione:

Via Mameli, 44 - 15033 Casale Monferrato Al



DALLA TRADIZIONE GENEALOGICA ALLA REALTÀ GENETICA

Sino a pochi anni indietro si diceva che lo studio della genealogia si basasse sul *sangue*, ma nella realtà era fondato sul *diritto*, e tutti abbiamo sempre accettato quasi senza discutere che i nostri antenati fossero quelli che nel corso dei secoli avevano riconosciuto i loro figli di generazione in generazione, tanto che proprio su questa convinzione nei tempi passati sono state create leggende e tradizioni che pongono come capostipiti delle famiglie - per avvalorare una importanza maggiore di quella che avevano nella loro società - personaggi famosi riferiti alla mitologia e alla storia e rimontanti a secoli troppo lontani, senza averne alcuna prova documentale, ma affermando che “*è tradizione della nostra famiglia discendere da...*” . L’autocelebrazione prevedeva quindi che i remoti antenati fossero divinità, sovrani mitici e grandi famiglie che avevano disseminato figli un po’ ovunque, ma oggi queste tradizioni fantasiose possono essere smontate proprio grazie allo studio del DNA¹.

¹ L’*acido desossiribonucleico (DNA)* è un acido nucleico che contiene le informazioni genetiche necessarie alla biosintesi di RNA e proteine, molecole indispensabili per lo sviluppo ed il corretto funzionamento della maggior parte degli organismi viventi. Dal punto di vista chimico, il DNA è un polimero organico costituito da monomeri chiamati nucleotidi (deossiribonucleotidi). Tutti i nucleotidi sono costituiti da tre componenti fondamentali: un gruppo fosfato, il deossiribosio (zucchero pentoso) e una base azotata che si lega al deossiribosio con legame N-glicosidico. Le basi azotate che possono essere utilizzate nella formazione dei nucleotidi da incorporare nella molecola di DNA sono quattro: adenina, guanina, citosina e timina e nel RNA è presente l’uracile. La disposizione in sequenza di queste quattro basi costituisce l’informazione genetica, leggibile attraverso il codice genetico, che ne permette la traduzione in amminoacidi. Il processo di traduzione

Ora siamo in grado di conoscere gli aplogruppi² di tanti sovrani ed eroi del passato, e quindi possiamo sapere se nel nostro corpo esiste lo stesso DNA dei grandi che hanno dominato la terra, o se ad essi siamo realmente imparentati. Curiosando su internet possiamo ottenere la risposta a questi quesiti, per esempio ora sappiamo l'aplogruppo del cromosoma Y di Luigi XVI³ e quindi possiamo dedurre verosimilmente quello dei capetingi, come

genetica (comunemente chiamata sintesi proteica) è possibile solo in presenza di una molecola *intermedia* di RNA, generata attraverso la trascrizione del DNA. Tale processo non genera solo filamenti di RNA destinati alla traduzione, ma anche frammenti già in grado di svolgere svariate funzioni biologiche (ad esempio all'interno dei ribosomi, dove l'RNA ha una funzione strutturale). L'informazione genetica è duplicata prima della divisione cellulare, attraverso un processo noto come replicazione del DNA, che evita la perdita di informazione durante le generazioni. Negli eucarioti, il DNA si complessa all'interno del nucleo in strutture chiamate cromosomi. Negli altri organismi, privi di nucleo, esso può essere organizzato in cromosomi o meno (nei batteri è presente un'unica molecola di DNA circolare a doppia catena, i virus possono avere genomi a DNA oppure ad RNA). All'interno dei cromosomi, le proteine della cromatina (come gli istoni, le coesine e le condensine) permettono di compattare e controllare la trascrizione dei geni, almeno nella maggior parte dei casi.

² In genetica si definisce aplogruppo (dal greco: *απλούς*, haploús, “onefold, unico, semplice”) un insieme di aplotipi tra loro differenti, tutti però originati dallo stesso aplotipo ancestrale. Per questo, per quanto differenti, tutti gli aplotipi di un aplogruppo presentano mutazioni presenti nella forma ancestrale, più ulteriori polimorfismi che invece li rendono specifici e differenti tra di loro. Perciò sono molto utilizzati negli studi di evoluzione molecolare perché è possibile confermare un aplogruppo a partire da singoli aplotipi tramite test SNP. In genetica umana, i più studiati sono l'aplogruppo del cromosoma Y (Y-DNA) e l'aplogruppo del DNA mitocondriale (mtDNA), che possono essere utilizzati per definire le popolazioni genetiche. Y-DNA ha il vantaggio di essere trasmesso solo attraverso l'eredità paterna (da padre a figlio), mentre il DNA mitocondriale viene trasmesso solo attraverso quella materna (dalla madre ai figli di ambo i sessi). Quindi Y-DNA e mtDNA possono cambiare solo tramite mutazione e non per ricombinazione di materiale genetico tra genitori.

³ Attraverso le ricerche dirette da Charles-Laluea-Fox, dell'*Institut de Biologie évolutive* di Barcellona, coadiuvato nella ricerca dall'*Università di Bologna*, i cui risultati sono stati pubblicati nel numero di novembre 2010 della rivista *Forensic Science International Genetics*, si sa che il codice genetico di Luigi XVI è stato isolato grazie alla possibilità offerta da una famiglia di Bologna che ha voluto rimanere anonima ed ha messo a disposizione degli studiosi un contenitore di 23 centimetri, dove dentro al piccolo scrigno ottenuto dalla lavorazione di una zucca era stato conservato un fazzoletto imbevuto nel sangue del re francese dopo la decapitazione, il 21 gennaio 1793. Così almeno recitava la scritta incisa sull'oggetto da quella indicazione e da alcune tracce scure all'interno del contenitore è partita la ricerca; due laboratori si sono cimentati contemporaneamente nelle analisi, riferisce la pagina scientifica del Figaro, a Barcellona e a Bologna. Per ora una cosa è certa: si tratta di sangue umano, appartenuto a un uomo, forse con gli occhi azzurri. Per tutti gli altri riscontri ci sono molte ipotesi. Si pensa di riesumare salme di reali, come

verificare facilmente se le dicerie su presunti adulteri avvenuti nel corso delle generazioni siano vere oppure semplici illazioni; certo è che oggi si conosce che l'aplogruppo del cromosoma Y di *Napoleone*⁴ è E1b1b1c⁵ (E-M34) ed abbiamo la certezza che l'attuale Capo della Famiglia Imperiale *Charles Napoleon* è realmente un lontano discendente collaterale; ma non è sempre così, perché ad esempio fra tutte le famiglie che si dicono discendenti da Rurik⁶ si trovano tre diversi aplogruppi (Y DNA) dimostrando che non tutte sono realmente discendenti da Rurik. Inoltre l'aplogruppo (Y DNA) dei sovrani di Gran Bretagna, di Danimarca, di Svezia e di Norvegia sarebbe l'R1b⁷.

quella di Luigi XVII, depresso a Saint Denis, e confrontare il cromosoma Y, oppure tentare con un resto della gamba della mamma di Luigi XVI. Uno due SNPs indicano che il sangue sul fazzoletto era di un uomo che era G2a3-qualcosa, forse G2a3b1a-L140, anche se l'aplotipo è molto insolito e non corrisponde a nessuno che abbiamo ora.

⁴ Recentissimi studi, analizzando resti di follicoli piliferi di Napoleone I ed il DNA-Y e quelli dell'attuale capo della casata Carlo, hanno identificato la "firma" genetica della linea maschile della famiglia, come appartenente all'aplogruppo *E1b1b1c (E-M34)*.

⁵ L'aplogruppo E rimase originariamente in Africa e le sue più alte frequenze si riscontrano in Africa Sub-Sahariana occidentale (81%) e Etiopia (68%). Il sub-clade E1a è di origine africana e si disperse per tutto il Mediterraneo raggiungendo la frequenza del 27% in Grecia. Anche E3b si trova nel sud-Europa.

⁶ Gli studi genetici hanno indicato l'esistenza di due maggiori aplogruppi fra I moderni Rurikidi: I discendenti di Vladimiro Monomakh (Monomakhoviches) e qualche altro sono dell'aplogruppo N1c1 (130 persone 68%), mentre i discendenti di un giovane principe della branca di Oleg I do Chernigov (Olgoviches) e qualche altro (45 persone - 24%) sono R1a o R1b tipico per gli Slavi, Germanici e popoli celtici.

⁷ La maggior parte dei membri dell'aplogruppo R appartengono all'aplogruppo R1, definito dal marcatore M173. R1 è molto comune in Europa e Asia occidentale. La sua distribuzione potrebbe essere associata con il ri-popolamento dell'Eurasia a seguito dell'ultima massima espansione glaciale. L'aplogruppo R1 è rappresentato principalmente da due linee evolutive del cromosoma Y: la R1a (SRY1532) che potrebbe essersi originata nelle steppe euroasiatiche a nord del Mar Caspio e del Mar Nero. È associato alla cultura *kurgan*, nota per la domesticazione del cavallo (circa 5000 anni fa). Questa linea è attualmente presente in Asia centrale e occidentale, India, e nelle popolazioni slave dell'Europa orientale. La linea R1b (M343) è la più comune nelle popolazioni europee. Nell'Irlanda occidentale raggiunge una frequenza prossima al 100%. Si è originata prima della fine dell'ultima glaciazione e si è concentrata nei rifugi del sud-Europa per poi riespandere verso nord con il progressivo mitigarsi del clima a partire da 14.000 anni fa. Uno o più rami isolati di cromosomi Y che appartengono all'aplogruppo R1b1 (p25) si trovano ad alte frequenze tra le popolazioni native del nord del Camerun nell'Africa centro-occidentale, e si crede possano riflettere una retro-migrazione preistorica di un'antica popolazione proto-euroasiatica in Africa. R1b1 si troverebbe, secondo alcuni ricercatori, in compagnia di sporadici cromosomi Y K2, a supporto di questa affinità euroasiatica. Alcuni cromosomi Y correlati strettamente a R1b1 sono comuni nella attuale popolazione egiziana. Inoltre, molte

Allo stesso modo il DNA mitocondriale (mtDNA) diviso per aplogruppi ci permette di conoscere quello della nostra più remota antenata. Anche qui oggi sappiamo che lo zar Nicola II di Russia aveva come mtDNA l'aplogruppo T2⁸, e l'antenata più antica conosciuta in linea retta sarebbe Adelheid von Alpeck (morta nel 1280), figlia di Witegow von Alpeck. Condividono come antenata comune Barbara di Celje (1390-1451), moglie dell'imperatore Sigismondo: Giorgio I di Gran Bretagna, Federico Guglielmo I di Prussia (per l'elettrice Sofia di Hannover), Carlo I d'Inghilterra, Giorgio III e Giorgio V del Regno Unito, Carlo X e Gustavo Adolfo di Svezia, Maurizio di Nassau, principe d'Orange, Olav V di Norvegia e Giorgio I di Grecia.

L'imperatrice Alexandra Feodorovna d'Assia e il principe Filippo, duca di Edimburgo appartengono all'aplogruppo H⁹ e entrambi discendono in linea matrilineare dalla regina Vittoria; l'antenata matrilineare più antica conosciuta sarebbe Cecile di Provenza-Arles morta nel 1150, passando da Anna di Boemia e Ungheria (1503-1546). L'imperatrice Maria Teresa d'Austria apparteneva all'aplogruppo H¹⁰. Vari discendenti matrilineari di Maria Teresa sono stati testati e confermano l'appartenenza allo stesso aplogruppo. Il più antico antenato conosciuto della discendenza matrilineare è Anna Caterina von Salm-Kyrburg (1614-1647). Fra le antenate anche la principessa Cristina Luisa di Oettingen-Oettingen, che era la nonna materna di Maria Teresa d'Austria, la regina Elisabetta Cristina di Prussia, la regina Giuliana Maria di Danimarca e lo zar Pietro II di Russia. Tutto questo per dire che oggi la persona che si avvicina allo studio della genealogia deve per forza non trascurare un utile approccio con la genetica che lo aiuterà a comprendere bene da dove derivi oggettivamente la sua ascendenza patrilineare e matrilineare e quali siano i suoi possibili collegamenti genealogici con altre persone che con lui dividono parte dello stesso patrimonio genetico.

popolazioni attuali del nord del Camerun parlano lingue Chadic, classificate come una diramazione della famiglia afroasiatica dei linguaggi, cui apparteneva la antica lingua egiziana, oggi estinta.

⁸ Ovvero: mtDNA aplogruppo T2: 16126C, 16169Y*, 16294T, 16296T, 73G, 263G, 315.1C. L'aplogruppo T deriva dall'aplogruppo JT, che ha dato luogo anche all'aplogruppo J. L'aplogruppo T si crede provenire dalla Mesopotamia circa 10.000 anni fa per emigrare verso il nord. È presente con concentrazioni particolarmente alte intorno al Mar Baltico.

⁹ Ovvero: mtDNA aplogruppo H: 263G, 315.1C, 16111T, 16357C. L'aplogruppo H riguarda circa il 50% delle popolazioni europee. Si pensa che abbia avuto origine nel Vicino Oriente circa 23.000-28.000 anni fa e che si sia diffuso in Europa circa 20.000 anni fa.

¹⁰ Ovvero: aplogruppo H: 152c, 194T, 263G, 315.1C, 16519C.