

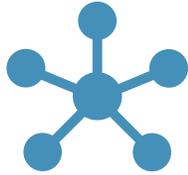


# LO STUDIO DELLA PREISTORIA CI AIUTA VERAMENTE A COMPRENDERE IL FUTURO?

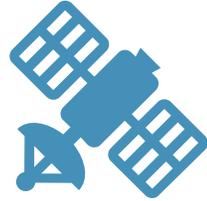
MARTA ARZARELLO

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI FERRARA, DIPARTIMENTO STUDI UMANISTICI

MARTA.ARZARELLO@UNIFE.IT



Capire l'adattamento umano



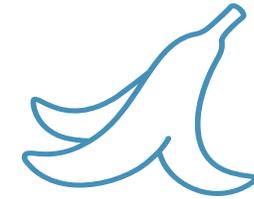
Le radici culturali



Lezioni sull'ecologia



Innovazione tecnologica e resilienza



Conoscenza del ciclo storico

La storia ci mostra come i nostri antenati si sono adattati ai cambiamenti climatici, alle epidemie e alle carestie. Studiando le strategie di sopravvivenza e innovazioni (ad esempio l'agricoltura o l'invenzione del fuoco), possiamo capire come affrontare i problemi contemporanei, come il riscaldamento globale e la scarsità delle risorse.

Le origini delle culture e delle lingue sono legate a migrazioni e scambi. Studiare la storia ci aiuta a comprendere perché certe tradizioni culturali persistono anche in epoche e contesti diversi.

Analizzando l'impatto umano sui sistemi preistorici, possiamo imparare dai successi e dagli errori del passato, come la caccia e la raccolta che portò all'estinzione di alcune specie. Ciò può aiutarci a sviluppare approcci più sostenibili per il futuro.

La capacità umana di innovare è evidente nella storia, quando i nostri antenati hanno creato strumenti e sviluppato il linguaggio. La resilienza, l'agricoltura e lo spirito d'invenzione sono ciò che ci ha permesso di affrontare le sfide del futuro.

Se il futuro non è un'incognita del passato, un modello di comportamento umano e culturale (come crisi e resilienza) possono aiutarci a comprendere il presente e di conseguenza a progettare il futuro.

CHIEDIAMOLO A CHAT GPT !

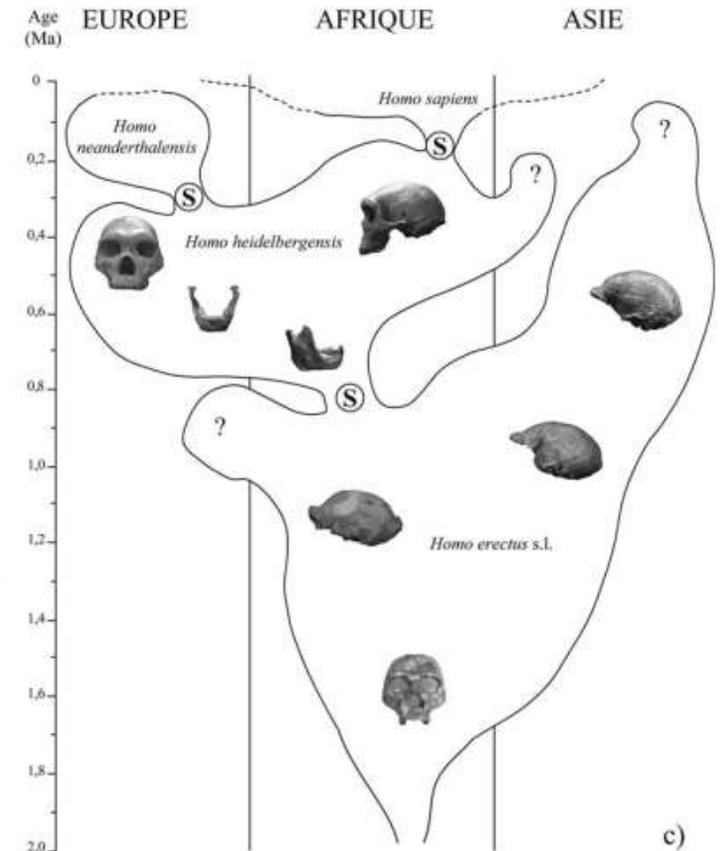
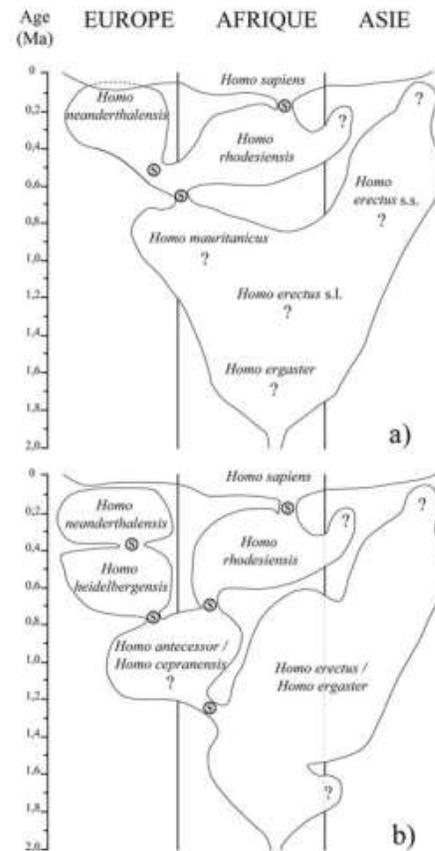
# QUALI EVIDENZE DELLA NOSTRA STORIA EVOLUTIVA CONOSCIAMO/CONSIDERIAMO POCO?

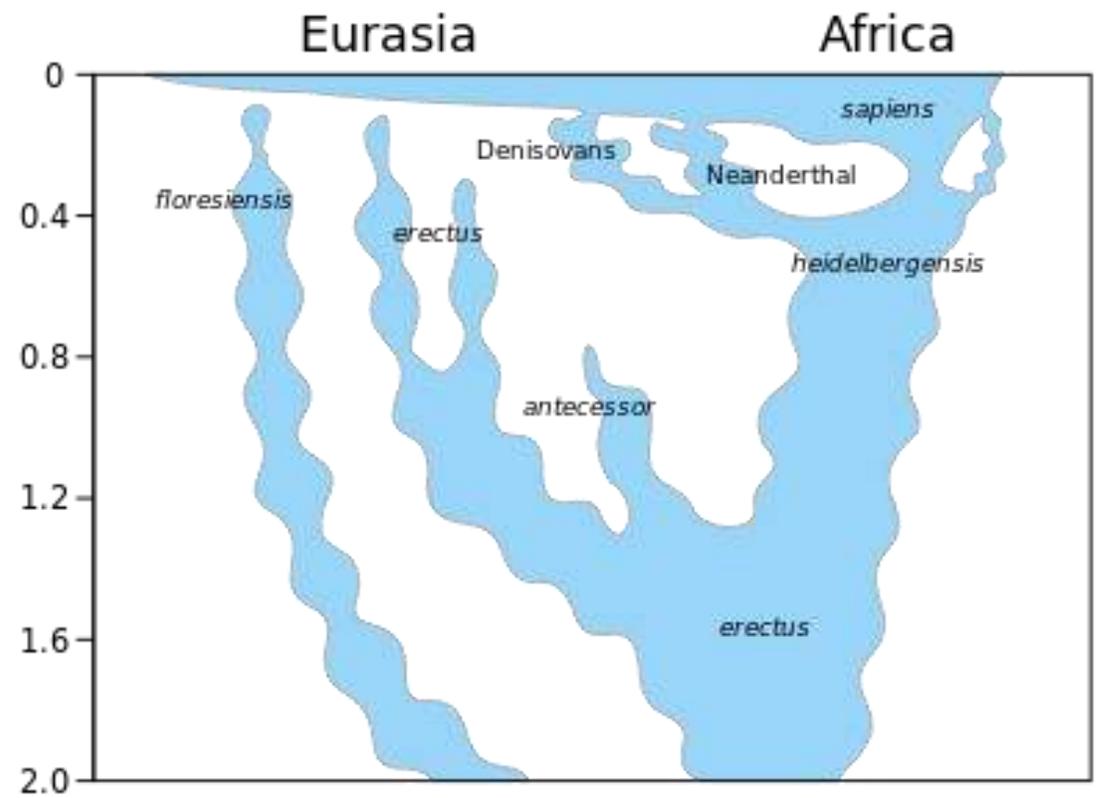
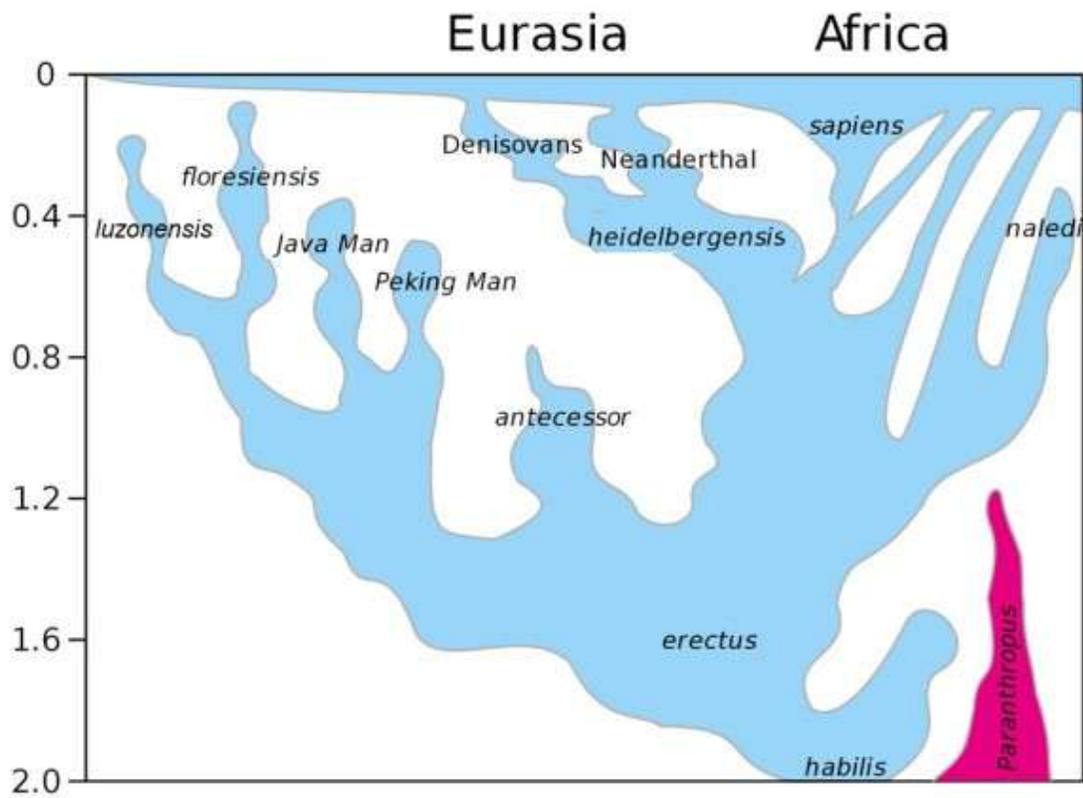
Migrazioni

Evoluzione

Adattamento

# I. MIGRAZIONI





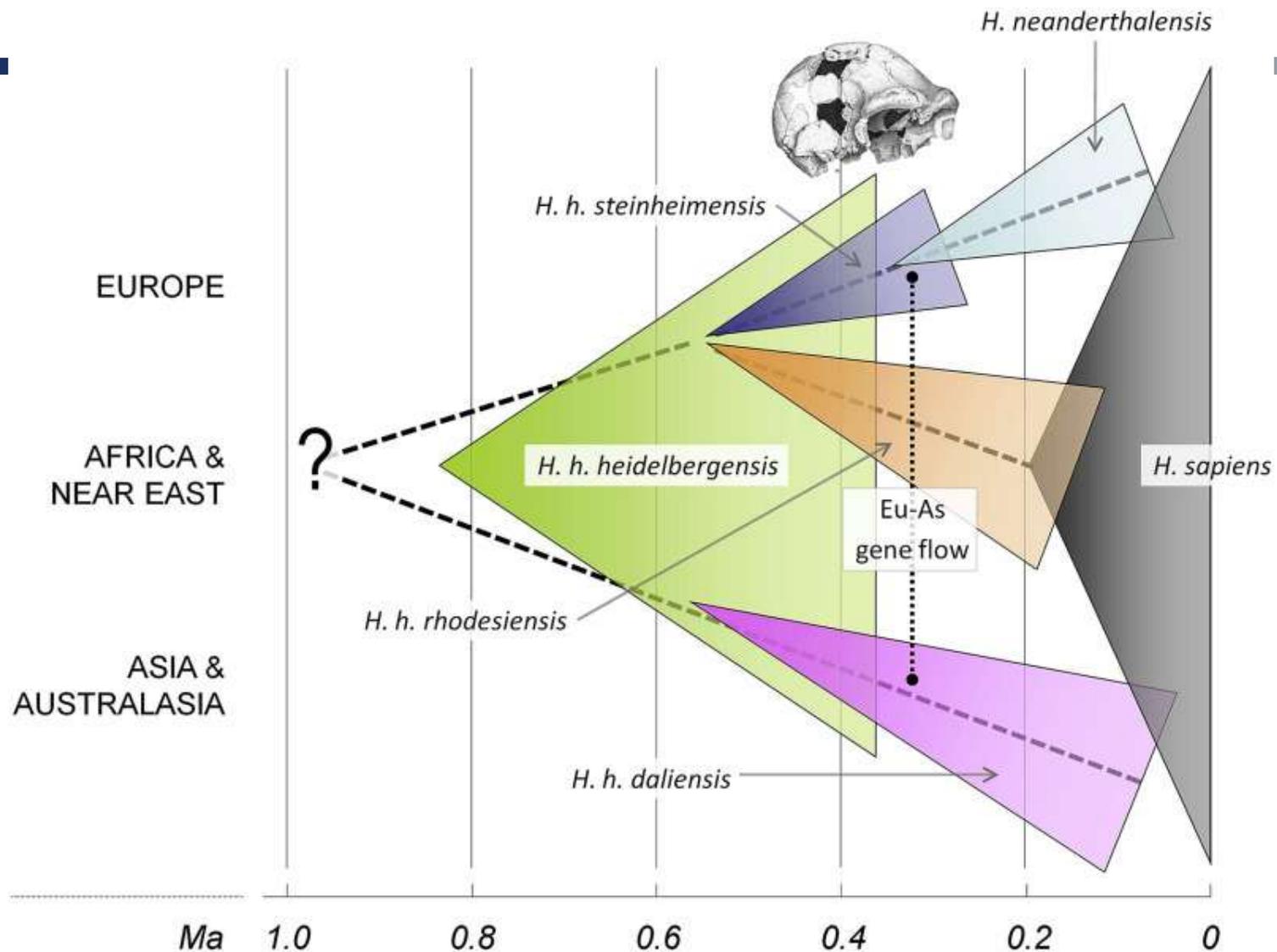


Fig. 6. *Homo heidelbergensis* and its subspecies in time and space, as suggested in this paper (see also Manzi, 2011; [Manzi and Di Vincenzo, 2012](#)); each triangle represents a subspecies, but for *Homo neanderthalensis* and *Homo sapiens*, which are assumed to have emerged by allopatric speciations; evolutionary trajectories (dashed bold lines) and possible gene flow (dotted line) between lineages are also shown. (Manzi, 2016)

Ancestors evolve into Neanderthals and first modern humans



Neanderthals die out

Researchers looked at five groups of modern humans



French



Han-Chinese



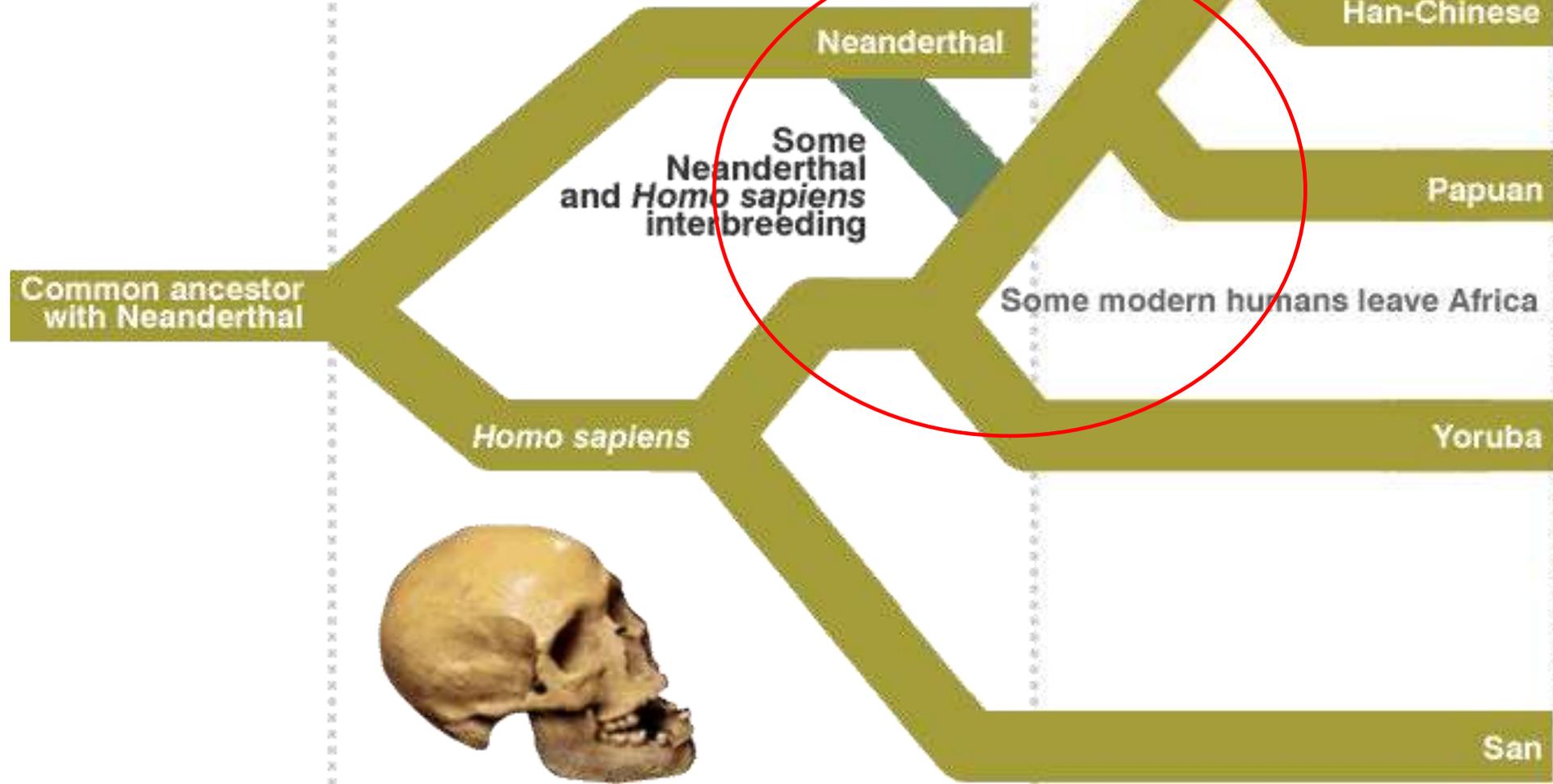
Papuan



Yoruba



San

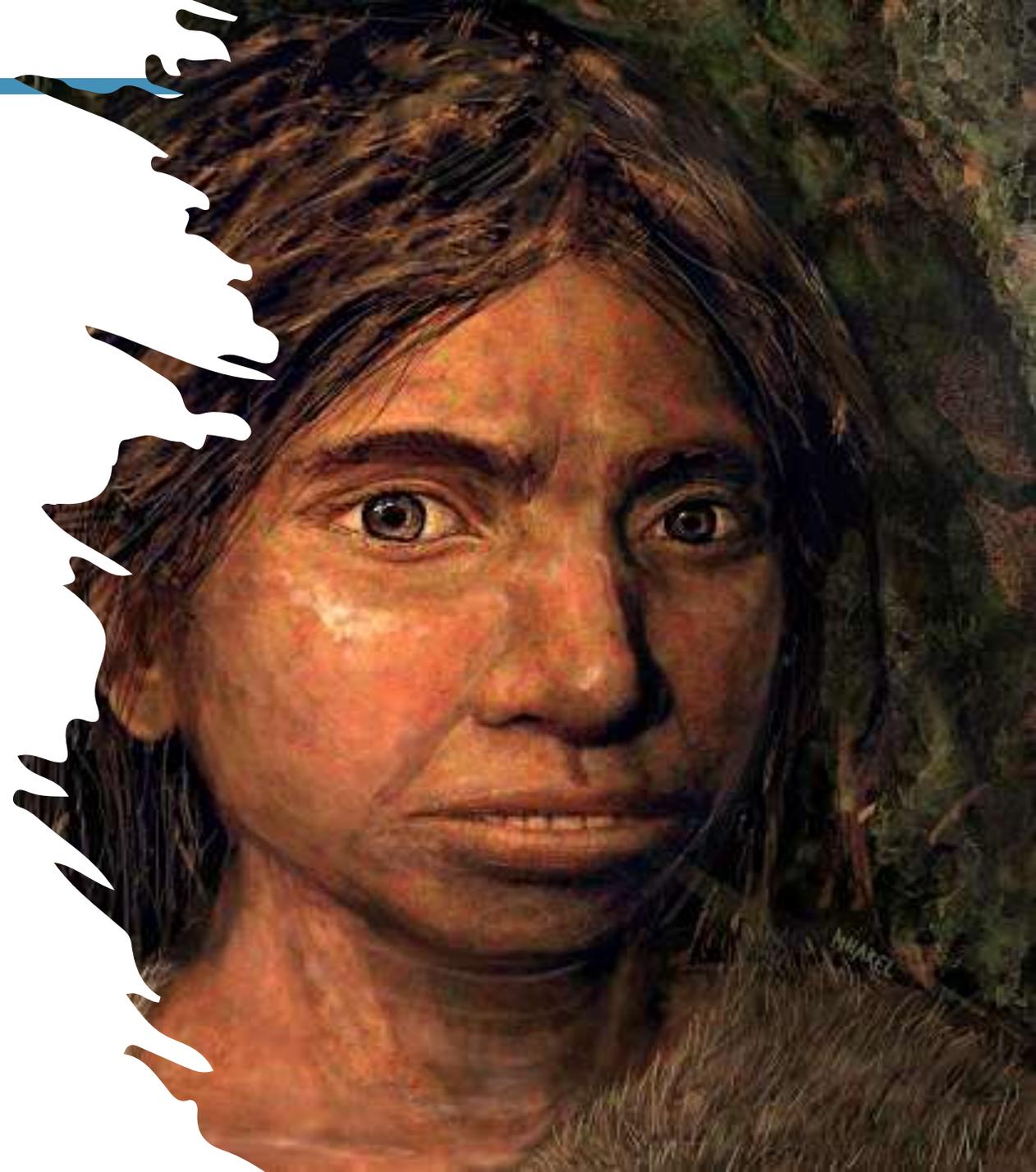


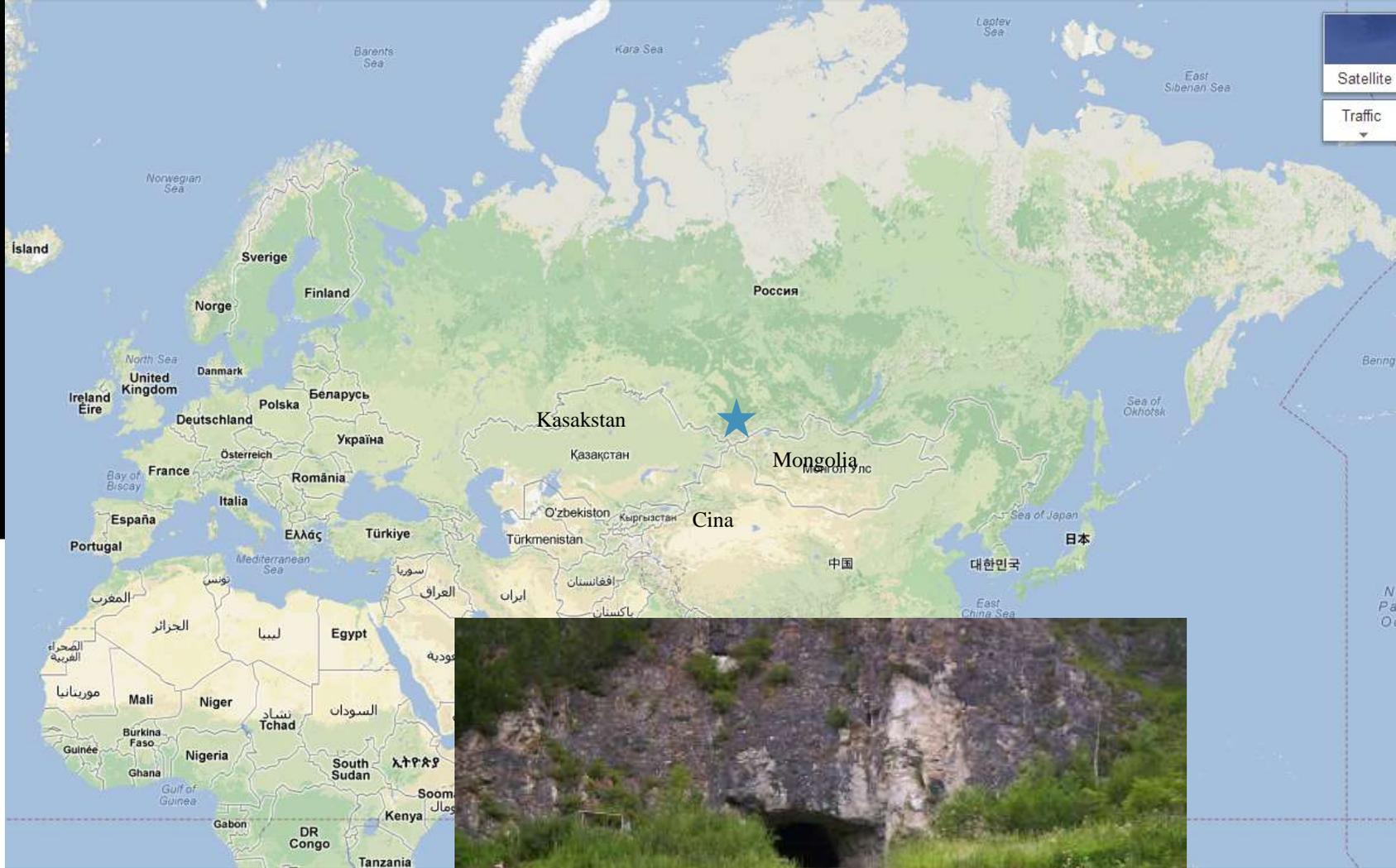
Source: Science journal

Note: Time periods not to scale

---

## **Il caso Denisova**

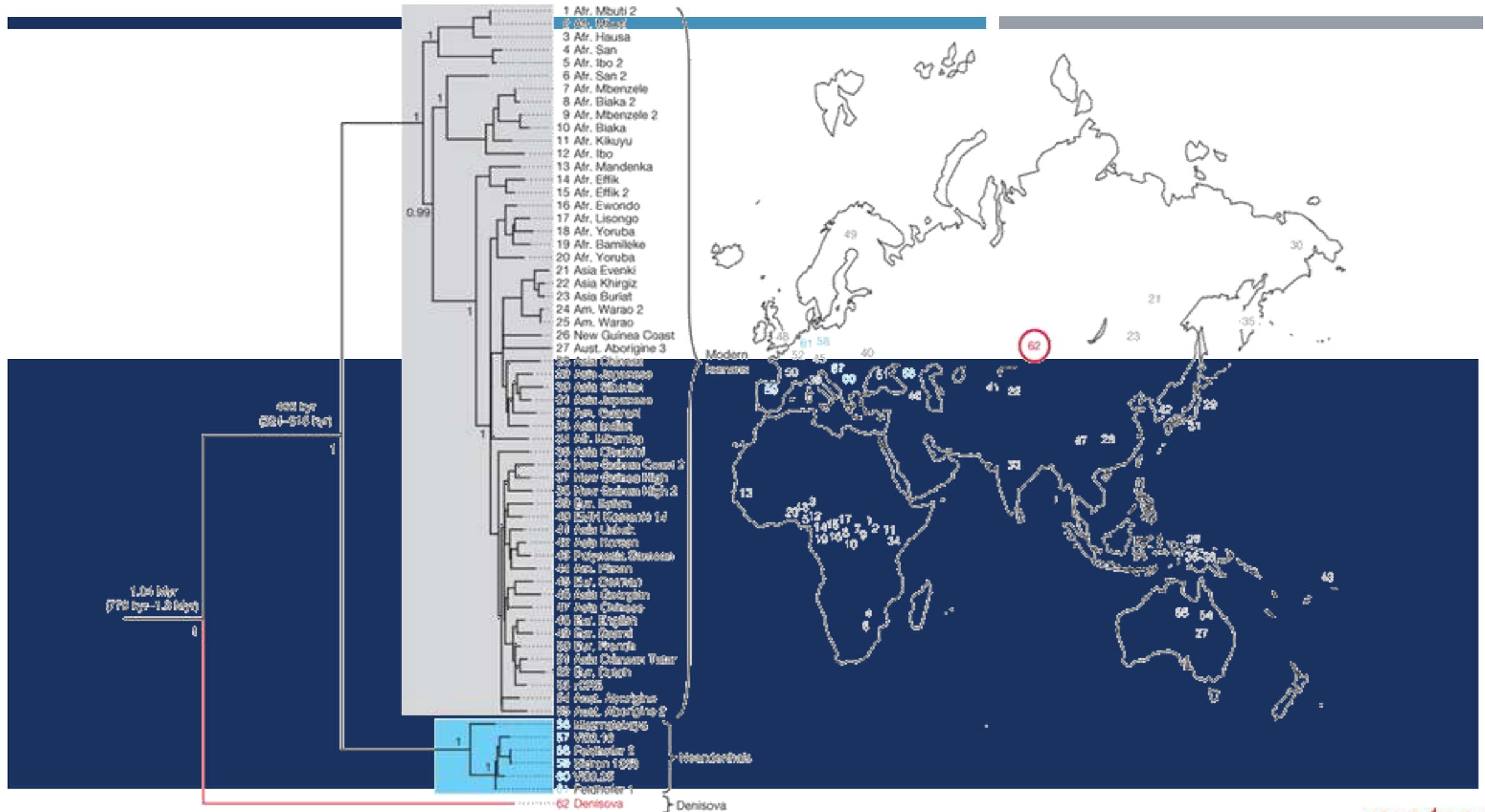




Replica of the finger bone fragment from the ancient Denisovan human who lived about 30-50 000 years ago. Scientists have obtained its complete genome. © Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology

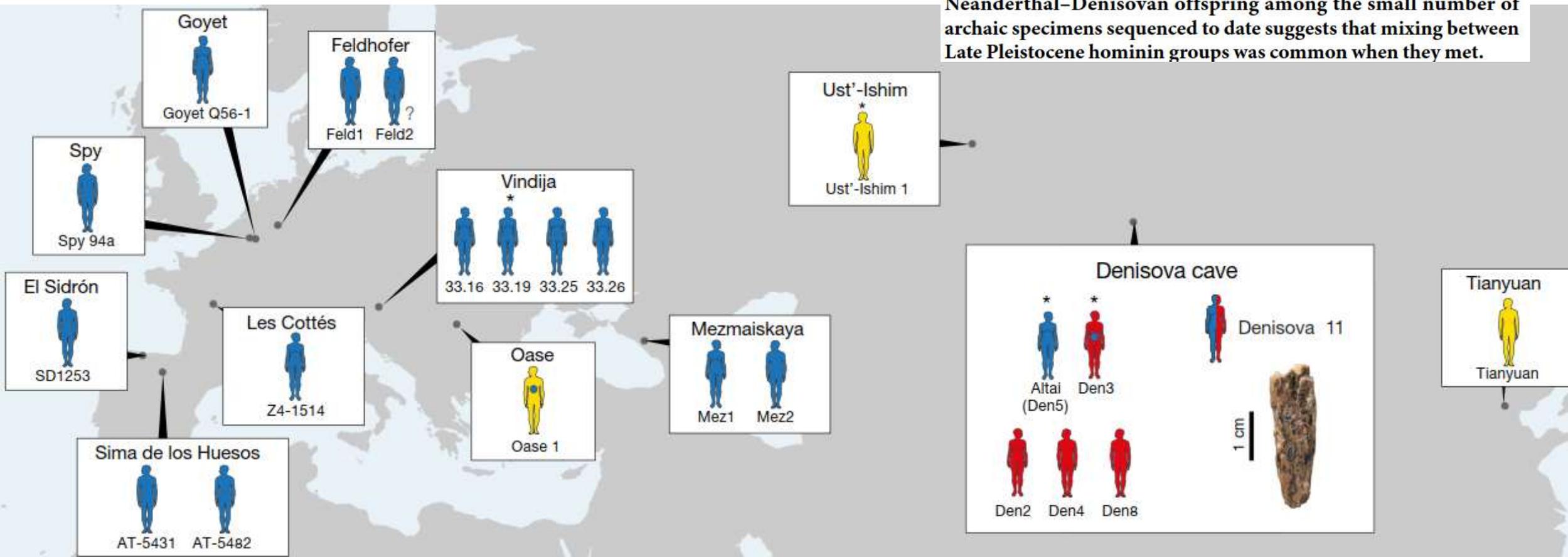


# Phylogenetic tree of complete mtDNAs.



## The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father

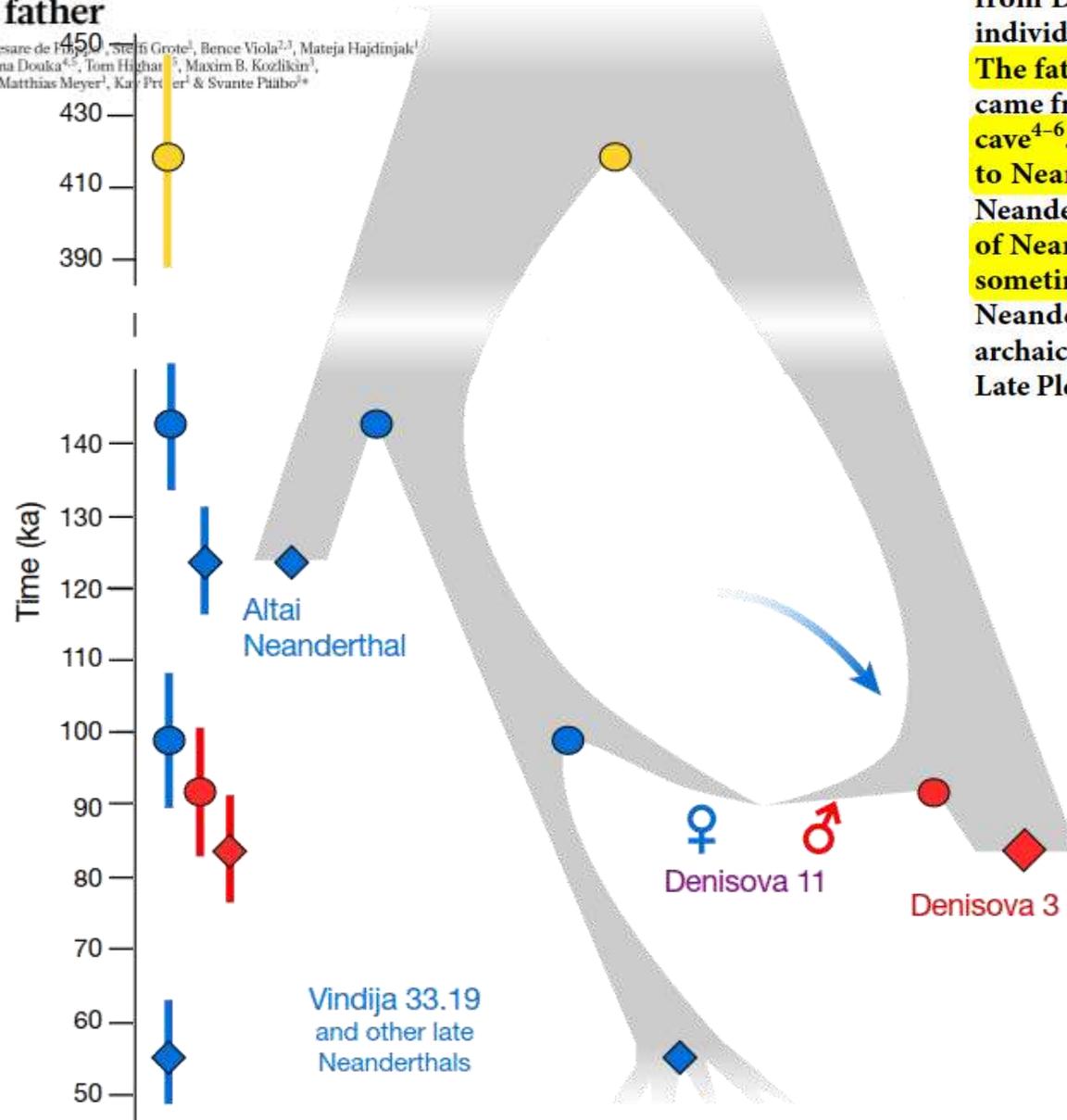
Viviane Slon<sup>1,7\*</sup>, Fabrizio Mafessoni<sup>1,7</sup>, Benjamin Vernot<sup>1,7</sup>, Cesare de Filippo<sup>1</sup>, Steffi Grote<sup>3</sup>, Bence Viola<sup>2,3</sup>, Mateja Hajdinjak<sup>1</sup>, Stéphane Peyrégne<sup>1</sup>, Sarah Nagel<sup>1</sup>, Samantha Brown<sup>4</sup>, Katerina Douka<sup>4,5</sup>, Tom Higham<sup>5</sup>, Maxim B. Kozlikin<sup>1</sup>, Michael V. Shunkov<sup>1,6</sup>, Anatoly P. Derevianko<sup>3</sup>, Janet Kelso<sup>1</sup>, Matthias Meyer<sup>1</sup>, Kay Prüfer<sup>1</sup> & Svante Pääbo<sup>2\*</sup>



Neanderthals and Denisovans are extinct groups of hominins that separated from each other more than **390,000 years ago**<sup>1,2</sup>. Here we present the genome of 'Denisova 11', a bone fragment from Denisova Cave (Russia)<sup>3</sup> and show that it comes from an individual who had a **Neanderthal mother and a Denisovan father**. **The father, whose genome bears traces of Neanderthal ancestry, came from a population related to a later Denisovan found in the cave**<sup>4-6</sup>. **The mother came from a population more closely related to Neanderthals who lived later in Europe**<sup>2,7</sup> than to an earlier Neanderthal found in Denisova Cave<sup>8</sup>, suggesting that migrations of Neanderthals between eastern and western Eurasia occurred sometime after 120,000 years ago. The finding of a first-generation Neanderthal-Denisovan offspring among the small number of archaic specimens sequenced to date suggests that mixing between Late Pleistocene hominin groups was common when they met.

## The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father

Viviane Slon<sup>1,7\*</sup>, Fabrizio Mafessoni<sup>1,7</sup>, Benjamin Vernot<sup>1,7</sup>, Cesare de Filippo<sup>2</sup>, Steffi Grote<sup>3</sup>, Bence Viola<sup>2,7</sup>, Mateja Hajdinjak<sup>1</sup>, Stéphane Peyrégne<sup>1</sup>, Sarah Nagel<sup>1</sup>, Samantha Brown<sup>4</sup>, Katerina Douka<sup>4,5</sup>, Tom Higham<sup>6</sup>, Maxim B. Kozlikin<sup>1</sup>, Michael V. Shunkov<sup>1,4</sup>, Anatoly P. Derevianko<sup>3</sup>, Janet Kelso<sup>1</sup>, Matthias Meyer<sup>1</sup>, Karsten Pillerer<sup>8</sup> & Svante Pääbo<sup>2\*</sup>

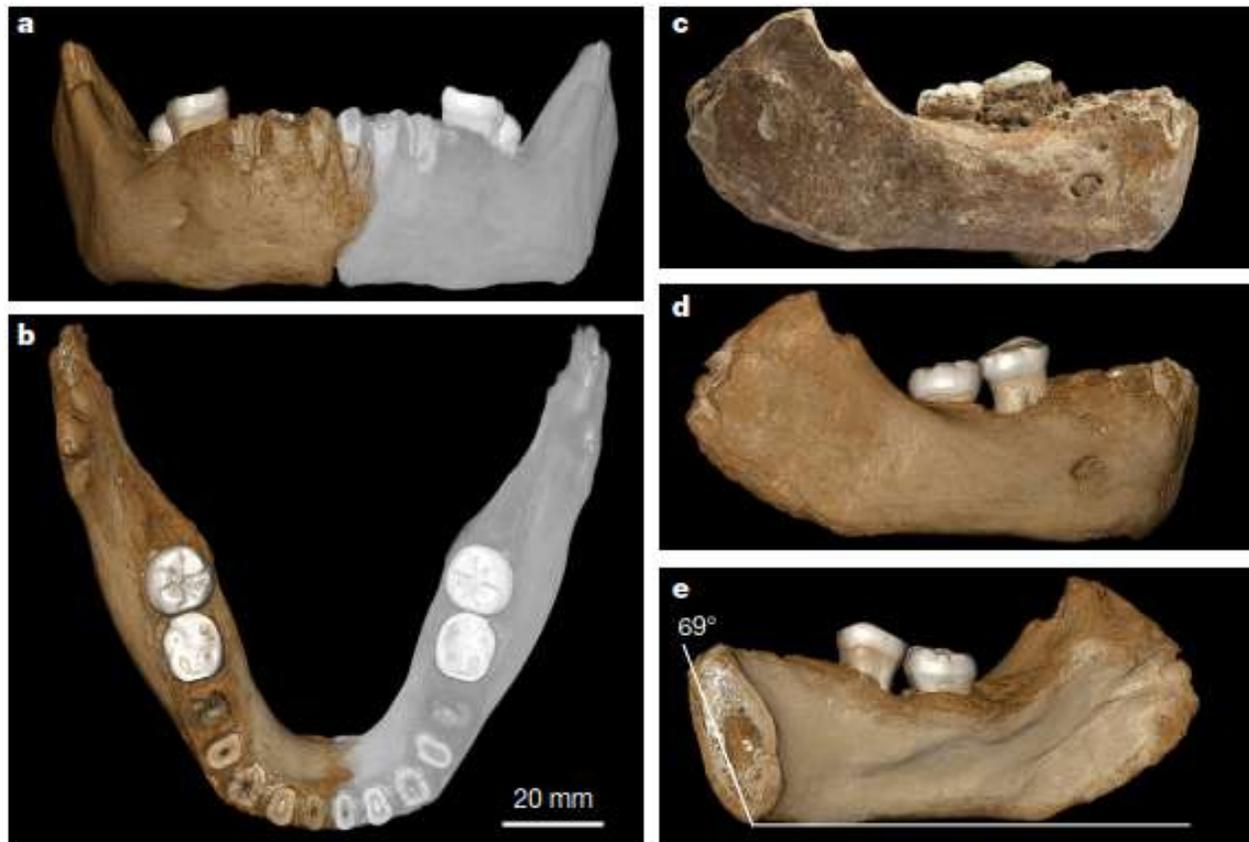
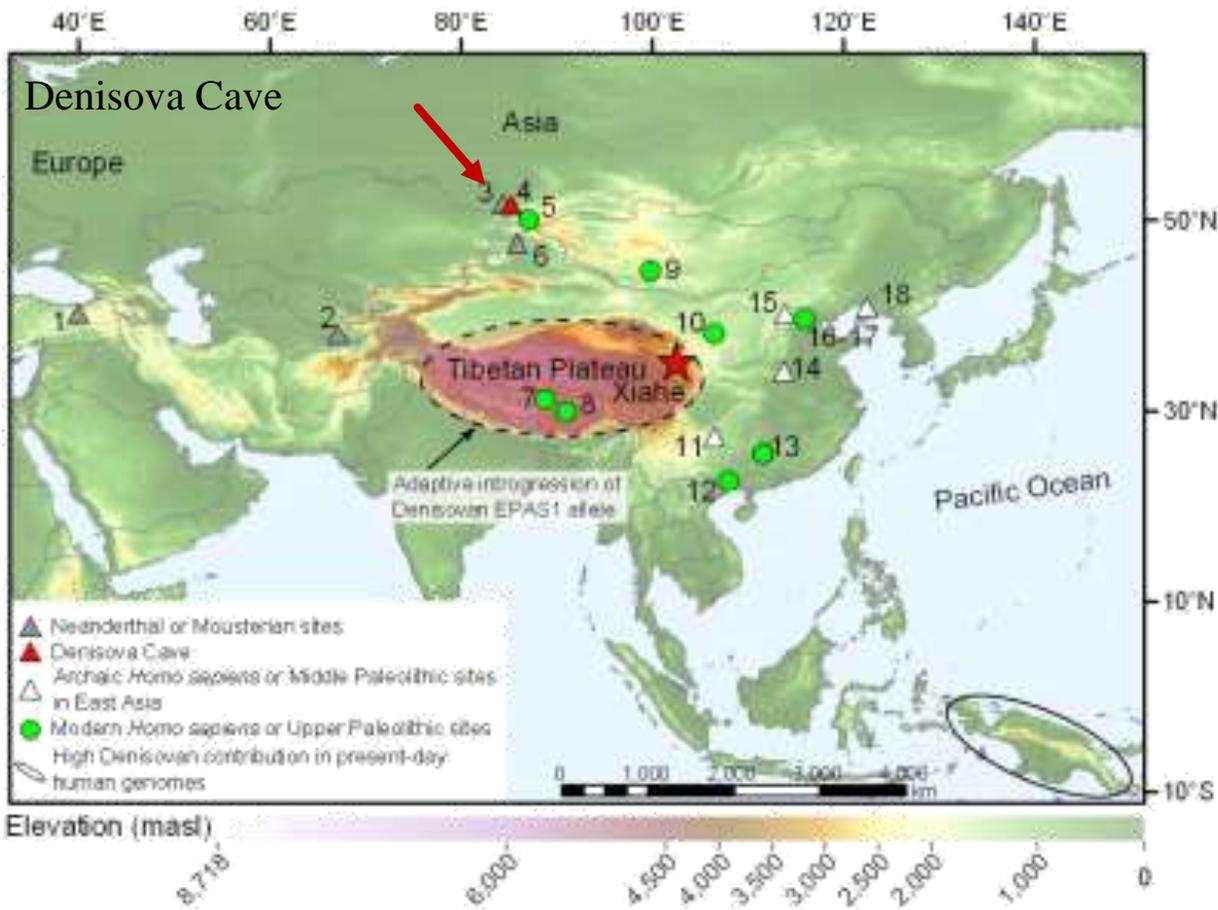


Neanderthals and Denisovans are extinct groups of hominins that separated from each other more than 390,000 years ago<sup>1,2</sup>. Here we present the genome of ‘Denisova 11’, a bone fragment from Denisova Cave (Russia)<sup>3</sup> and show that it comes from an individual who had a Neanderthal mother and a Denisovan father. The father, whose genome bears traces of Neanderthal ancestry, came from a population related to a later Denisovan found in the cave<sup>4–6</sup>. The mother came from a population more closely related to Neanderthals who lived later in Europe<sup>2,7</sup> than to an earlier Neanderthal found in Denisova Cave<sup>8</sup>, suggesting that migrations of Neanderthals between eastern and western Eurasia occurred sometime after 120,000 years ago. The finding of a first-generation Neanderthal–Denisovan offspring among the small number of archaic specimens sequenced to date suggests that mixing between Late Pleistocene hominin groups was common when they met.



# A late Middle Pleistocene Denisovan mandible from the Tibetan Plateau

Fahu Chen<sup>1,2,13\*</sup>, Frido Welker<sup>2,3,4,13</sup>, Chuan-Chou Shen<sup>5,6,15</sup>, Shara E. Bailey<sup>3,7</sup>, Inga Bergmann<sup>3</sup>, Simon Davis<sup>8</sup>, Huan Xia<sup>2</sup>, Hui Wang<sup>9,10</sup>, Roman Fischer<sup>9</sup>, Sarah E. Freidline<sup>3</sup>, Tsai-Luen Yu<sup>3,6</sup>, Matthew M. Skinner<sup>1,11</sup>, Stefanie Stelzer<sup>3,12</sup>, Guangrong Dong<sup>1</sup>, Qiaomei Fu<sup>13</sup>, Guanghui Dong<sup>2</sup>, Jian Wang<sup>1</sup>, Dongju Zhang<sup>2\*</sup> & Jean-Jacques Hublin<sup>1,14\*</sup>



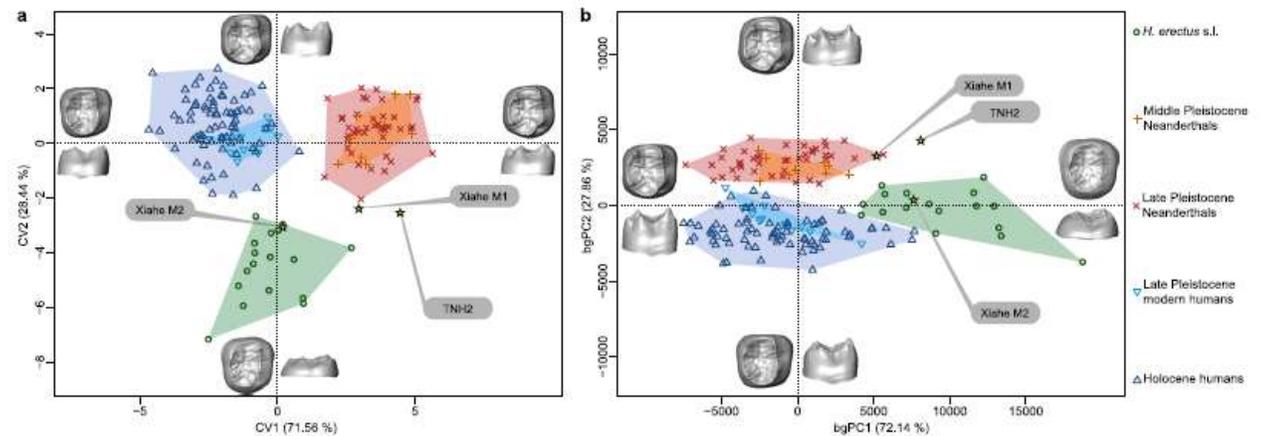
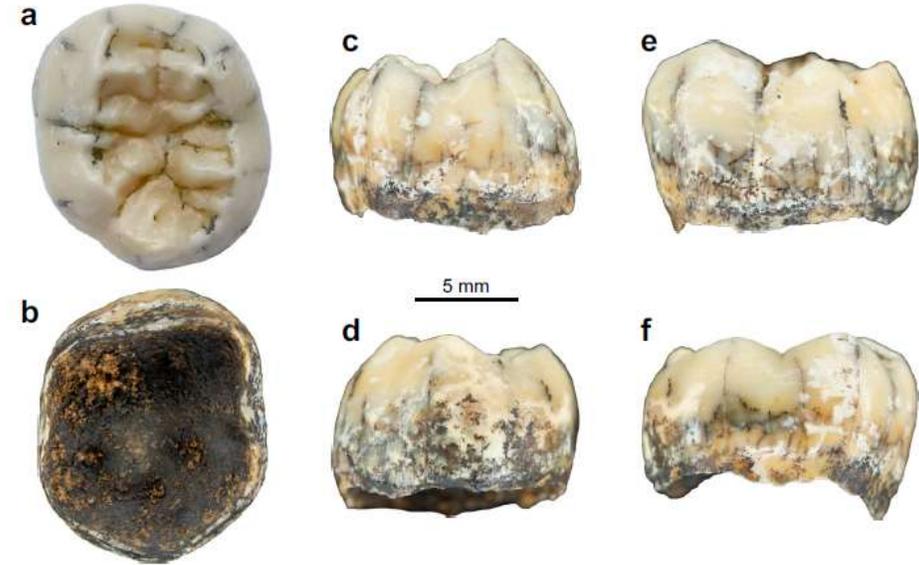
ARTICLE

<https://doi.org/10.1038/s41467-022-29923-z> OPEN

## A Middle Pleistocene Denisovan molar from the Annamite Chain of northern Laos

Fabrice Demeter<sup>1,2,3,33</sup>, Clément Zanolli<sup>3,33,34</sup>, Kira E. Westaway<sup>4</sup>, Renaud Joannes-Boyau<sup>5,6</sup>, Philippe Dourner<sup>7</sup>, Mike W. Morley<sup>8</sup>, Frido Welker<sup>9</sup>, Patrick L. R  ther<sup>10</sup>, Matthew M. Skinner<sup>11,12</sup>, Hugh McColl<sup>13</sup>, Charleen Gaunitz<sup>1</sup>, Lasse Vinner<sup>1</sup>, Tyler E. Dunn<sup>13</sup>, Jesper V. Olsen<sup>10</sup>, Martin Sikora<sup>1</sup>, Jean-Luc Ponche<sup>14</sup>, Eric Suzzoni<sup>15</sup>, S  bastien Frangeul<sup>15</sup>, Quentin Boesch<sup>7</sup>, Pierre-Olivier Antoine<sup>16</sup>, Lei Pan<sup>17,18</sup>, Song Xing<sup>17,19</sup>, Jian-Xin Zhao<sup>20</sup>, Richard M. Bailey<sup>21</sup>, Souilphane Boualaphane<sup>22</sup>, Phonephanh Sichanthongtip<sup>22</sup>, Daozee Sihanam<sup>22</sup>, Elise Patole-Edoumba<sup>23</sup>, Fran  oise Aubale<sup>2</sup>, Fran  oise Crozier<sup>24</sup>, Nicolas Bourgon<sup>12</sup>, Alexandra Zachwieja<sup>25</sup>, Thonglith Luangkhoth<sup>22</sup>, Viengkeo Souksavatdy<sup>22</sup>, Thongsia Sayavongkhamdy<sup>22,24</sup>, Enrico Cappellini<sup>9</sup>, Anne-Marie Bacon<sup>26</sup>, Jean-Jacques Hublin<sup>12,27</sup>, Eske Willerslev<sup>1,28,29,30</sup> & Laura Shackelford<sup>31,32,33,34</sup>

The Pleistocene presence of the genus *Homo* in continental Southeast Asia is primarily evidenced by a sparse stone tool record and rare human remains. Here we report a Middle Pleistocene hominin specimen from Laos, with the discovery of a molar from the Tam Ngu Hao 2 (Cobra Cave) limestone cave in the Annamite Mountains. **The age of the fossil-bearing breccia ranges between 164–131 kyr**, based on the Bayesian modelling of luminescence dating of the sedimentary matrix from which it was recovered, U-series dating of an overlying flowstone, and U-series–ESR dating of associated faunal teeth. Analyses of the internal structure of the molar in tandem with palaeoproteomic analyses of the enamel indicate that the tooth derives from a young, likely female, *Homo* individual. **The close morphological affinities with the Xiahe specimen from China indicate that they belong to the same taxon and that Tam Ngu Hao 2 most likely represents a Denisovan.**



# Massive cranium from Harbin in northeastern China establishes a new Middle Pleistocene human lineage

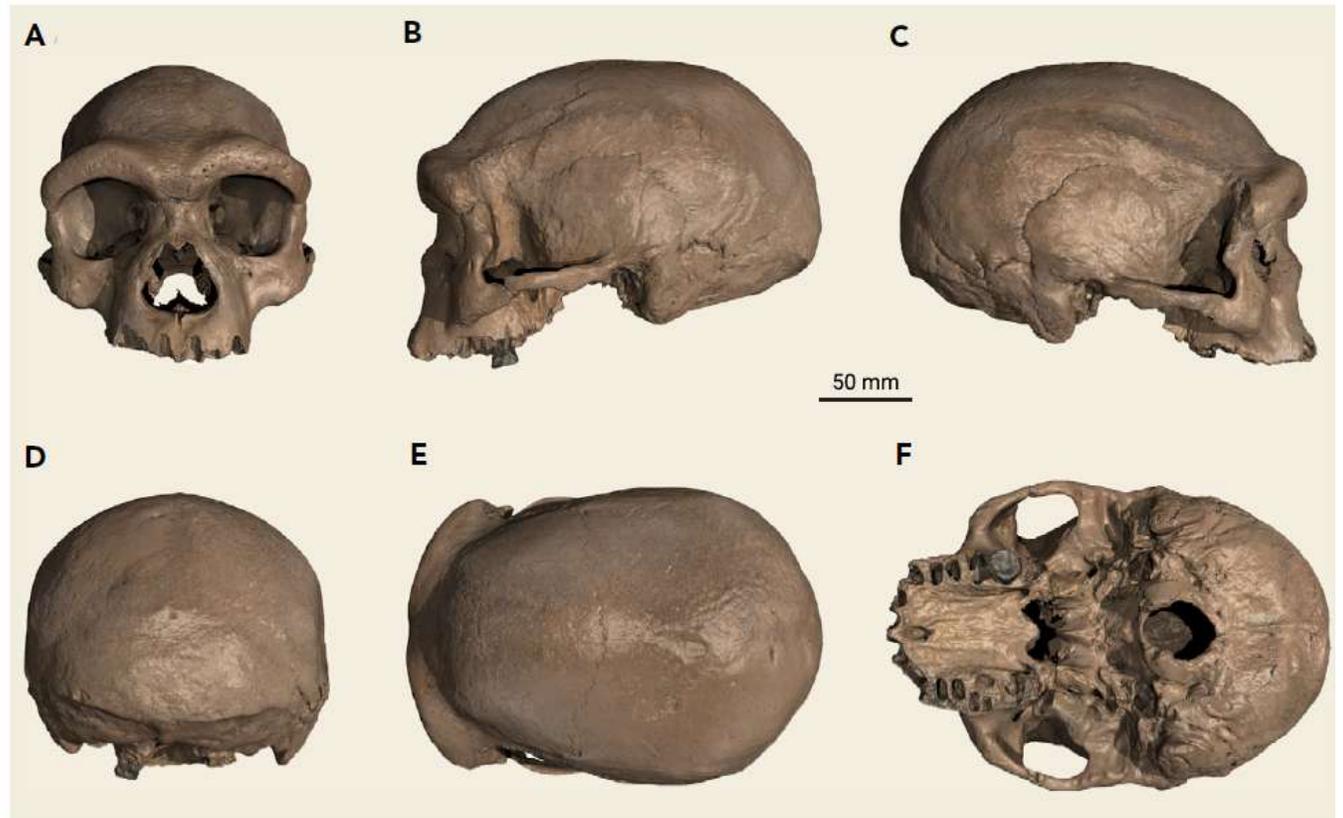
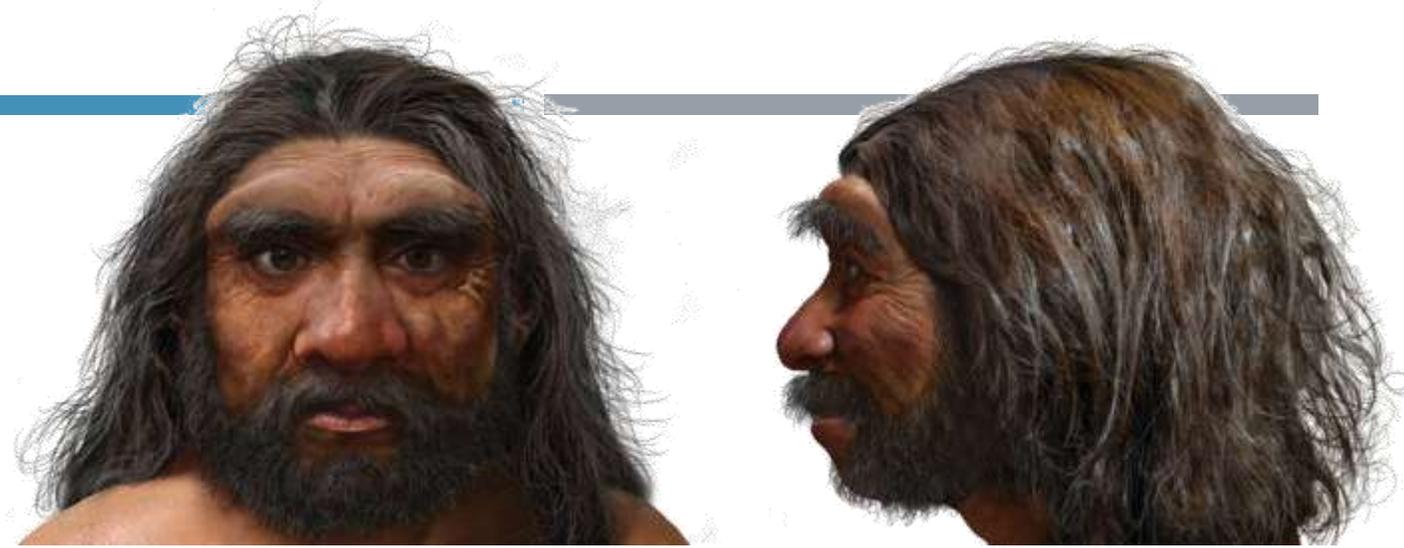
Xijun Ni,<sup>1,2,3,4,\*</sup> Qiang Ji,<sup>1,2</sup> Wensheng Wu,<sup>1</sup> Qingfeng Shao,<sup>5</sup> Yansen Ji,<sup>6</sup> Chi Zhang,<sup>1,2</sup> Lei Liang,<sup>1</sup> Junyi Ge,<sup>1,2</sup> Zhen Guo,<sup>1</sup> Anhua Li,<sup>7</sup> Qiang Li,<sup>1,2</sup> Rainer Grün,<sup>8,9</sup> and Chris Stringer<sup>10,11</sup>

\*Correspondence: [xjnie@jlu.edu.cn](mailto:xjnie@jlu.edu.cn) (X.N.); [c.stringer@leeds.ac.uk](mailto:c.stringer@leeds.ac.uk) (C.S.)

Received: May 10, 2021; Accepted: June 4, 2021; Published Online: June 25, 2021; <https://doi.org/10.1016/j.coi.2021.100130>

© 2020 The Author(s). This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

- More than 100,000 years ago, several human species coexisted in Asia, Europe, and Africa
- A completely preserved fossil human cranium discovered in the **Harbin area** provides critical evidence for understanding the evolution of humans and the **origin of our species**
- The Harbin cranium has a **large cranial capacity** (1,420 mL) falling in the range of modern humans, but is combined with a **mosaic of primitive and derived characters**
- Our comprehensive phylogenetic analyses suggest that the Harbin cranium represents a **new sister lineage for *Homo sapiens***
- A multi-directional “shuttle dispersal model” is more likely to explain the complex phylogenetic connections among African and Eurasian *Homo* species/populations



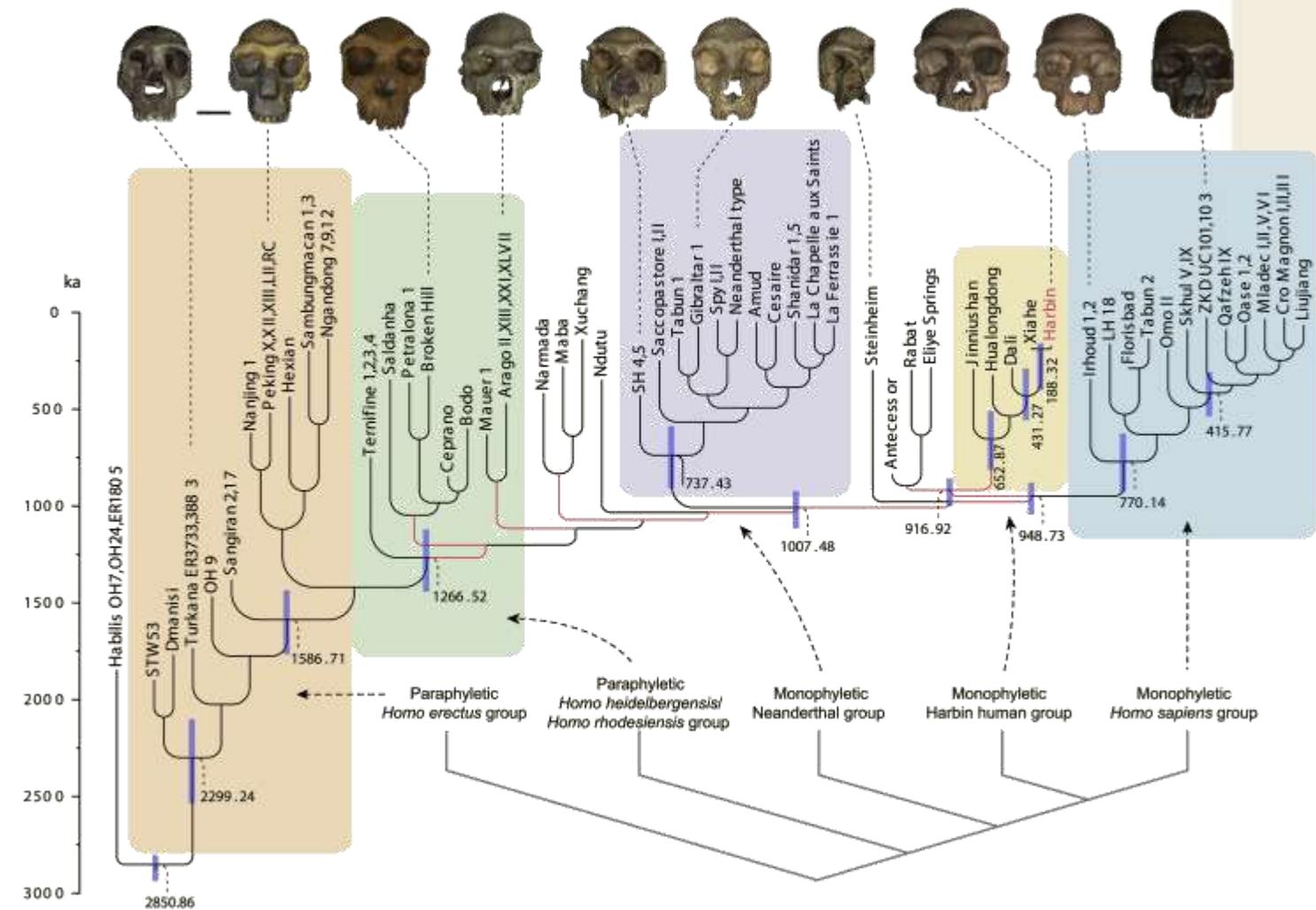
# Massive cranium from Harbin in northeastern China establishes a new Middle Pleistocene human lineage

Xijun Ni,<sup>1,2,3,4,\*</sup> Qiang Ji,<sup>1,2</sup> Wensheng Wu,<sup>1</sup> Qingfeng Shao,<sup>1</sup> Yansen Ji,<sup>1</sup> Chi Zhang,<sup>1,2</sup> Lei Liang,<sup>1</sup> Junyi Ge,<sup>1,2</sup> Zhen Guo,<sup>1</sup> Anhua Li,<sup>7</sup> Qiang Li,<sup>1,4</sup> Rainer Grün,<sup>5,6</sup> and Chris Stringer<sup>1,4,5</sup>

\*Correspondence: [qjng@jhu.edu.cn](mailto:qjng@jhu.edu.cn) (J.N.), [ni@jhu.edu.cn](mailto:ni@jhu.edu.cn) (X.N.), [c.stringer@ed.ac.uk](mailto:c.stringer@ed.ac.uk) (C.S.)

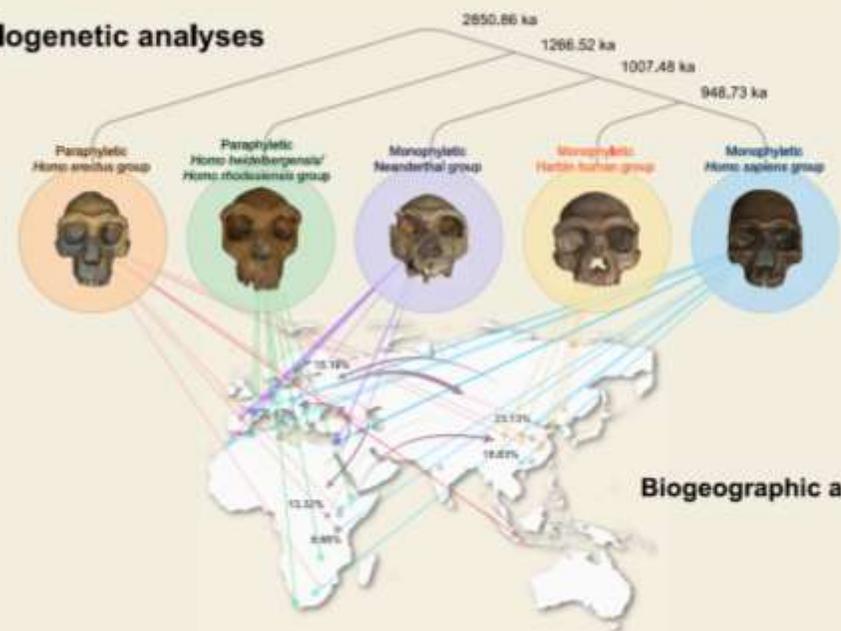
Received: May 10, 2021; Accepted: June 4, 2021; Published Online: June 25, 2021; <https://doi.org/10.1016/j.inno.2021.100130>

© 2020 The Author(s). This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).



## Graphical abstract

### Phylogenetic analyses



E OGGI?

## L'immigrazione verso l'Europa

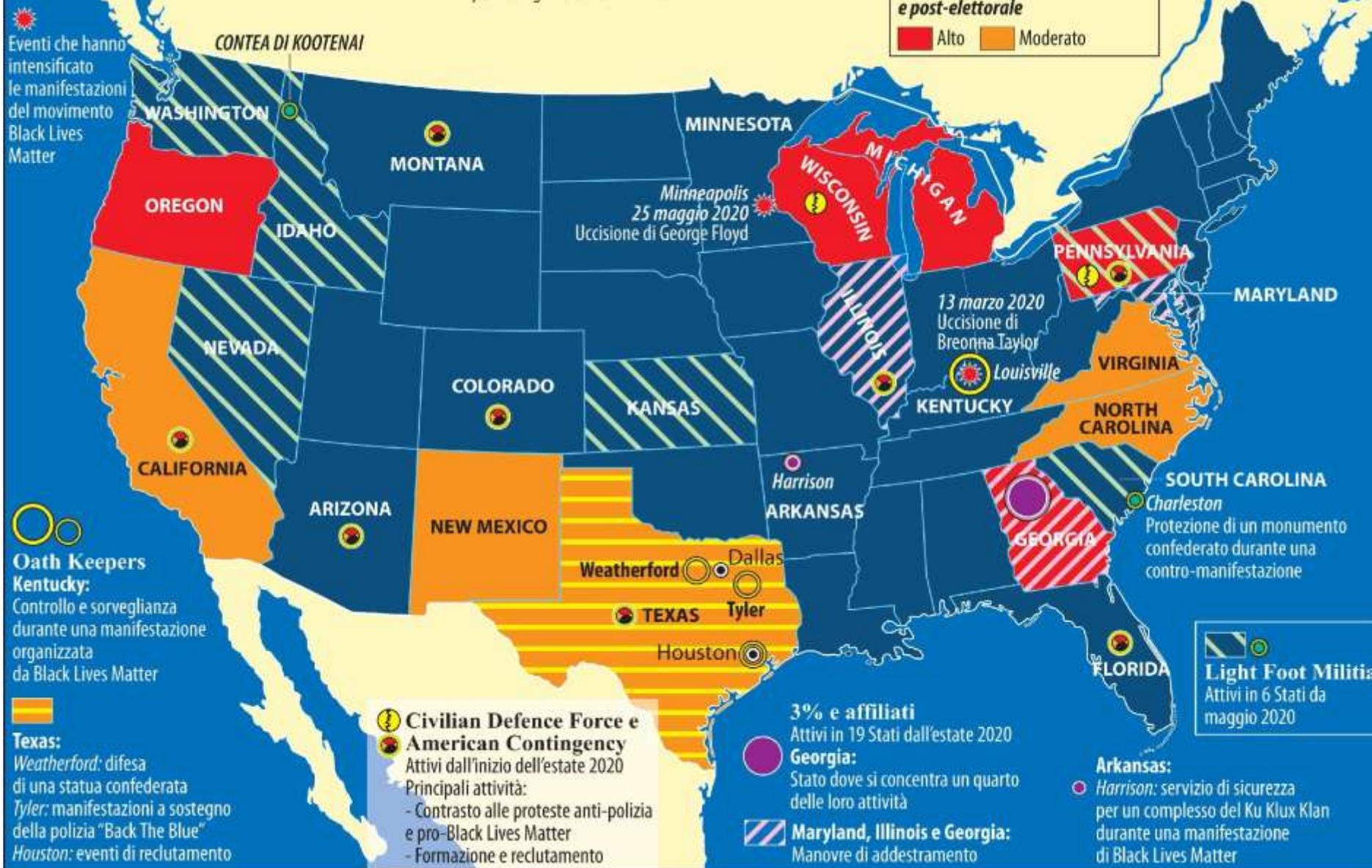


# 1 - MILIZIE MAINSTREAM

Le principali milizie hanno poche migliaia di aderenti reali

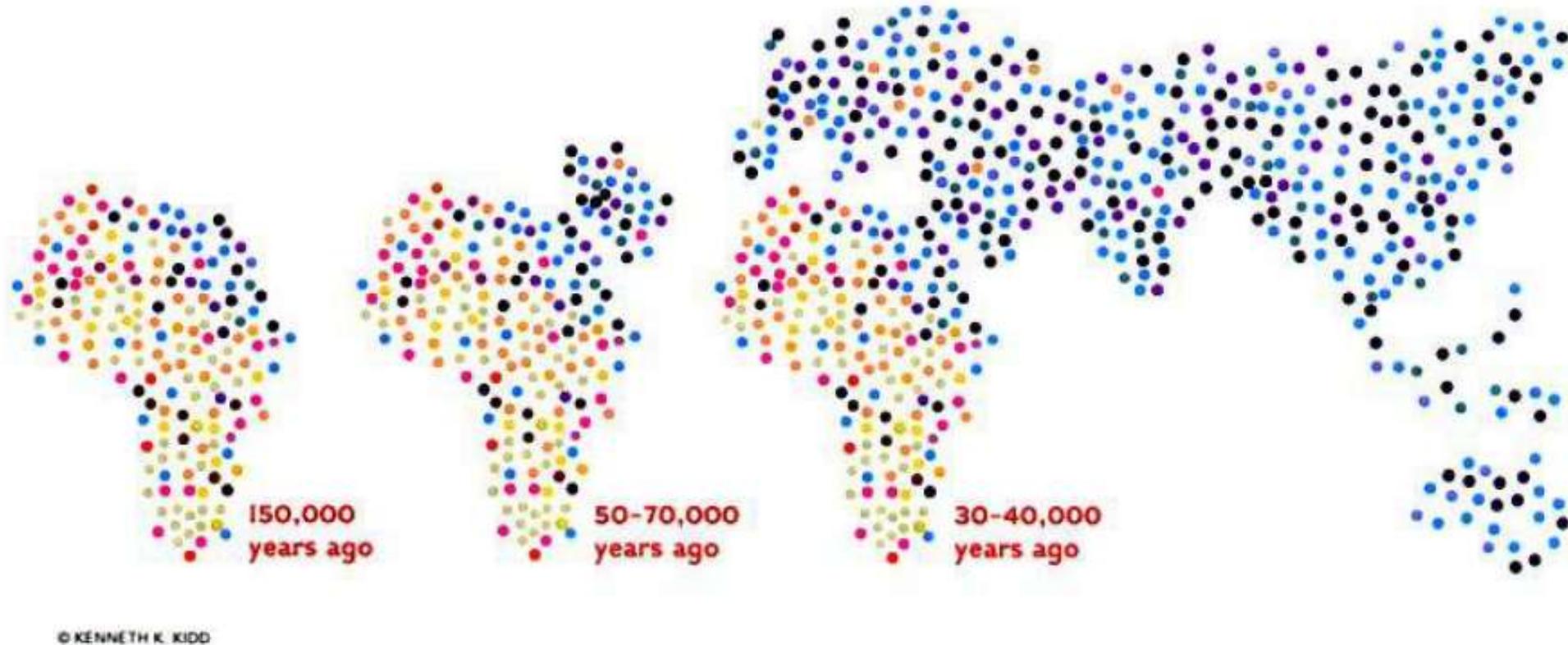
Rischio di aumento delle attività delle milizie nel periodo elettorale e post-elettorale

Alto Moderato

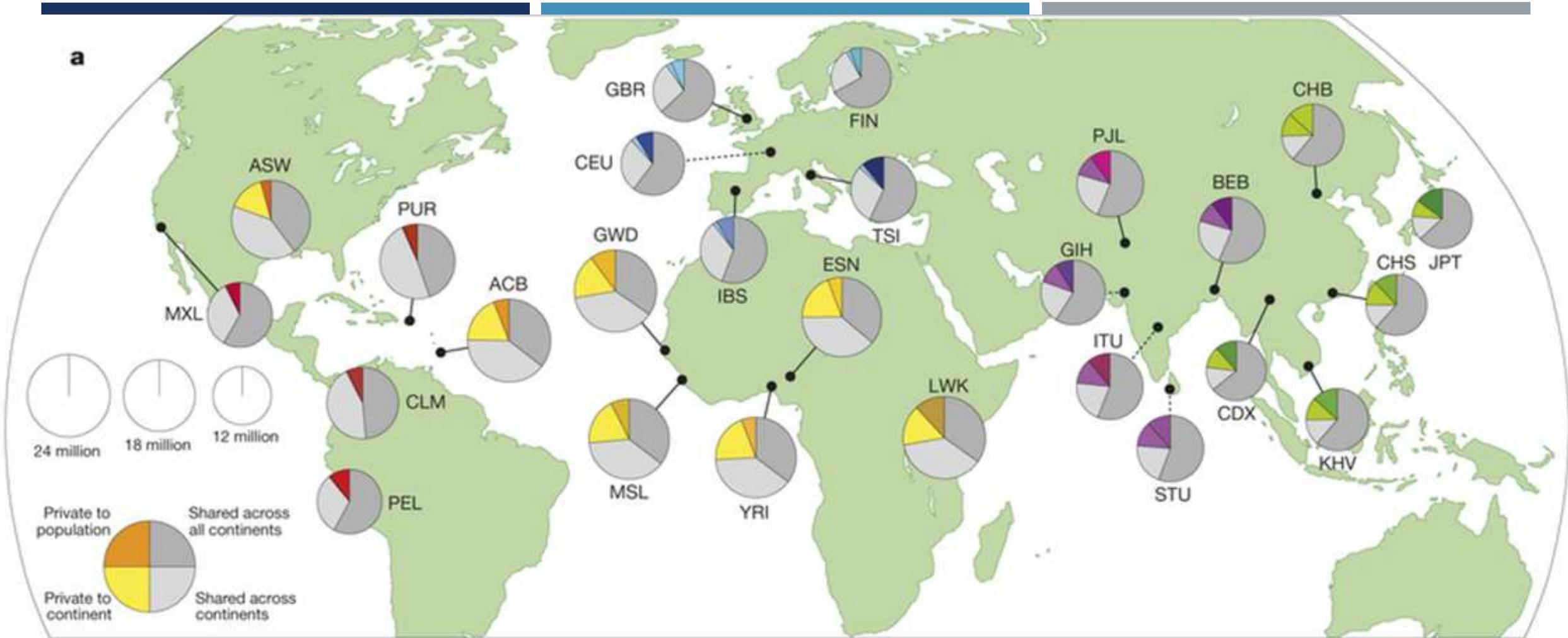


## Variabilità del mtDNA attuale

« Tutta la variabilità del mtDNA umano attuale e mondiale è anche presente in Africa (Africa dell'Est), quindi sarebbe il posto più probabile dell'origine della specie *Homo sapiens*. »



Diversità di un segnale genetico immaginario (schema)



Variabilità genetica tra le popolazioni: la sezione del grafico a torta di colore più intenso rappresenta le varianti caratteristiche di una popolazione, quella di colore meno intenso quelle caratteristiche di un'area del continente. In grigio, invece, le variazioni comuni a tutto il continente (grigio scuro) e quelle comune a tutti i continenti (grigio chiaro). (Immagine: [Nature](#))



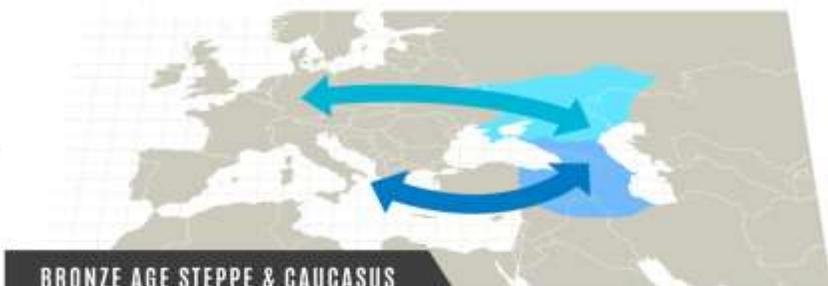
1.300 yBP



MIDDLE AGE ARAB KINGDOMS



5.000 yBP



BRONZE AGE STEPPE & CAUCASUS



10.000 yBP



NEOLITHIC ANATOLIA



24.000 yBP



MESOLITHIC EUROPE



ANCESTRY PROPORTIONS ARE NOT SHOWN IN SCALE

Contributi genetici lungo la popolazione italiana. Sulla sinistra sono presenti i contributi preistorici e storici identificabili dal DNA degli italiani in ordine cronologico. In verde i cacciatori-raccoglitori che giunsero in Italia circa 24.000 anni fa. I contadini del Neolitico (freccie rosse), che si espansero da quella che oggi è la Turchia, arrivarono in Italia circa 8.000 anni fa. In blu sono rappresentate le due rotte parallele datate circa 5.000 anni dei pastori nomadi delle steppe verso il Nord Europa e il “nuovo” segnale proveniente dal Caucaso verso il Sud Italia. In giallo è rappresentata l’eredità genetica della dominazione Araba in Sud Europa che risale a circa 1.300 anni fa. Sulla destra sono raffigurate le proporzioni di questi contributi genetici in Nord e Sud Italia, e in Sardegna con gli stessi colori utilizzati nella parte sinistra dell’immagine; le dimensioni delle vignette contenenti i teschi indicano la proporzione di DNA neandertaliano nelle diverse macro-aree italiane. Crediti: Alessandro Corlianò

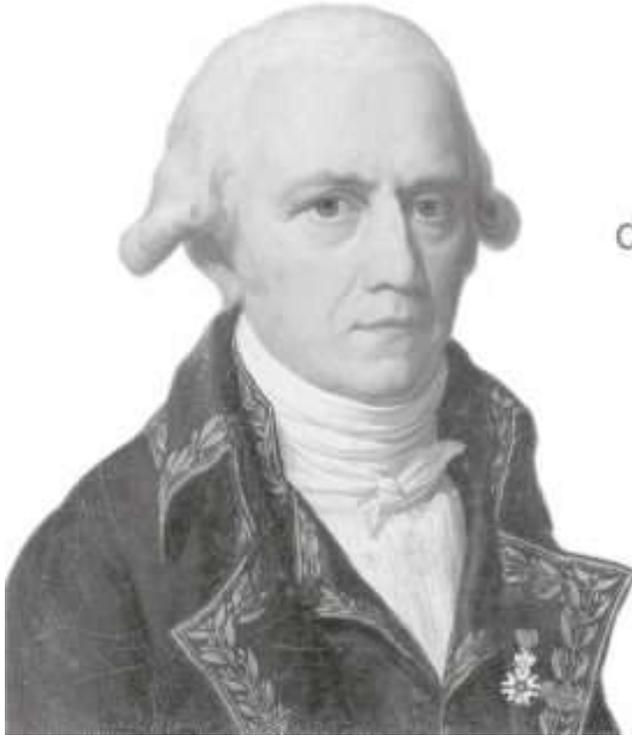
# QUALI EVIDENZE DELLA NOSTRA STORIA EVOLUTIVA CONOSCIAMO/CONSIDERIAMO POCO?

Migrazioni

Evoluzione

Adattamento

## 2 . EVOLUZIONE



“ Non è sempre la grandezza delle differenze osservate tra specie che devono determinare distinzioni specifiche, ma la conservazione costante di quelle differenze nella riproduzione. ”

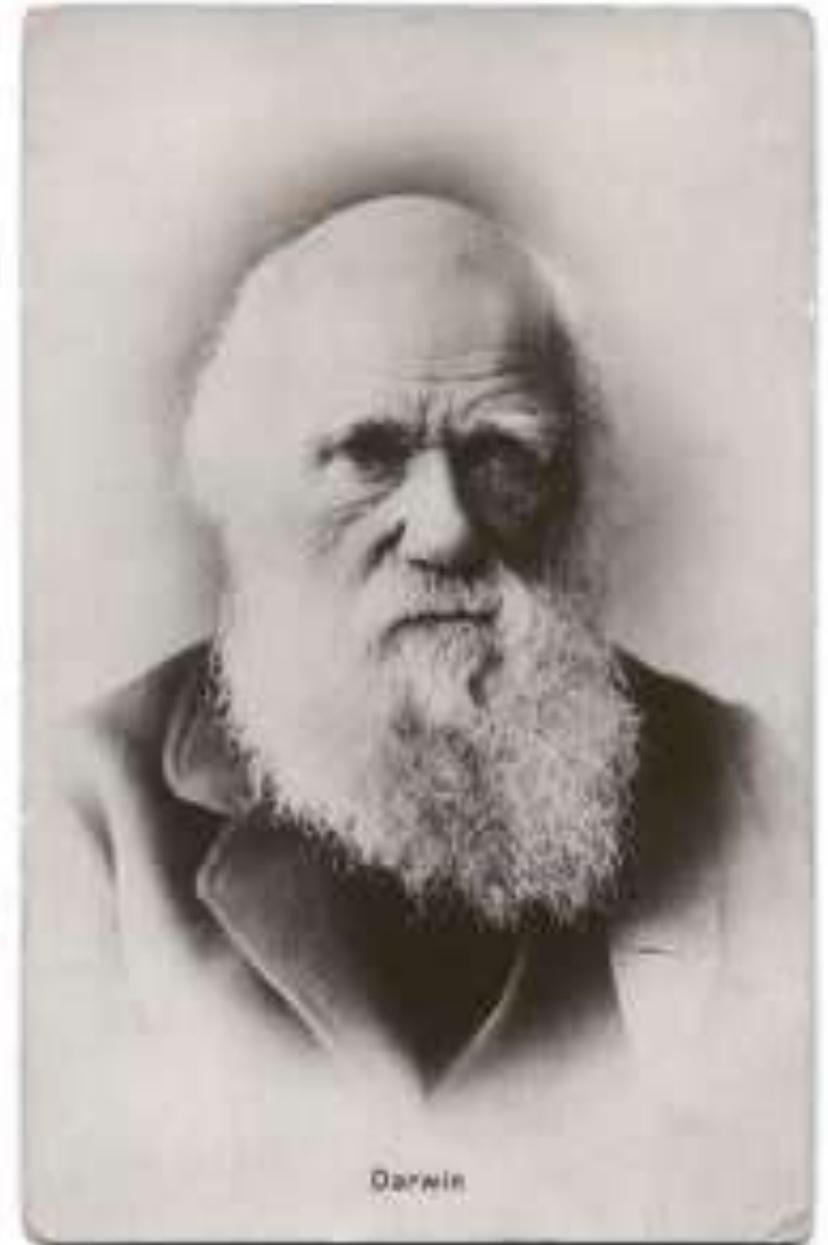
**Jean-Baptiste Lamarck**

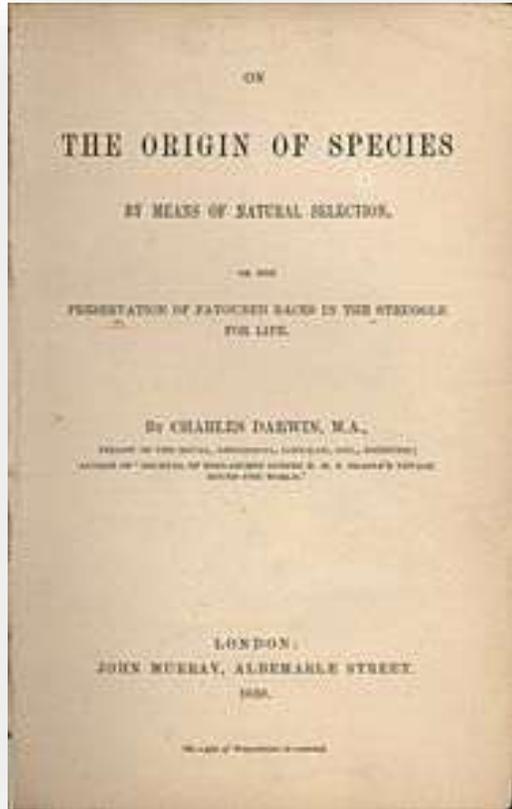


# CHARLES DARWIN

“It is not the strongest of the species that survives, nor the most intelligent, but the one most responsive to *change.*”

-Charles Darwin, 1809





«L'origine della specie per selezione naturale» 1859



1816 – già molto giovane Darwin inizia a collezionare insetti, uova, rocce e comincia ad osservare la natura

1825 – si iscrive alla facoltà di medicina (Edimburgo) che abbandonerà nel 1927

1828 – si iscrive all'Università di Cambridge (il padre voleva per lui una carriera ecclesiastica) dove si diploma nel 1831

1831 – gli viene proposto il viaggio sulla Beagle dal Capitano Robert Fitzroy



# Darwin & Fitz Roy

---

Si incontrano per la prima volta il 5 settembre 1831 (Darwin aveva 22 anni). Fitzroy all'inizio era un poco titubante perché appassionato di frenologia....

Ma alla fine scrive... "... si avanzi la richiesta affinché sia lui ad accompagnarmi...".

MA...qualche mese dopo ... Fitz Roy credeva fermamente nella Genesi biblica, mentre Darwin già elaborava una teoria naturale sulla nascita della vita e quindi dell'uomo... cominciarono i litigi...



A Oxford, durante una delle discussioni sulla teoria sull'evoluzione... Fitz Roy si alza in piedi con una bibbia in mano e dice che "...quella era l'unica fonte di Verità e Darwin era stato avvertito del pericolo che stava correndo e dell'eresia di cui era proclamatore. Ma a nulla era servito!..."



## Il viaggio del Beagle

Appunti sulla trasformazione delle specie

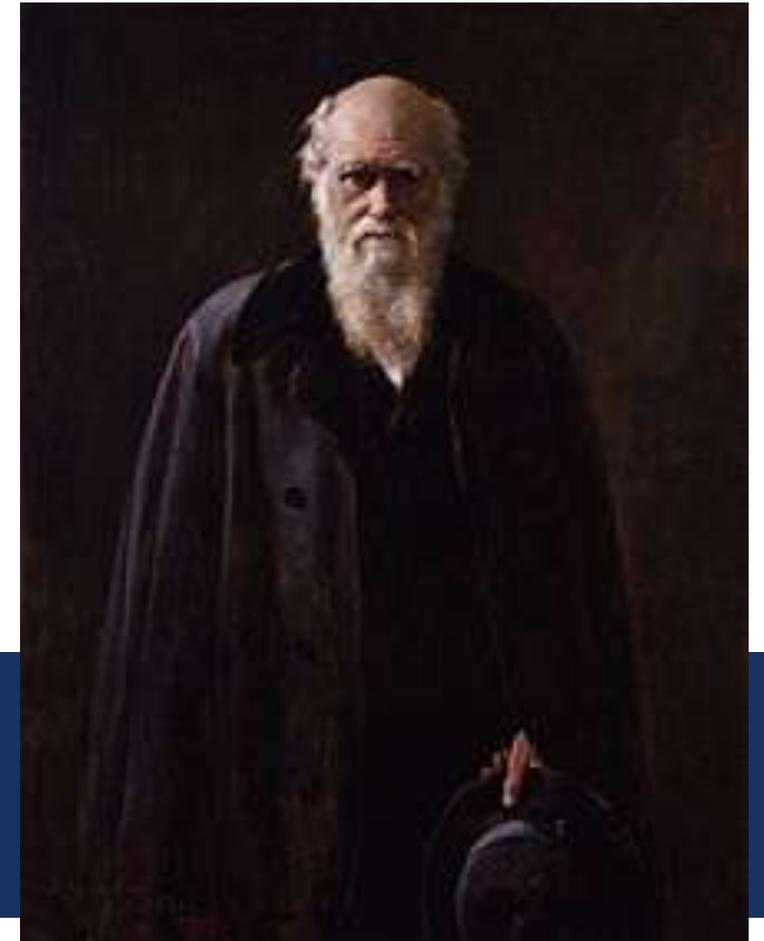
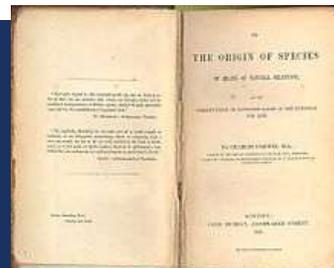
Accumulo graduale di piccole mutazioni casuali

Pubblicazione (1839-1843) «Zoologia del viaggio della H.M.S. Beagle»

1844 inizia ad abbozzare la sua teoria in un libro di 240 pagine

1858 viene presentata la sua teoria alla Linnean Society di Londra (da Charles Lyell)

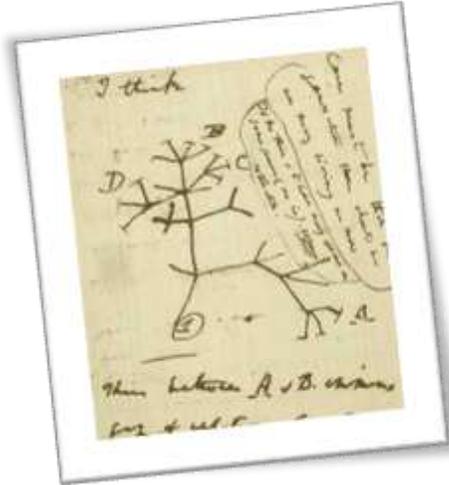
1859 Pubblicazione de «L'origine della specie» - più di 1200 copie esaurite in un solo giorno!





## RIPRODUZIONE

- Riproduzione veloce
- Perdita equilibrio con risorse alimentari/ambiente



## VARIAZIONI

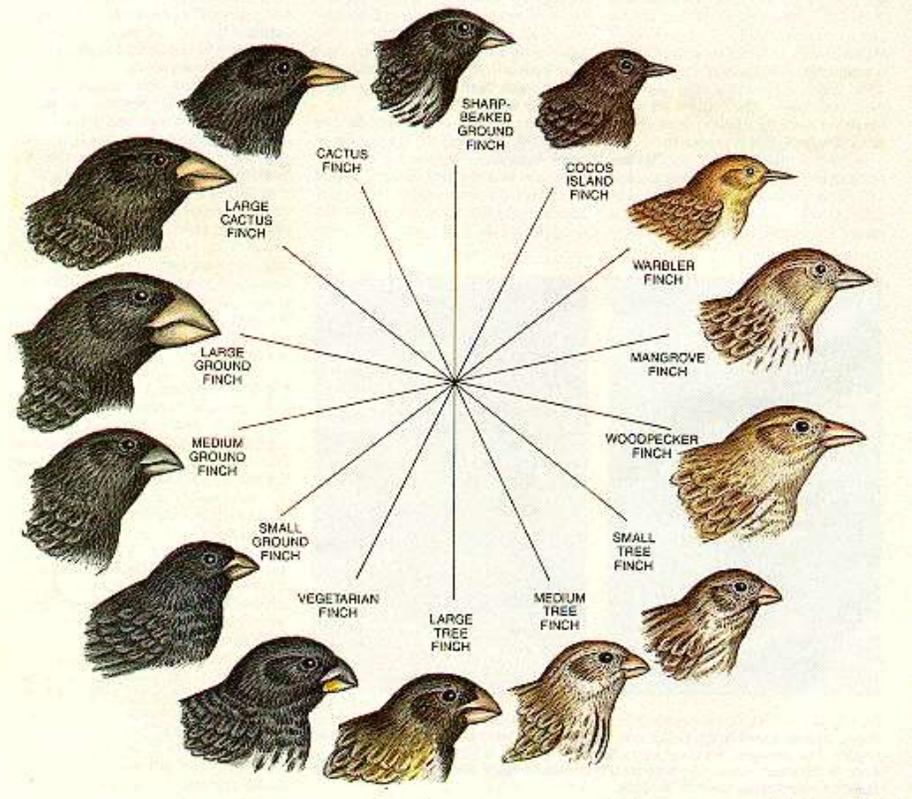
- Variabilità intraspecifica
- Diversa adattabilità all'ambiente



## SELEZIONE

- Concorrenza intraspecifica e intraspecifica
- Sopravvive chi sfrutta meglio ambiente e produce prole più numerosa

# EVOLUZIONE PER SELEZIONE NATURALE



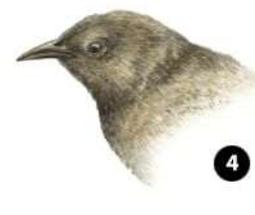
Gruppo monofiletico di passeriformi (17 specie) che attestano radiazione adattativa

Semi grossi e duri

Gemme, fiori e frutti

*Geospiza magnirostris*

*Platyspiza crassirostris*



*Geospiza conirostris*

*Certhidea olivacea*

Nettare, polline e semi

Insetti

«Gli altri uccelli terricoli sono rappresentati da un singolarissimo gruppo di fringuelli, affini fra loro nella struttura del becco, nella brevità della coda, nella forma del corpo e nel piumaggio; ve ne sono tredici specie, che il signor Gould ha diviso in quattro sottogruppi. Tutte queste specie sono caratteristiche di questo arcipelago, e così pure l'intero gruppo, eccettuato una specie del sottogruppo *Cactornis*, portato di recente dall'isola di Bow, nell'arcipelago Low. Le due specie di *Cactornis* si vedono spesso salire attorno ai fiori dei grandi cactus arborei; ma tutte le altre specie di questo gruppo di fringuelli vivono in stormi e trovano il loro cibo sull'asciutto e sterile terreno delle regioni più basse. I maschi di tutte le specie, o certamente della maggior parte, sono di colore nero inchiostro, e le femmine (eccettuate forse una o due specie) sono marroni. Il fatto più curioso è la perfetta gradazione nelle dimensioni del becco delle differenti specie di *Geospiza*, da uno grosso quanto quello di un frosone a quello di un fringuello, e (se il signor Gould ha ragione nell'includere il suo sottogruppo, *Certhidea*, nel gruppo principale) anche a quello di una *Sylvia*. Il becco più grosso nel genere *Geospiza* si vede nella figura 1, e il più piccolo nella figura 3; ma invece di esserci solo una specie intermedia con un becco delle dimensioni della figura 2, vi sono non meno di sei specie con becchi dalla gradazione impercettibile. Il becco del sottogruppo *Certhidea* si vede nella figura 4. Il becco del *Cactornis* ricorda in certo modo quello di uno stornello; e quello del quarto sottogruppo, *Camarhynchus*, assomiglia vagamente a quello di un pappagallo. Osservando questa gradazione e diversità di struttura in un gruppo piccolo e molto affine di uccelli, si può realmente immaginare che da uno scarso numero originario di uccelli di questo arcipelago, ogni singola specie di questo gruppo sia stata modificata per scopi differenti.» C. Darwin – Viaggio di un naturalista intorno al mondo - 1839

# La sintesi moderna della teoria evolutiva

La teoria di Darwin «evoluzione per selezione naturale»



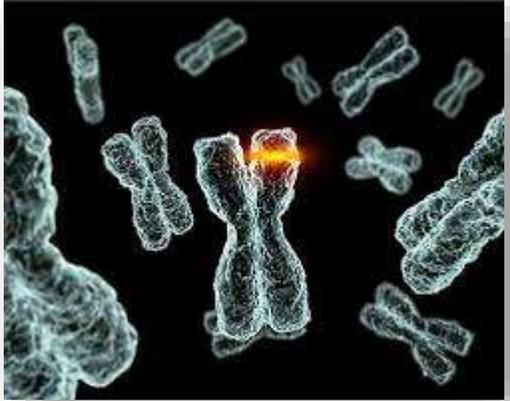
La teoria di Mendel «eredità biologica» in chiave attuale  
(integrata dalle moderne conoscenze sulla genetica)



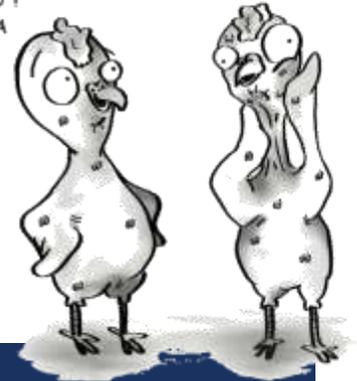
Genetica di popolazione



Dati paleontologici



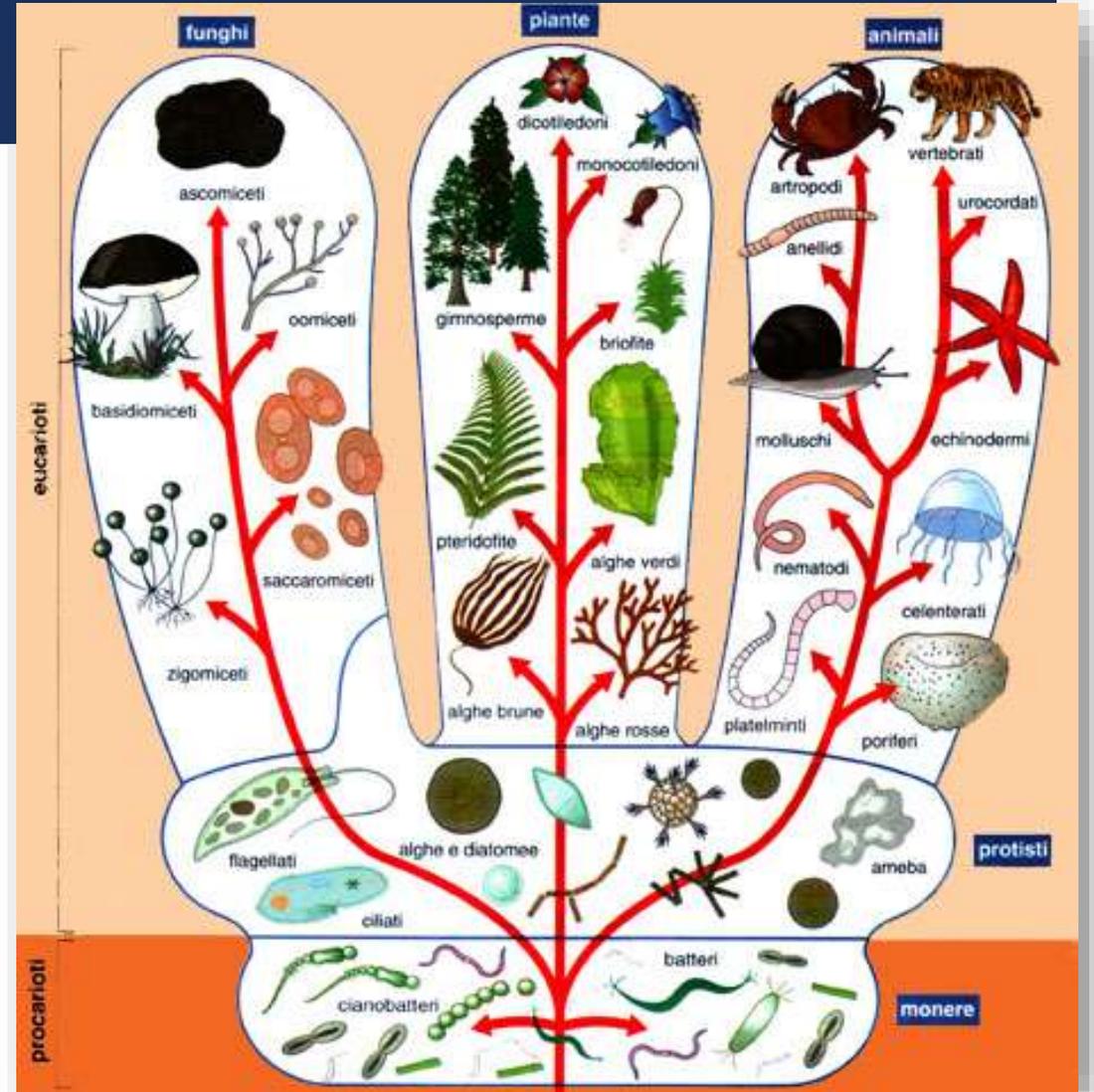
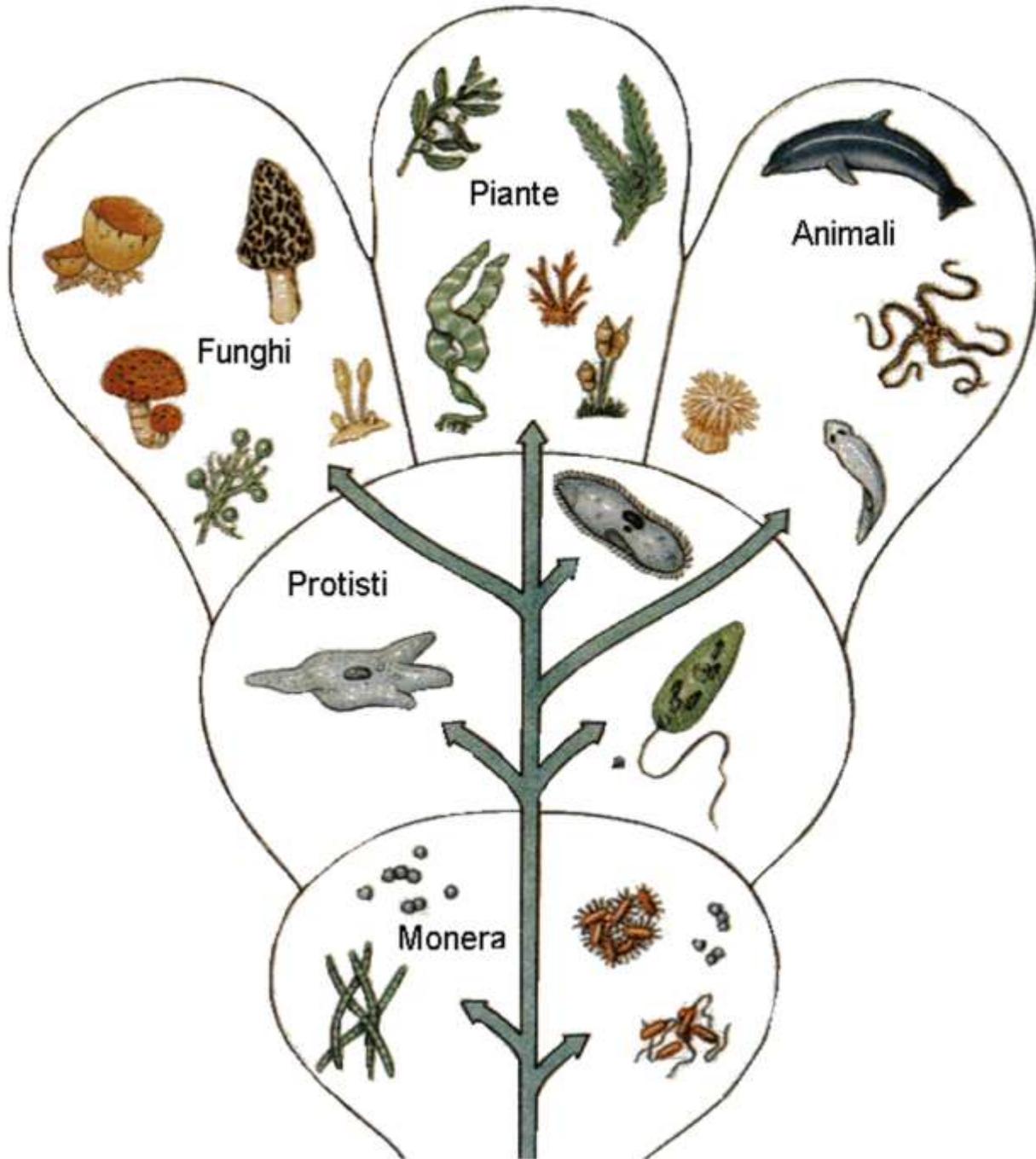
TIRALO ANCORA DI PIU'  
COSI' NELLA PROSSIMA  
GENERAZIONE  
DIVENTEREMO  
DEGLI STRUZZI.



E OGGI?



La maggior parte delle persone è convinta di essere la specie più evoluta.....



# QUALI EVIDENZE DELLA NOSTRA STORIA EVOLUTIVA CONOSCIAMO/CONSIDERIAMO POCO?

Migrazioni

Evoluzione

Adattamento

# 3 .ADATTAMENTO E SELEZIONE

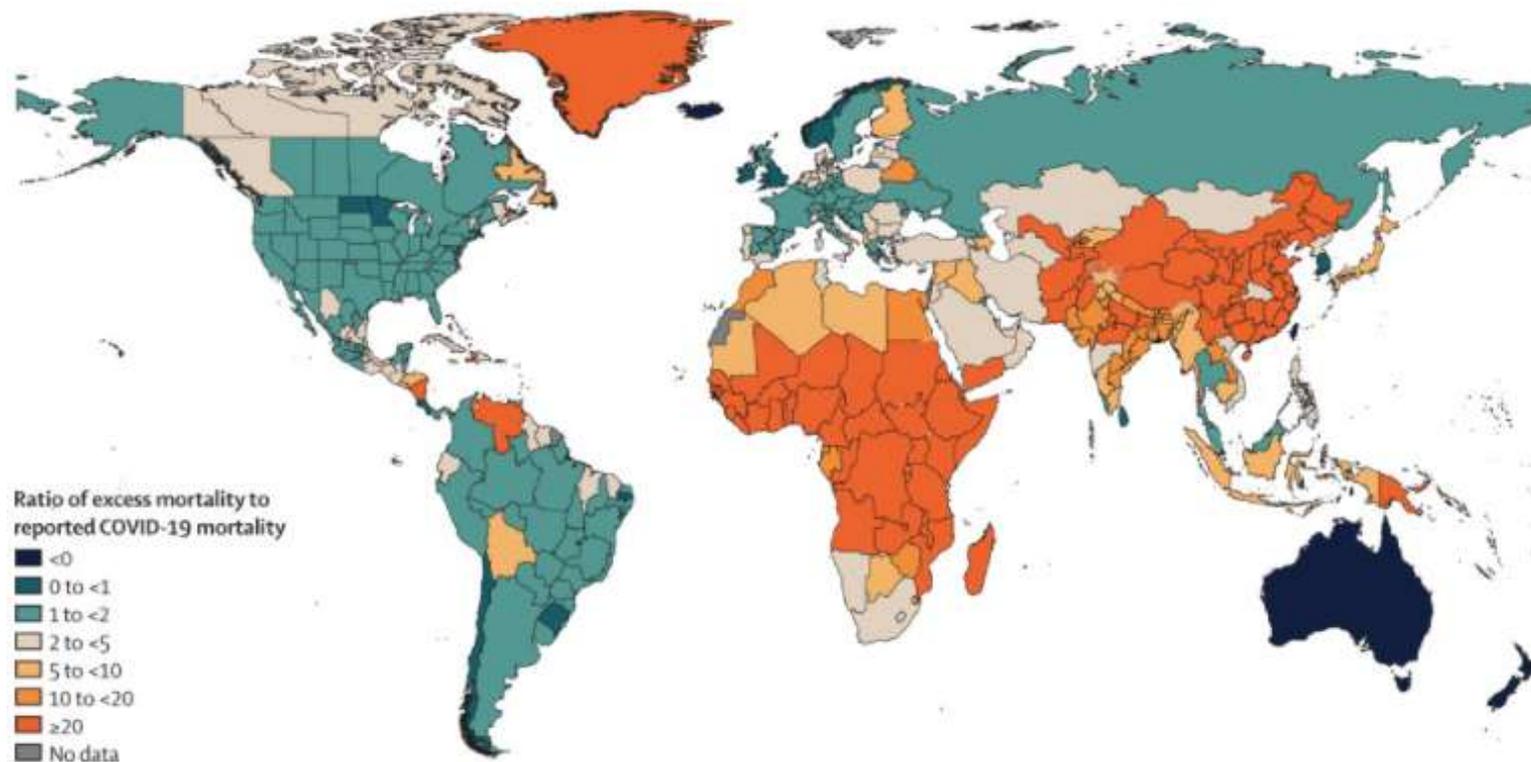


E OGGI?



Darwinismo sociale





distribuzione globale del **rapporto tra il tasso di mortalità in eccesso stimato** dovuto alla pandemia di COVID-19 e il **tasso di mortalità riportato** per COVID-19, per il periodo cumulativo 2020-21.



GRAZIE PER  
L'ATTENZIONE!

MARTA.ARZARELLO@UNIFE.IT