

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

iagi@iol.it

Amministrazione:

Via Mameli, 44 - 15033 Casale Monferrato Al



LA RICERCA DEI CUGINI GENETICI (FAMILY FINDER)

Se già nella rete i siti specializzati in genealogia genetica¹ offrivano la possibilità di analizzare il DNA² paterno (Y³-DNA) e il DNA materno (mtDNA⁴), oggi questo tipo di ricerca si spinge molto più avanti offrendoci l'opportunità di ritrovare tutte le linee ascendenti e discendenti sino alla 5^a

¹ Oltre a individuare cugini genetici, il test del DNA può anche rivelare le antiche origini. A partire da più di 170.000 anni fa, i nostri antichi avi sono migrati dall'Africa iniziando a diffondersi in modo lento ma costante attraverso i continenti. Col passare del tempo mentre questi antenati si spargevano per il mondo adattandosi alle nuove condizioni ambientali, il loro DNA è andato diversificandosi facendoli diventare geneticamente distinti l'uno dall'altro. Oggi, si possono tracciare tali differenze per mezzo del DNA e capire meglio come i nostri avi sono migrati e si sono differenziati creando popolazioni diverse.

² Il DNA si trova in ogni cellula del corpo ad eccezione dei globuli rossi. È localizzato al centro della cellula in una membrana chiamata nucleo. Il DNA contiene tutte le informazioni necessarie per la coordinazione delle funzioni del corpo, dal muovere le dita dei piedi al funzionamento del cuore. Il DNA è avvolto strettamente in configurazioni note come *geni*, che sono le unità funzionali del DNA. I geni forniscono le istruzioni necessarie per la vita. Si ritiene che il genoma umano contenga dai 30.000 ai 40.000 geni.

³ L'aplogruppo del cromosoma Y può offrire uno sguardo interessante sulla discendenza paterna ancestrale. Ogni razza di popolazioni indigene del nostro pianeta appartiene a un particolare aplogruppo. Esistono circa 18 aplogruppi principali di discendenza paterna, indicati con le lettere da A fino a R e sono suddivisi in sottocladi indicate con numeri e ulteriori sottocladi indicate con una lettera minuscola dell'alfabeto: E, E3, E3a. L'aplogruppo R1b è l'aplogruppo più comune tra le popolazioni europee; si ritiene che si sia diffuso attraverso l'Europa 10-12 migliaia di anni or sono.

⁴ Le discendenze ancestrali materne o aplogruppi si possono suddividere in sottodiscendenze che sono spesso specifiche di una regione o di una popolazione. Per esempio, 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.

generazione ed oltre, rimontando persino più indietro fino ad un remoto antenato o antenati che ci hanno lasciato in eredità parte del loro DNA. Oggi la ricerca della parentela *alla maniera di Normandia* è diventata una realtà alla portata di tutti, dandoci la possibilità di scoprire l'esistenza di remoti cugini della cui connessione genealogica non eravamo mai venuti a sapere. La svolta epocale nella ricerca genealogica risiede proprio nella conoscenza della parentela genetica, accantonando la parentela giuridica se questa differisce da quella genetica. Un progetto che aiuta a conoscere la nostra famiglia genetica è proprio il progetto *FamilyFinder* di *FamilyTreeDNA*, che mette a confronto i profili di DNA di diversi discendenti di un antenato o di una coppia di antenati. Esiste una differenza sostanziale tra un progetto per cognome, che mette a confronto l'Y-DNA di diversi soggetti di sesso maschile con lo stesso cognome o cognome simile, ed un progetto *FamilyFinder*, che analizza il DNA autosomale di tutti i discendenti di un avo oppure di una coppia di avi. La commissione scientifica della *FamilyTreeDNA* ha asserito che il grado di sicurezza per parentele presunte con un *Chip Affymetrix*⁵ (*microarray*) che analizza 500.000 coppie di nucleotidi (SNPs⁶), è tale da poter stabilire parentele fino a cinque generazioni passate con alta probabilità, ma anche parentele ancora più alla lontana. Il *FamilyFinder* effettua un confronto con i parenti in tutte le linee, in questo genere di test l'aplogruppo⁷ del mtDNA e l'aplogruppo dell'Y-

⁵ *Affymetrix* (Nasdaq: AFFX) è un fornitore di microarrays del DNA, con sede a Santa Clara, California (USA); l'azienda è stata fondata dal Dott. Stephen Fodor nel 1992.

⁶ Gli SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*), i poliformismi a singolo nucleotide, sono variazioni a livello di singola coppia di base che avvengono raramente nel genoma. Il test di SNP è disponibile per mtDNA e per il cromosoma Y. Questo test può confermare un gruppo di discendenza ancestrale di un individuo ovvero un aplogruppo. Sebbene non siano importanti per una genealogia diretta (passato recente), gli aplogruppi sono invece rilevanti da un punto di vista antropologico (antiche origini). Questo tipo di analisi ci consente di tracciare le diramazioni di aplogruppi e sottogruppi dalla nostra culla originale in Africa e di scoprire fatti interessanti sui movimenti dei nostri antenati da un punto di vista geografico e temporale.

Il programma determina una regione di DNA come IBD (*identical by descent = identico per discendenza*), se compaiono almeno 500 SNP corrispondenti.

⁷ Gli esseri umani cominciarono a diversificarsi quando migrarono dall'Africa e andarono a popolare il resto del mondo, adattandosi a nuovi ambienti climatici, nuovi regimi alimentari e condizioni di vita. Nel corso di decine di migliaia di anni, queste antiche popolazioni divennero isolate e il loro DNA mutò fino a renderle geneticamente distinte le une dalle altre. Questi lontani raggruppamenti ancestrali oggi sono chiamati aplogruppi. Per mezzo del test del DNA, possiamo rintracciare le diramazioni degli aplogruppi e dei loro sottogruppi dalla culla africana originale e quindi scoprire fatti interessanti sui movimenti degli antenati attraverso i secoli e le aree geografiche.

DNA, che sono indicatori rispettivamente della linea materna e paterna, molto probabilmente non sono gli stessi di un parente perché questi può appartenere ad un altro aplogruppo.

Nella ricerca dei parenti dobbiamo tenere presenti alcuni fattori importanti, per ogni generazione esiste un numero possibile ed effettivo di avi ed il numero di probabili avi si raddoppia in ciascuna generazione; tutti abbiamo due genitori, quattro probabili⁸ nonni, otto probabili bisnonni e 16 probabili trisnonni ecc. Talvolta però può capitare che il numero di probabili avi sia inferiore al numero di quelli effettivi; il genetista Robert C. Gunderson chiama questo fenomeno *Disgregazione dell'albero genealogico*.

Questo fenomeno si verifica particolarmente in una popolazione endogamica nella quale i membri del gruppo tendono a sposarsi tra loro⁹.

Una parentela genealogica viene calcolata mettendo a confronto il rapporto tra due persone e i loro avi in comune, e per conoscere quanto grande sia l'eredità¹⁰ comune del DNA fra due o più persone bisogna sapere che in linea generale si condivide per ogni generazione il 50% in meno del DNA con il parente con il quale vogliamo considerare il rapporto genealogico.

Con altissima probabilità si risulta parenti col test FamilyFinder nel caso dei cugini di 3° grado (6° grado per codice civile) e con ancora maggiore probabilità nel caso dei cugini di 4° (7° grado per c.c.) e 5° (8° grado per c.c.), ma si riesce anche ad individuare parenti ancora più alla lontana, ed a questo punto la percentuale di probabilità si fa più bassa.

Tuttavia nonostante esista una certa parentela genetica può capitare il caso che un cugino non compaia fra i parenti perché il DNA viene ricombinato casualmente in ciascuna generazione. Un bambino eredita il 50% del suo DNA dalla madre e l'altro 50% dal padre. Un individuo e suo padre ereditano gli stessi segmenti di DNA dai loro avi in comune, e ciascun genitore eredita, dal canto suo, il 50% del suo DNA dai nonni del bambino; quindi è improbabile che un bambino non erediti nessun frammento del

⁸ Probabili perché in caso di unioni con parenti questo numero si riduce, ad esempio quando i genitori di una persona sono cugini di 2° grado, il numero di trisnonni diminuisce da 16 a 14.

⁹ La classificazione come popolazione endogamica si può basare su la diffusione a livello geografico, l'appartenenza etnica, la classe sociale o la religione. La lontananza genetica e parentale della coppia sposata implica che la popolazione endogamica presenta in media meno corrispondenza dal punto di vista genetico; esempi di popolazioni endogamiche sono gli Amish, i Baschi, diversi sottogruppi della Diaspora ebraica.

¹⁰ Per calcolare quanto DNA si condivide con un cugino, si deve fare attenzione al fatto che anche lui, in ogni generazione, abbia ereditato il 50% in meno di DNA, ma va sottolineato che il DNA si eredita a livello casuale, e il DNA condiviso con un parente può comparire in percentuali minori o maggiori.

DNA dai nonni; in caso di parentele più alla lontana però questo è assolutamente possibile; più elevato è il grado di parentela con il cugino in questione, maggiore è la probabilità che abbiate ereditato dai vostri avi in comune segmenti diversi di DNA. È possibile che non si condivida con i cugini di 4° grado una significativa quantità di DNA, ma tale probabilità va a diminuire con i cugini di 5° o 8° grado.

Il presunto grado di parentela (*Suggested Relationship*¹¹) e lo spettro del grado di parentela (*Relationship Range*¹²) in FamilyFinder vengono ricalcolati per ciascun individuo; poiché si eredita da un ascendente vicino una determinata quantità di DNA e diverse combinazioni di DNA, queste risulteranno nel calcolo statistico e il vostro grado di parentela rientrerà nei limiti dello spettro del grado di parentela (*Relationship Range*) che potrebbe essere impreciso sull'effettivo grado di parentela. L'unità di misura che indica la probabilità di ricombinazione di una regione del DNA da una generazione all'altra è il *centimorgan*¹³ (cM) e 1 cM corrisponde alla probabilità dell'1% che un segmento di DNA di una generazione venga ricombinato nella generazione seguente; una serie di almeno 10 cM indica sorprendentemente avi in comune; una serie di 5-10 cM indica una probabile parentela. Ancora sono da tenere presenti due indici: IBD ovvero "*identical by descent*"¹⁴ (identici per discendenza) e IBS ovvero "*identical by state*"¹⁵ (identici di fatto) che ci porgono la chiave di tutte queste parentele che solo qualche anno fa non avremmo neppure immaginato.

¹¹ In FamilyFinder la colonna "*Suggested Relationship*" mostra il grado di parentela statisticamente probabile.

¹² La colonna "*Relationship Range*" (spettro del grado di parentela) mostra il limite massimo e minimo del grado di parentela.

¹³ Nel programma FamilyFinder la colonna "cM totali" mostra la somma di tutti i *centimorgan* (cMs) che un individuo ha in comune con il suo potenziale parente. Un valore cM mostra la probabilità con cui una regione del DNA tende a ricombinarsi in una generazione. Il valore cM rappresenta una parte decisiva del programma FamilyFinder nel calcolo del grado di parentela.

¹⁴ Questo significa che il DNA coincide perché esiste una provenienza da un avo comune. L'IBD si può riferire ad una singola mutazione oppure ad un intero segmento di DNA. Se avviene una mutazione o un segmento di DNA è IBD all'interno di un gruppo di persone, ciò significa che le persone in questione l'hanno ereditato da un avo in comune.

¹⁵ Questo significa che un segmento di DNA può coincidere in quanto proveniente da un avo comune (IBD) oppure casualmente. Due individui possono coincidere in diversi frammenti di DNA, ma questo non implica necessariamente che siano imparentati. In questo caso il risultato viene denominato IBS. Solo se sussistono delle corrispondenze, il FamilyFinder classificherà il segmento in comune come IBD.