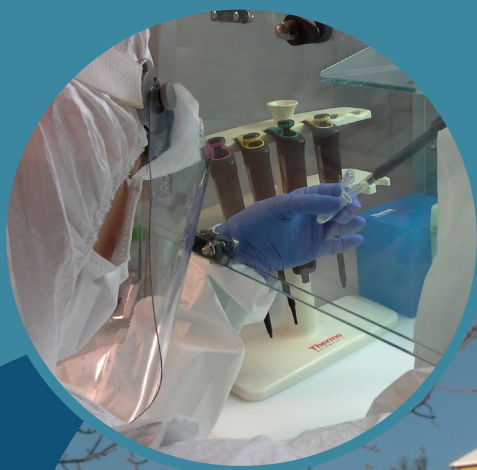


Le Mummie di Roccapelago

Un progetto pilota di ricerca interdisciplinare
tra archeologia, antropologia,
storia e scienze applicate



Le Mummie di Roccapelago

**Un progetto pilota di ricerca interdisciplinare tra archeologia,
antropologia, storia e scienze applicate**

a cura di Elisabetta Cilli, Mirko Traversari

© 2020

Coordinamento editoriale

Fiamma Lenzi

Progetto grafico

Monica Chili

Stampato nel mese di maggio 2020

dal Centro Stampa Regione Emilia-Romagna (Bologna)

In copertina:

Veduta invernale della chiesa di Roccapelago edificata nel XVI secolo sui resti dell'antica rocca medievale; operazioni di campionamento all'interno della cripta sepolcrale della chiesa di Roccapelago; attività di analisi all'interno del Laboratorio del DNA antico nel Dipartimento di Beni Culturali dall'Università di Bologna (Campus di Ravenna).

IBC

Via Galliera, 21 40121 Bologna

Tel. 0039 051 527 6600

Fax 0039 051 232599

www.ibc.regione.emilia-romagna.it

Questo volume raccoglie le relazioni scientifiche di due convegni:

Le Mummie di Roccapelago: archeologia, antropologia e scienze applicate a confronto (Modena, 15 febbraio 2014) e *Le Mummie di Roccapelago 3.0: la rinascita degli antichi abitanti attraverso cinque anni di studi* (Ravenna, 24 marzo 2017).

ISBN 9788897281962

Le Mummie di Roccapelago

Un progetto pilota di ricerca interdisciplinare
tra archeologia, antropologia,
storia e scienze applicate

a cura di

Elisabetta Cilli

Mirko Traversari

Indice

Presentazione..... 9
Roberto Balzani

Lo studio delle mummie di Roccapelago: un modello di ricerca interdisciplinare 11
Giorgio Gruppioni, Donato Labate

Parte prima

Le Mummie di Roccapelago: archeologia, antropologia e scienze applicate a confronto

Convegno a cura di Donato Labate, Giorgio Gruppioni, Mirko Traversari

Modena, 15 febbraio 2014

Palazzo dei Musei, Musei Civici - Sala Crespellani

Il Museo di Roccapelago. Percorsi virtuali nella storia di una comunità dell'Appennino modenese 19
Antonino Vazzana, Simone Zambruno, Marco Orlandi

Roccapelago: una comunità appenninica tra Ducato estense e Repubblica di Lucca 26
Raffaele Savigni

Tracce di mais dalla cripta: testimonianze polliniche e paleonutrizionali 38
Giovanna Bosi, Federico Lugli, Paola Torri, Rossella Rinaldi, Marta Bandini Mazzanti

Monsampolo del Tronto e Roccapelago: due piccole comunità e le loro vesti fra XVI e XIX secolo..... 43
Valeria David

Abiti e sudari delle mummie di Roccapelago ed altre esperienze di recupero di abiti da sepolture 47
Annalisa Biselli, Ivana Micheletti

Un protocollo unificato per tessili e abiti provenienti da sepolture 61
Thessy Schoenholzer Nichols

Le mummie di Roccapelago: ricostruzione delle attività occupazionali in una piccola comunità dall'alto Appennino modenese del XVIII secolo attraverso gli indicatori scheletrici di carico biomeccanico e con l'ausilio di tecnologie virtuali 3D..... 71
Mirko Traversari, Caterina Minghetti, Vania Milani, Mélanie A. Frelat, Colin N. Shaw,
Giorgio Gruppioni

Studio dei resti ossei infantili rinvenuti nella cripta della chiesa di Roccapelago..... 83
Giulio Cosseddu, Maria Catena Merlo, Mélanie Agnes Frelat

<i>Il DNA delle mummie di Roccapelago: risultati preliminari</i>	92
Elisabetta Cilli, Alessio Zedde, Patrizia Serventi, Sara De Fanti, Andrea Quagliariello, Stefania Sarno, Giulia Graffi, Monica Mosconi, Mirko Traversari, Donata Luiselli, Giorgio Gruppioni	
<i>Nuove risultanze delle analisi paleonutrizionali sulle mummie di Roccapelago</i>	99
Massimo Andretta, Darinn Cam, Giancarlo Righetti	
<i>I resti umani di Roccapelago: analisi istologiche dei tessuti mummificati per la diagnostica paleopatologica e la conservazione dei reperti</i>	106
Ezio Fulcheri, Giulia Mari, Jessica Marcato, Giorgio Gruppioni, Rosa Boano	
<i>Analisi dei tessuti cutaneo e osseo delle mummie di Roccapelago mediante spettrofotometria infrarossa a trasformata di Fourier</i>	118
Maria Grazia Bridelli, Chiaramaria Stani, Roberta Bedotti, Mara Bertolotti, Raffaella Tomasini, Mirko Traversari	
<i>Programma del convegno</i>	128

Parte seconda

Le Mummie di Roccapelago 3.0: la rinascita degli antichi abitanti attraverso cinque anni di studi

Convegno a cura di Stefano Benazzi, Elisabetta Cilli, Giorgio Gruppioni, Mirko Traversari
Ravenna, 24 marzo 2017

Università di Bologna - Campus di Ravenna, Dipartimento di Beni Culturali, Sala Conferenze

<i>Mortalità infantile a Roccapelago: tra analisi antropologiche e archivi storici</i>	133
Carla Figus, Giorgio Gruppioni, Mirko Traversari	
<i>Nozze a Roccapelago, tra endogamia, esogamia ed isonimia</i>	140
Mirko Traversari	
<i>Paleogenetica e paleodemografia degli antichi abitanti di Roccapelago</i>	149
Elisabetta Cilli, Mirko Traversari, Sara De Fanti, Patrizia Serventi, Stefania Sarno, Andrea Quagliariello, Chiara Panicucci, Marta Maria Ciucani, Gianmarco Ferri, Donata Luiselli, Giorgio Gruppioni	
<i>Dieta e pratiche di foraggiamento a Roccapelago: analisi degli isotopi stabili e degli elementi in traccia</i>	158
Federico Lugli	
<i>Variabilità del microbiota e dieta nelle mummie di Roccapelago</i>	163
Elisabetta Cilli, Donata Luiselli, Mirko Traversari, Andrea Quagliariello, Federico Lugli, Patrizia Serventi, Maria Francesca Viola, Lorenzo Pavarini, Sara De Fanti, Anna Cipriani, Carlotta De Filippo, Giorgio Gruppioni	

<i>“Resistere al tempo”: analisi fisico-chimiche sui tessuti biologici delle mummie di Roccapelago</i>	171
Maria Grazia Bridelli, Chiaramaria Stani, Victor Erokin, Mirko Traversari	
<i>Indagine morfologica e molecolare sui reperti entomologici di Roccapelago</i>	182
Stefano Vanin, Sara Bortolini, Giorgia Giordani, Fabiola Tuccia	
<i>Uso e riuso di un indumento: l'esempio di alcune camicie recuperate nel contesto funerario di Roccapelago</i>	188
Thessy Schoenholzer Nichols	
<i>Programma del convegno</i>	195

Elisabetta Cilli*, Mirko Traversari*, Sara De Fanti**, Patrizia Serventi*^{***},
Stefania Sarno**, Andrea Quagliariello**, Chiara Panicucci*, Marta Maria Ciucani*,
Gianmarco Ferri^{***}, Donata Luiselli**, Giorgio Gruppioni*

Paleogenetica e paleodemografia degli antichi abitanti di Roccapelago

Introduzione

Il progetto di studio delle mummie di Roccapelago, nato in seguito al ritrovamento, nella cripta della locale chiesa della Conversione di San Paolo Apostolo, dei resti di oltre 400 individui, molti dei quali parzialmente mummificati¹, ha previsto, fin dall'inizio, un approccio multidisciplinare volto all'integrazione dei risultati scaturiti dalle indagini archeologiche, antropologiche, paleodemografiche e paleopatologiche con quelli prodotti dalle analisi genetiche dei reperti. A questo scopo è stato programmato, tra l'altro, anche uno studio diacronico del DNA finalizzato a indagare la struttura e le dinamiche della popolazione di Roccapelago nell'arco di circa quattro secoli, cioè dalla fase più antica di uso sepolcrale della cripta fino alla comunità attualmente vivente. La selezione dei campioni oggetto dello studio ha perciò riguardato sia i reperti antichi, risalenti a un periodo compreso tra la fine del XVI e la fine del XVIII secolo², sia membri attuali della comunità locale.

Il lavoro qui presentato costituisce il prosieguo dell'analisi paleogenetica preliminare svolta sulle mummie di Roccapelago (MO), presentata al convegno "Le Mummie di Roccapelago: archeologia, antropologia e scienze applicate a confronto" (Modena, 15 febbraio 2014)³. In particolare vengono qui presentati i risultati dell'analisi condotta tramite tecniche di sequenziamento del DNA di ultima generazione (Next Generation Sequencing, NGS) che consentono di superare i problemi e i limiti legati all'uso delle metodologie classiche (sequenziamento Sanger) e di ottenere risultati più affidabili⁴.

Considerato che il piccolo borgo di Roccapelago, per la sua posizione geografica e il contesto ambientale in cui è insediato, sembra possedere le caratteristiche di un isolato genetico, gli obiettivi della ricerca qui presentata possono essere così schematicamente elencati: 1) gettare le basi per una biobanca del DNA della popolazione antica e attuale di Roccapelago, anche in vista di studi futuri di genetica e genomica; 2) caratterizzare le linee parentali maschili e femminili

* Dipartimento di Beni Culturali, Laboratori di Antropologia fisica e del DNA antico, Università di Bologna, Campus di Ravenna.

** Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Laboratorio di Antropologia Molecolare e Centre for Genome Biology, Università di Bologna.

^{***} Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica, Università di Modena e Reggio Emilia.

¹ GRUPPIONI *et al.* 2011.

² BIVIANO *et al.* 2016; TRAVERSARI *et al.* 2016.

³ Si veda il contributo di CILLI *et al.*, *Il DNA delle mummie di Roccapelago: risultati preliminari*, in questo stesso volume.

⁴ RIZZI *et al.* 2012.

della comunità allo scopo di ricostruire la storia genetica dei ceppi familiari; 3) incrociare i risultati delle analisi genetiche con i dati desunti dai registri parrocchiali e dall'esame antropologico dei resti scheletrici al fine di ricostruire la struttura e le dinamiche genetico-demografiche della popolazione.

Per tali finalità sono stati tipizzati sia il DNA mitocondriale, ereditato per via matrilineare, sia il cromosoma Y, trasmesso per linea paterna, in campioni di inumati provenienti dalla cripta, oltre che in un gruppo di individui dell'attuale comunità di Roccapelago. Sono stati, inoltre, presi in considerazione i dati antropologici desunti dallo studio dei resti umani e i dati biodemografici raccolti dai registri parrocchiali della medesima comunità oggetto di studi precedenti⁵.

Si tratta di uno dei pochi studi genetici, eseguito secondo una prospettiva diacronica, che unisce l'analisi del DNA antico dei membri del passato di una comunità umana con quella del DNA moderno dei membri viventi della stessa comunità. Questo tipo di studi è oggi possibile grazie all'elevato grado di affidabilità e di informatività raggiunto dalle metodologie di analisi del DNA, e in particolare del DNA antico. Lo studio del materiale genetico proveniente da reperti biologici antichi ha visto, infatti, nel corso delle oltre tre decadi dalla nascita di questo tipo

di ricerche⁶, progressive innovazioni, che hanno permesso di ottenere e decifrare, con risultati sempre più consistenti, il genoma di individui o organismi del passato⁷, portando, fra l'altro, un contributo fondamentale agli studi riguardanti l'evoluzione delle specie, la storia bioculturale e le dinamiche delle comunità umane, la ricostruzione dei rapporti di parentela, nonché la caratterizzazione di particolari tratti fenotipici e di malattie genetiche, polifattoriali e infettive⁸. Tuttavia, nonostante i notevoli sviluppi tecnologici che la ricerca in questo campo ha visto, l'archeogenetica deve necessariamente tener conto delle problematiche riguardanti la degradazione⁹ e la contaminazione del DNA contenuto nei reperti antichi¹⁰. Per controllare e ovviare a queste problematiche e ottenere risultati attendibili, è necessario seguire alcune linee guida su come effettuare correttamente il campionamento e l'analisi dei reperti. Esse prescrivono, tra l'altro, l'impiego di dispositivi di protezione individuali (es. guanti, mascherine, tute, etc.) atti ad evitare la contaminazione da DNA moderno, la esecuzione di analisi indipendenti in diversi laboratori e la tipizzazione di tutti gli operatori in qualche modo coinvolti nella manipolazione dei reperti¹¹. È fondamentale, inoltre, che le analisi su materiale genetico antico siano svolte solo in laboratori esclusivamente riservati a DNA

⁵ Tali ricerche sono parte di un più ampio studio della documentazione dell'archivio parrocchiale che rientra nell'ambito della tesi di dottorato del dott. Mirko Traversari, svolta all'interno del Dottorato in Studi sul Patrimonio Culturale, Università di Bologna.

⁶ HIGUCHI *et al.* 1984.

⁷ HAGELBERG *et al.* 2015; MOROZOVA *et al.* 2016; PARDUCCI, BENNETT 2017; NIELSEN *et al.* 2017.

⁸ MOROZOVA *et al.* 2016.

⁹ Dopo la morte di un organismo, infatti, i meccanismi di riparazione della cellula cessano le loro funzioni e il materiale genetico va incontro a un costante decadimento. Ciò causa un abbassamento della concentrazione del DNA endogeno, la cui molecola subisce un processo di frammentazione e di modificazione chimica della doppia elica (LINDAHL 1993; DABNEY *et al.* 2013; CARAMELLI 2009).

¹⁰ DABNEY *et al.* 2013; MOROZOVA *et al.* 2016, pp. 299-301.

¹¹ COOPER, POINAR 2000, p. 1139; KNAPP *et al.* 2015, p. 4.

degradato, opportunamente compartimentati e dotati di sistemi di filtrazione dell'aria e pressione positiva. Tali strutture devono essere organizzate in diverse aree, ciascuna dedicata a una specifica fase del lavoro: uno spogliatoio riservato nel quale gli operatori indossano i dispositivi di protezione, una zona di decontaminazione e prelievo dei campioni e infine un locale dedicato all'estrazione del DNA e alla costruzione delle librerie¹². Inoltre, è necessario che la fase di amplificazione del DNA avvenga in un'area distinta dai locali in cui si effettuano le analisi precedenti. È infatti la separazione fisica tra queste aree di lavoro che permette di evitare la contaminazione da prodotti dell'amplificazione del DNA nei locali dedicati alla estrazione del materiale genetico antico¹³.

Per assicurare le suddette condizioni operative, l'analisi archeogenetica delle mummie di Roccapelago è stata eseguita a Ravenna, presso il Dipartimento di Beni Culturali dell'Università di Bologna, dove è stato allestito un laboratorio che risponde a queste specifiche strutturali e impiantistiche. Al contempo, l'analisi del DNA moderno ottenuto dagli individui viventi è stata effettuata presso il Laboratorio di Antropologia Molecolare e Centre for Genome Biology del Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali dell'Università di Bologna.

Materiali e metodi

Ai fini della presente ricerca sono stati campionati complessivamente 99 inumati rappresentativi dell'intero arco temporale di utilizzo, a scopo sepolcrale, della cripta della chiesa di Roccapelago¹⁴. Di questi, ai fini dello studio in oggetto, al momento della stesura di questo lavoro ne sono stati esaminati complessivamente 11 per il cromosoma Y, di cui: 3 provenienti dalla US 28, l'unità stratigrafica corrispondente al pavimento della cripta, databile alla fine del XVI secolo¹⁵; 6 dalla US 23 corrispondente alla sommità del cumulo di inumati, riferibile all'inizio del XVIII secolo¹⁶ e 2 dalla US 26, relativa allo strato intermedio di inumati, plausibilmente riferibile al XVII secolo (Fig. 1). Mentre per il DNA mitocondriale sono stati analizzati 8 individui con tecnologie NGS e sono riferibili alla US 28 (4 individui) e alla US 23 (4 individui).

Si è inoltre provveduto al campionamento e all'analisi molecolare della popolazione moderna di Roccapelago (14 individui), per studiarne la variabilità genetica e confrontarla con quella dell'antica comunità. Con la finalità di selezionare tra gli attuali abitanti di Roccapelago quelli che plausibilmente rappresentano più fedelmente i discendenti dell'antica comunità, sono state valutate le frequenze e la stabilità nel tempo dei cognomi presenti nei registri parrocchiali che indicano i ceppi famigliari che costituivano la comunità stessa. Nello specifico sono stati studiati i singoli trend famigliari sui libri dei morti

¹² Una libreria è, generalmente, una collezione completa di acidi nucleici rappresentativi del genoma di un intero organismo o di parte di esso. Attraverso una libreria genomica è possibile preservare il genoma o la frazione di interesse per svariate finalità.

¹³ KNAPP *et al.* 2012.

¹⁴ BIVIANO *et al.* 2016, pp. 217-224.

¹⁵ BIVIANO *et al.* 2016, p. 211.

¹⁶ TRAVERSARI *et al.* 2016, pp. 217-224.

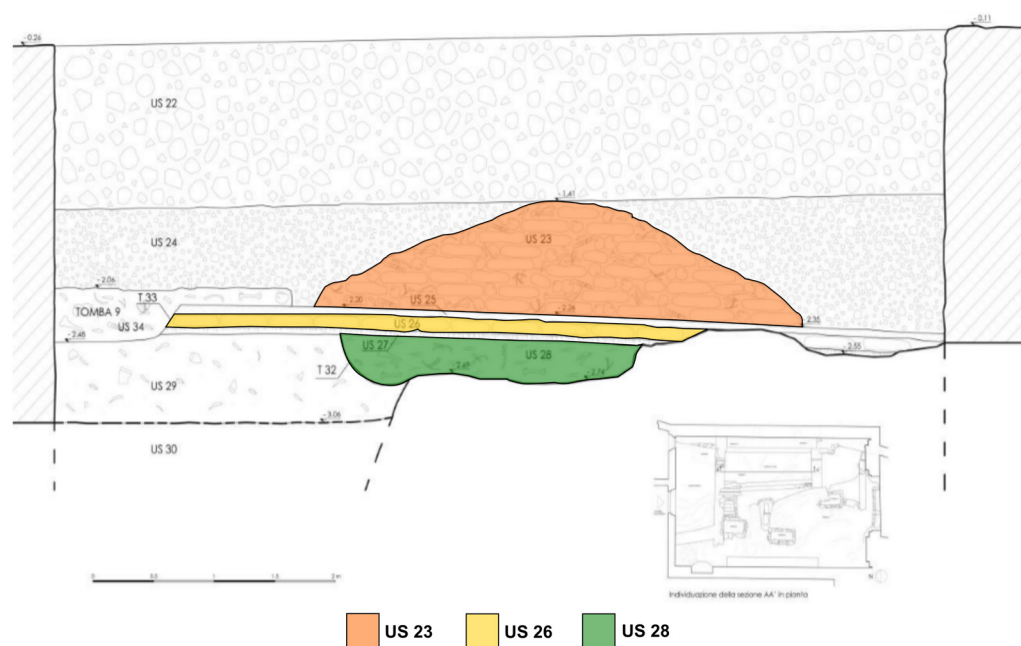


Fig. 1 Chiesa della Conversione di San Paolo, loc. Roccapelago - Comune di Pievepelago (MO). Campagna di scavo archeologico 2011 - rilievo piano-altimetrico dello scavo (Area D, scala 1:20). Arch. Alessandra Alvisi. Modificata.

e dei nati, per meglio evidenziare la continuità o le estinzioni delle linee cognominali. Ciò ha consentito di individuare un gruppo di famiglie, stabilmente presenti nel territorio fin dalla fine del XVI secolo e attualmente ancora rappresentate e che potrebbero perciò essere ritenute “fondative” della comunità di Roccapelago¹⁷, dai cui membri sono stati effettuati i prelievi di cellule della mucosa buccale (Fig. 1).

Ai fini del campionamento per le analisi genetiche dei reperti antichi si è provveduto al prelievo degli elementi scheletrici che garantiscono una miglior conservazione del materiale genetico e una maggior protezione dai rischi di contaminazione da DNA esogeno, quali i denti e la roccia petrosa dell’osso temporale¹⁸. Durante tutte le

fasi di lavoro sui reperti scheletrici destinati all’analisi del DNA antico sono state seguite le linee guida introdotte allo scopo di minimizzare le possibilità di contaminazione da DNA esogeno¹⁹. Allo scopo di massimizzare la resa dei protocolli di estrazione del DNA, partendo da lavori presenti in letteratura²⁰, è stata ottimizzata una pipeline *ad hoc* di estrazione basata su colonne di silice. Il metodo è stato quindi impiegato, in parallelo con quello tradizionale basato sul fenolo cloroformio²¹, per l’estrazione del DNA dai campioni di Roccapelago e la loro efficacia è stata valutata tramite quantificazione del DNA mediante l’utilizzo di strumentazioni quali il fluorimetro Qubit® 2.0 (kit dsDNA High Sensitivity - Invitrogen™ Life Technologies) e la PCR

¹⁷ Cfr. nota 5.

¹⁸ ADLER *et al.* 2011, p. 956; HIGGINS, AUSTIN 2013; HIGGINS *et al.* 2013, pp. 1-2; PILLI *et al.* 2013, p. 5; GAMBA *et al.* 2014, pp. 2-3; PINHASI *et al.* 2015.

¹⁹ COOPER, POINAR 2000, p. 1139; M. KNAPP *et al.* 2015, p. 4.

²⁰ ROHLAND *et al.* 2007; DABNEY *et al.* 2013.

²¹ SHAPIRO *et al.* 2004, p. 1 (materiali supplementari); CARAMELLI 2009, p. 186.

Real-Time 7500 (Applied BioSystems) abbinata al kit Quantifiler® Trio (Invitrogen™ Life Technologies)²².

Per quanto riguarda lo studio del DNA mitocondriale, è stata amplificata la prima regione ipervariabile (*hypervariable region 1 - HVRI*) tramite l'impiego di tre coppie di primer²³. I frammenti amplificati sono stati analizzati mediante sequenziamento massivo su piattaforma Ion Torrent PGM (Life Technologies).

Per lo studio del cromosoma Y in un primo momento è stato impiegato il kit AmpFLSTR® Yfiler® PCR Amplification (Life Technologies), mentre in seguito si è passati al kit PowerPlex® Y23 System (Promega), più sensibile e adatto allo studio del DNA antico, il quale permette di analizzare simultaneamente 23 microsatelliti del cromosoma Y.

Sono stati inoltre campionati tutti i ricercatori - archeologi, antropologi e genetisti - che hanno preso parte allo studio (N=13), al fine di monitorare la presenza di eventuali contaminazioni da DNA moderno.

I campioni degli abitanti attuali di Roccapelago e dei ricercatori coinvolti nello studio sono stati tipizzati sia per la regione HVR1 del DNA mitocondriale²⁴ che attraverso il kit PowerPlex® Y23 System (Promega).

I risultati ottenuti sono stati confrontati con dei database creati appositamente per questo studio, costituiti da sequenze mitocondriali e microsatelliti (*short tandem repeats - STR*) del cromosoma Y scaricati dalle banche dati genetiche, al fine di analizzarli nel contesto della variabilità genetica della penisola italiana.

Risultati e conclusioni

Sono molteplici gli studi presenti in letteratura, svolti attraverso l'analisi del DNA mitocondriale e del cromosoma Y, che hanno dimostrato l'utilità di questo approccio in casi d'interesse archeologico o forense²⁵. In quest'ottica, nel presente lavoro sono state applicate le più aggiornate metodiche di analisi del DNA antico, sia nella fase di preparazione dei campioni e di estrazione del materiale genetico, sia nella fase di amplificazione e sequenziamento del DNA. Il progetto ha permesso innanzitutto di ottimizzare il workflow di estrazione del DNA tramite l'utilizzo di colonnine di silice che ha fornito una resa migliore, in termini di quantità e qualità di DNA estratto, rispetto al protocollo tradizionale basato sul metodo del fenolo cloroformio.

I campioni delle mummie di Roccapelago hanno mostrato un'ottima conservazione del materiale genetico antico, attribuibile, da un lato, certamente, all'epoca recente a cui risalgono i reperti e alle favorevoli condizioni microclimatiche del sito di inumazione ma, dall'altro, anche alla efficienza della metodica di estrazione specificamente messa a punto per questi campioni. Grazie alla rigorosa aderenza agli standard di ricerca volti a controllare la contaminazione da DNA esogeno, nonché al robusto design di campionamento, è stato possibile ottenere risultati verosimilmente autentici. Dal confronto dei dati genetici ottenuti dai campioni antichi con quelli dei ricercatori coinvolti nelle ricerche, si sono potute escludere contaminazioni da parte

²² HOLT *et al.* 2016.

²³ CARAMELLI *et al.* 2003.

²⁴ VIGILANT *et al.* 1989, p. 9351.

²⁵ COBLE *et al.* 2009; JURAS *et al.* 2014; VAI *et al.* 2015; DEGUILLOUX *et al.* 2014.

del DNA degli operatori coinvolti nelle varie fasi dell'indagine.

Dall'analisi dei dati ottenuti e validati è stato possibile assegnare un aplogruppo a ciascun individuo e, in seguito, calcolare le relative distanze genetiche fra la comunità di Roccapelago e le altre popolazioni inserite nel dataset di confronto, costituito da popolazioni del Nord e Centro Italia²⁶. È opportuno segnalare che per quanto riguarda il DNA mitocondriale, l'assegnazione degli aplogruppi, inferita con la sola regione HVRI, presenta limiti molto consistenti, legati principalmente alla bassa risoluzione ottenuta²⁷. Pertanto si è provveduto a convalidare l'attribuzione dell'aplogruppo con le posizioni caratterizzanti situate nella regione codificante del DNA mitocondriale. La ricerca dell'aplogruppo mitocondriale è stata effettuata tramite il software Haplogrep²⁸ e controllata manualmente con PhyloTree (built 16). Per quanto riguarda il cromosoma Y, invece, i dati riguardanti gli aplogruppi sono stati analizzati tramite database interni e tramite il tool Y-DNA haplogroup predictor (NevGen).

Le analisi delle distanze genetiche hanno evidenziato, sia per la parte matrilineare che per quella patrilineare, un isolamento della comunità di Roccapelago rispetto alle popolazioni italiane di confronto. Per quanto riguarda il cromosoma Y, all'interno della comunità di Roccapelago non si rileva uno scostamento tra la variabilità del passato e quella odierna, delineando un quadro di sostanziale stabilità e continuità genetica nell'arco cronologico indagato. Inoltre, dallo studio

degli aplotipi del cromosoma Y degli inumati e degli individui viventi, incrociati con i dati dell'archivio parrocchiale, sono state identificate linee parentali maschili che congiungono alcuni individui della comunità del passato con quelli della comunità attuale ed è stata evidenziata una maggiore affinità genetica fra la comunità di Roccapelago e le popolazioni limitrofe toscane, rispetto a quelle emiliane.

Lo studio del DNA mitocondriale, invece, ha rivelato un'apprezzabile distanza genetica tra la comunità antica e quella attuale. Quest'ultima, in particolare, mostra una certa vicinanza rispetto alle popolazioni del versante toscano, specialmente di Siena e Grosseto, a testimonianza di un flusso genetico, nel tempo, tra queste aree e Roccapelago. Sebbene risultino evidenti le differenze tra popolazione antica, isolata geneticamente, e quella moderna segnata da scambi genetici con le popolazioni del versante toscano, il numero di campioni antichi al momento tipizzati non consente di apprezzare la portata nel tempo di questo fenomeno. Inoltre, la mancanza nelle banche dati del DNA delle popolazioni della zona ferrarese non permette al momento di verificare la presenza di un flusso genico da o verso quest'area.

I dati ottenuti dall'analisi genetica sono stati poi correlati con i dati antropologici e di archivio. L'analisi diacronica dei caratteri epigenetici²⁹ condotta sugli inumati provenienti dalle diverse UUSS della cripta, rivela interessanti analogie con quanto evidenziato dal tasso di endogamia e dai coefficienti di consanguineità, calcolati a

²⁶ Dati non pubblicati del Laboratorio di Antropologia Molecolare del Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali dell'Università di Bologna; TURCHI *et al.* 2008; FERRI *et al.* 2009; BRISIGHELLI *et al.* 2012a; BRISIGHELLI *et al.* 2012b; BOATTINI *et al.* 2013.

²⁷ KEFI *et al.* 2016, p. 6.

²⁸ WEISSENSTEINER *et al.* 2016.

²⁹ Tratti anatomici dello scheletro che ammettono una base ereditaria.

partire dai dati desunti dal registro dei matrimoni dell'archivio parrocchiale. Si rileva infatti, nel corso del tempo, da un lato, una significativa diminuzione delle frequenze dei caratteri epigenetici la cui percentuale media, nel caso di quelli del cranio, i più rappresentati e significativi, passa dal 31% (dx) e 29% (sx) negli inumati dell'US 26 (databile alla fine del XVII secolo) al 17% (dx) e 16% (sx) negli inumati dell'US 23 (databile al XVIII secolo), dall'altro lato una parallela riduzione diacronica del tasso di endogamia e del coefficiente di consanguineità (che passano rispettivamente dal 76% e da 0,00146 al 44% e a 0,00136 nei medesimi periodi). Questi dati evidenziano chiaramente una diminuzione nel tempo degli incroci interni alla comunità in seguito all'aumento dei matrimoni esogamici conseguenti ad una crescente apertura dei confini territoriali³⁰.

L'analisi dei registri parrocchiali ha inoltre permesso di identificare le principali direttrici e linee di comunicazione che servivano Roccapelago e l'Alto Frignano. Le registrazioni degli abitanti morti fuor di patria, le distanze matrimoniali e soprattutto i luoghi di provenienza dei coniugi, evidenziano due chiari corridoi che procedevano alla volta dell'alta Lucchesia, della Maremma e del Grossetano da una parte, verso l'Emilia, il Bolognese, il Ferrarese e il basso Veneto dall'altra.

I flussi umani rilevati possono essere ricondotti alle attività e agli eventi delle comunità storicamente noti, *in primis* la direzione delle linee di transumanza verso le aree di Grosseto e Siena, le quali possono essere verosimilmente state una via privilegiata anche per gli scambi genetici. Con il proseguimento delle analisi e con l'au-

mento dei campioni analizzati, si auspica di poter definire in maniera più dettagliata la storia genetica di questa comunità.

Bibliografia

ADLER C., HAAK W., DONLON D., COOPER A. 2011, *Survival and recovery of DNA from ancient teeth and bones*, «Journal of Archaeological Science», XXXVIII, pp. 956-964.

BIVIANO G., TRAVERSARI M., GRUPPIONI G., FRELAT M.A. 2016, *Analisi antropologiche e paleopatologiche sulle sepolture più antiche della cripta*, in BADIALI F. (a cura di), *Roccapelago e le sue mummie: studio integrato della vita di una piccola comunità dell'Appennino tra XVI e XVIII secolo*, Atti dei convegni (Roccapelago, 24 settembre 2011 e 22 settembre 2012), Accademia "Lo Scoltenna", Pievepelago, pp. 211-216.

BOATTINI A., MARTINEZ-CRUZ B., SARNO S., HARMANT C., USELI A., SANZ P., YANG-YAO D., MANRY J., CIANI G., LUISELLI D., QUINTANA-MURCI L., COMAS D., PETTENER D., GENOGRAPHIC CONSORTIUM 2013, *Uniparental markers in Italy reveal a sex-biased genetic structure and different historical strata*, «PLoS One», VIII, e65441.

BRISIGHELLI F., ÁLVAREZ-IGLESIAS V., FONDEVILA M., BLANCO-VEREA A., CARRACEDO A., PASCALI V., CAPELLI C., SALAS A. 2012a, *Uniparental markers of contemporary Italian population reveals details on its pre-Roman heritage*, «PLoS One», VII, :e50794.

BRISIGHELLI F., BLANCO-VEREA A., BOSCHI I., GARAGNANI P., PASCALI V., CARRACEDO A., CAPELLI C., SALAS A. 2012b, *Patterns of Y-STR variation in Italy*, «Forensic Science International: Genetics», VI, pp. 834-839.

CARAMELLI D. 2009, *Antropologia Molecolare, Manuale di base*, Firenze, Firenze University Press.

CARAMELLI D., LALUEZA-FOX C., VERNESI C., LARI M., CASOLI A., MALLEGGNI F., CHIARELLI B., DUPANLOUP I., BERTRANPETIT J., BARBUJANI G., BERTORELLE G. 2003, *Evidence for a genetic discontinuity between Neandertals and 24,000-year-old anatomically modern Europeans*, «Pnas», C, pp. 6593-6597.

³⁰ Cfr. nota 5.

- COBLE M.D., LOREILLE O.M., WADHAMS M.J., EDSON S.E., MAYNARD K., MEYER C.E., NIEDERSTÄTTER H. *et al.* 2009, *Mystery Solved: The Identification of the Two Missing Romanov Children Using DNA Analysis*, «PloS One», IV, pp. 1-9.
- COOPER A., POINAR H.N. 2000, *Ancient DNA: Do It Right or Not at All*, «Science», CCLXXXIX, p. 1139.
- DABNEY J., KNAPP M., GLOCKE I., GANSAUGE M.-T., WEIHMANN A., NICKEL B., VALDIOSERA C., GARCÍA N., PÄÄBO S., ARSUAGA J.-L., MEYER M. 2013, *Complete mitochondrial genome sequence of a Middle Pleistocene cave bear reconstructed from ultrashort DNA fragments*, «Pnas», CX, pp. 15758-15763.
- DABNEY J., MEYER M., PÄÄBO S. 20013, *Ancient DNA Damage*, «Cold Spring Harbor Perspectives in Biology», V, pp. 1-7.
- DEGUILLOUX M.-F., PEMONGE M.H., MENDISCO F., THIBON D., CARTRON I., CASTEX D. 2014, *Ancient DNA and Kinship Analysis of Human Remains Deposited in Merovingian Necropolis Sarcophagi (Jau Dignac et Loirac, France, 7th–8th Century AD)*, «Journal of Archaeological Science», XLI, pp. 399-405.
- FERRI G., ALÙ M., CORRADINI B., RADHESHI E., BEDUSCHI G. 2009, *Slow and fast evolving markers typing in Modena males (North Italy)*, «Forensic Science International: Genetics», III, pp. 31-33.
- GAMBA C., JONES E.R., TEASDALE M.D., MCLAUGHLIN R.L., GONZALEZ-FORTES G., MATTIANGELI V., DOMBORÓCZKI L. *et al.* 2014, *Genome Flux and Stasis in a Five Millennium Transect of European Prehistory*, «Nature Communications», V, pp. 1-9.
- GRUPPIONI G., LABATE D., MERCURI L., MILANI V., TRAVERSARI M., VERNIA B. 2011, *Gli scavi della Chiesa di San Paolo di Roccapelago nell'Appennino modenese. La cripta con i corpi mummificati naturalmente*, «Pagani e Cristiani. Forme e attestazioni di religiosità del mondo antico in Emilia», X, pp. 219-245.
- HAGELBERG E., HOFREITER M., KEYSER C. 2015, *Introduction. Ancient DNA: The First Three Decades*, «Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences», CCCLXX, pp. 1-6.
- HIGGINS D., AUSTIN J. 2013, *Teeth as a source of DNA for forensic identification of human remains*, «Science & Justice», LIII, pp. 433-441.
- HIGGINS D., KAIDONIS J., TOWNSEND G., HUGHES T., AUSTIN J.J. 2013, *Targeted sampling of cementum for recovery of nuclear DNA from human teeth and the impact of common decontamination measures*, «Investigate Genetics», IV, pp. 1-8.
- HIGUCHI R., BOWMAN B., FREIBERGER M., RYDER O.A., WILSON A.C. 1984, *DNA Sequences from the Quagga, an Extinct Member of the Horse Family*, «Nature», CCCXII, 1984, pp. 282-284.
- HOLT A., CHAO WOOTTON S., MULERO J.J., BRZOSKA P.M., LANGIT E., GREEN R.L. 2016, *Developmental Validation of the Quantifiler? HP and Trio Kits for Human DNA Quantification in Forensic Samples*, «Forensic Science International: Genetics», XXI, pp. 145-157.
- JURAS A., DABERT M., KUSHNIAREVICH A., MALMSTRÖM H., RAGHAVAN M., KOSICKI J.Z., METSPALU E., WILLERSLEV E., PIONTEK J. 2014, *Ancient DNA Reveals Matrilineal Continuity in Present-Day Poland over the Last Two Millennia*, «PloS One», IX, pp. 1-9.
- KNAPP M., CLARKE A.C., HORSBURGH K.A., MATISOO-SMITH E.A. 2012, *Setting the Stage - Building and Working in an Ancient DNA Laboratory*, «Annals of Anatomy - Anatomischer Anzeiger», CXCIV, pp. 3-6.
- KNAPP M., LALUEZA-FOX C., HOFREITER M. 2015, *Re-Inventing Ancient Human DNA*, «Investigative Genetics», VI, pp. 1-11.
- KEFI R., HECHMI M., NAOUALI C., JMEL H., HSOUNA S., BOUZAIID E., ABDELHAK S., BERAUD-COLOMB E., STEVANOVITCH A. 2016, *On the Origin of Iberomaurusians: New Data Based on Ancient Mitochondrial DNA and Phylogenetic Analysis of Afalou and Taforalt Populations*, «Mitochondrial DNA Part A», pp. 1-11.
- MOROZOVA I., FLEGONTOV P., MIKHEYEV A.S., BRUSKIN S., ASGHARIAN H., PONOMARENKO P., KLYUCHNIKOV V. *et al.* 2016, *Toward High-Resolution Population Genomics Using Archaeological Samples*, «DNA Research», XXIII, pp. 295-310.
- NIELSEN R., AKEY J.M., JAKOBSSON M., PRITCHARD J.K., TISHKOFF S., WILLERSLEV E. 2017, *Tracing the peopling of the world through genomics*, «Nature», DXLI, pp. 302-310.
- PARDUCCI L., BENNETT K.D. 2017, *The Real Significance of Ancient DNA*, «American Journal of Botany», pp. 1-3.

PILLI E., MODI A., SERPICO C., ACHILLI A., LANCIANI H., LIPPI B., BERTOLDI F., GELICHI S., LARI M., CARMELLI D. 2013, *Monitoring DNA Contamination in Handled vs. Directly Excavated Ancient Human Skeletal Remains*, «Plos One», VIII, pp. 1-6.

PINHASI R., FERNANDES D., SIRAK K., NOVAK M., CONNELL S., ALPASLAN-ROODENBERG S., GERRITSEN F. 2015, *Optimal Ancient DNA Yields from the Inner Ear Part of the Human Petrous Bone*, «PloS One», 10 (6), e0129102.

ROHLAND N., HOFREITER M. 2007, *Comparison and Optimization of Ancient DNA Extraction*, «BioTechniques», XLII, pp. 343-352.

SHAPIRO B., DRUMMOND A.J., RAMBAUT A., WILSON M.C., MATHEUS P.E., SHER A.V., PYBUS O.G. *et al.* 2004, *Rise and Fall of the Beringian Steppe Bison*, «Science», CCCVI, pp. 1561-1565.

TRAVERSARI M., MINGHETTI C, MILANI V., GRUPPIONI G., FRELAT M.A. 2016, *Gli ultimi inumati mummificati della cripta: osservazioni antropologiche preliminari*, in BADIALI F. (a cura di) *Roccapelago e le sue mummie: studio integrato della vita di una piccola comunità dell'Appennino tra XVI e XVIII secolo*, Atti dei convegni (Roccapelago, 24 settembre 2011 e 22 settembre 2012), Accademia "Lo Scoltenna", Pievepelago, pp. 217-224.

TURCHI C., BUSCEMI L., PREVIDERÈ C., GRIGNANI P., BRANDSTÄTTER A., ACHILLI A., PARSON W., TAGLIABRACCI A., GE.F.I. GROUP 2008, *Italian mitochondrial DNA database: results of a collaborative exercise and proficiency testing*, «International Journal of Legal Medicine», CXXII, pp. 199-204.

VAI S., GHIROTTI S., PILLI E., TASSI F., LARI M., RIZZI E., MATAS-LALUEZA L. *et al.* 2015, *Genealogical Relationships between Early Medieval and Modern Inhabitants of Piedmont*, «PloS One», X, pp. 1-19.

VIGILANT L., PENNINGTON R., HARPENDING H., KOCHER T.D., WILSON A.C. 1989, *Mitochondrial DNA Sequences in Single Hairs from a Southern African Population*, «Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America», LXXXVI, pp. 9350-9354.

WEISSENSTEINER H., PACHER D., KLOSS-BRANDSTÄTTER A., FORER L., SPECHT G., BANDELT H.-J., KRONENBERG F., SALAS A., SCHÖNHERR S. 2016, *HaploGrep 2: Mitochondrial Haplogroup Classification in the Era of High-Throughput Sequencing*, «Nucleic Acids Research», XLIV, pp. 58-63.