La quarta traccia. Patrick J. Geary, l'archeogenetica e la storia dell'alto medioevo

di Roberto Delle Donne

Reti Medievali Rivista, 27, 2 (2026)

<http://www.retimedievali.it>



Archeogenetica e storia dell'alto Medioevo. In dialogo con Patrick J. Geary

a cura di Roberto Delle Donne

Firenze University Press

Reti Medievali Rivista, 27, 2 (2026), ISSN 1593-2214, <http://rivista.retimedievali.it>

Roberto Delle Donne, Università degli Studi di Napoli Federico II, e-mail: delledon@unina.it, https://orcid.org/0000-0001-8331-9436

DOI: 10.6093/1593-2214/14118

Archeogenetica e storia dell'alto Medioevo. In dialogo con Patrick J. Geary, a cura di Roberto Delle Donne

La quarta traccia. Patrick J. Geary, l'archeogenetica e la storia dell'alto medioevo

di Roberto Delle Donne

L'articolo discute il volume di Patrick J. Geary *Comment la génétique réécrit l'histoire du Moyen Âge*, leggendolo in continuità con i precedenti lavori dello studioso sull'etnicità, la costruzione dei popoli e la critica dei miti nazionali. La genetica è interpretata non come fondamento biologico delle identità altomedievali, ma come "quarta traccia" da interrogare criticamente accanto a testi, archeologia, tradizioni orali e analisi isotopiche. Attraverso l'esame delle indagini relative a Longobardi, Unni, Avari, Slavi e alla Sicilia medievale, il saggio mostra come l'archeogenetica possa riformulare le domande dello storico su mobilità, parentela, comunità e differenziazione sociale, purché non confonda ascendenza, cultura, rito e identità politica.

This article discusses Patrick J. Geary's *Comment la génétique réécrit l'histoire du Moyen Âge* within his broader work on ethnicity, people-making, and the critique of national myths. Genetics is not treated as a biological foundation for early medieval identities, but as a "fourth trace" to be critically examined alongside texts, archaeology, oral traditions, and isotopic evidence. Through the cases of Lombards, Huns, Avars, Slavs, and medieval Sicily, the essay shows how archaeogenetics can reshape historical questions about mobility, kinship, communities, and social differentiation, provided that ancestry, culture, ritual, and political identity are not confused.

Medioevo, archeogenetica, identità etniche, DNA antico, critica delle fonti.

Middle Ages, archaeogenetics, ethnic identity, ancient DNA, source criticism.

1. *Una riscrittura senza determinismo*

Il titolo del libro di Patrick J. Geary, *Comment la génétique réécrit l'histoire du Moyen Âge*, può apparire, a una prima lettura, volutamente provocatorio.[1] L'idea che la genetica "riscriva" la storia del Medioevo solleva infatti una questione decisiva, che investe non soltanto l'oggetto specifico del volu-

[1] Geary, *Comment la génétique*. Il volume sviluppa e amplia la precedente riflessione pubblicata in tedesco: Geary, *Herausforderungen und Gefahren*.

me, ma il modo stesso in cui le discipline storiche possono confrontarsi con nuove forme di documentazione rese accessibili dalle scienze naturali.

La risposta di Geary è più sottile di quanto il titolo, se letto senza tener conto dell'argomentazione del libro, possa suggerire. La genetica non riscrive la storia perché sostituisce le fonti scritte, l'archeologia, l'antropologia fisica o le analisi isotopiche. Non la riscrive neppure perché permetterebbe di ritrovare, sotto la superficie mobile delle identità politiche e culturali, un fondamento biologico originario dei popoli. La riscrive, semmai, perché costringe gli storici a ridefinire le loro domande, le scale di osservazione, le categorie interpretative e i rapporti fra tipi diversi di fonti.

Il libro non invita dunque ad affidare alla genetica il compito di dire ciò che le fonti tradizionali dello storico e dell'archeologo avrebbero nascosto o deformato. Propone piuttosto di trattare i dati genomici come una nuova fonte storica, da interrogare con la stessa cautela critica che gli storici applicano, o dovrebbero applicare, ai testi, agli oggetti, ai paesaggi, alle tradizioni orali e ai resti materiali. Il DNA non è una scorciatoia verso il passato. È una traccia ulteriore, potente ma parziale, che diventa storicamente significativa solo quando viene confrontata con altre forme di documentazione e con altri modelli interpretativi.

Da questo punto di vista, il volume di Geary assume un rilievo particolare nel dibattito attuale. Da un lato riconosce il carattere effettivamente innovativo dell'archeogenetica; dall'altro si oppone con decisione a ogni tentativo di ridurre la storia a biologia. Quella di Geary non è la prospettiva di uno storico diffidente verso le scienze naturali, né quella di uno studioso conquistato dal linguaggio dei genetisti. È piuttosto la posizione di chi, dopo avere dedicato gran parte del proprio lavoro alla critica dei processi di costruzione storica delle identità etniche e nazionali, mostrandone il carattere mitico, entra nel campo della genetica anche per evitare che essa venga usata per restaurare, sotto nuove forme, vecchi essenzialismi.

2. *Dal testo tedesco alle edizioni francese e inglese*

Il volume francese nasce da una precedente riflessione pubblicata in tedesco con il titolo *Herausforderungen und Gefahren der Integration von Genomdaten in die Erforschung der frühmittelalterlichen Geschichte*.[2] Quel testo aveva origine da una conferenza berlinese e conservava il carattere di un intervento programmatico: mostrava le opportunità e i rischi dell'integrazione dei dati genomici nella ricerca sull'alto medioevo. Già lì comparivano le grandi questioni che sarebbero poi state sviluppate nel libro francese: il

[2] La precedente versione tedesca (Geary, *Herausforderungen und Gefahren*) apparve nella collana *Das mittelalterliche Jahrtausend*, diretta da Michael Borgolte, come settimo volume della serie.

rapporto fra genetica e storia, l'eredità pericolosa della storia razzializzata, la critica di ogni identificazione fra gruppi genetici e gruppi etnici, la necessità di un lavoro realmente interdisciplinare.

La versione francese è però più di una traduzione o di un mero ampliamento quantitativo delle pagine del volume. È un libro di impianto più ampio e di taglio più marcatamente storiografico, costruito alla luce dell'esperienza di *HistoGenes* e dei risultati prodotti negli ultimi anni da *équipe* nelle quali storici, archeologi, genetisti, antropologi e specialisti di analisi isotopiche hanno lavorato insieme su contesti altomedievali. Rispetto al testo tedesco, il volume francese si presenta dunque non più soltanto come un manifesto metodologico, ma come una sintesi critica più articolata, fondata su casi di studio ormai più numerosi e su una più precisa consapevolezza delle difficoltà tecniche e interpretative.

La struttura stessa del volume francese è significativa. L'introduzione colloca la ricerca genetica nel quadro di una trasformazione più generale delle forme di conoscenza oggi accessibili agli storici. Il primo capitolo affronta il lascito della storia razzializzata. I capitoli successivi spiegano che cosa siano i dati genetici, come possano essere analizzati, quali strumenti statistici vengano impiegati e quali equivoci possano derivarne. Solo dopo questa lunga preparazione metodologica il volume francese entra nel laboratorio storico del bacino carpatico, muovendo dalla Pannonia tardoantica e dalle trasformazioni che, fra V e IX secolo, coinvolsero Unni, Longobardi, Avari e Slavi nel più ampio mondo post-romano. Nell'autunno 2026 è apparsa anche l'edizione inglese, *Resequencing the Middle Ages through Archaeogenetics: Interpreting the Past through Science and History*, che conserva questa progressione, ma amplia il quadro anteponendo al caso carpatico una ricognizione comparativa di altri contesti della transizione post-romana. È una scelta rivelatrice dell'impianto complessivo del volume: prima di interpretare i dati, Geary vuole costruire una grammatica critica del loro uso. Rispetto alla versione francese, risultano inoltre arricchiti soprattutto il primo capitolo, con una più estesa trattazione della genealogia ottocentesca della storia razzializzata; più limitati sono invece gli aggiornamenti del capitolo dedicato ai nuovi strumenti di analisi e agli studi sull'espansione slava.[3]

3. *Prima della genetica: etnicità e identità situazionale*

Per comprendere la posizione di Geary sull'archeogenetica occorre risalire al suo percorso precedente. L'interesse per la genetica non rappresenta una rottura rispetto ai suoi studi su etnicità, memoria, popoli e costruzioni

[3] Geary, *Resequencing the Middle Ages*, in particolare 9-24, 62-3, 65-110; si veda Geary, *Comment la génétique*, 17-36, 82-3, 85-132.

identitarie. Ne costituisce, piuttosto, una prosecuzione su un terreno nuovo e più insidioso.

Già negli anni Ottanta Geary aveva insistito sulla natura situazionale dell'identità etnica nell'alto medioevo.[4] L'etnicità non doveva essere considerata come una qualità oggettiva, stabile e universalmente riconoscibile, ma come un processo attraverso il quale individui e gruppi definivano sé stessi, o venivano definiti da altri, in circostanze specifiche e per scopi determinati.[5] I nomi etnici non erano etichette neutre applicate a realtà sociali compatte e omogenee al proprio interno. Erano strumenti di classificazione, linguaggi politici, codici relazionali, spesso attivati in contesti particolari: l'esercito, la corte, la mobilità fuori dal proprio ambiente, il rapporto con il re, l'interazione con gruppi percepiti come "altri".

Questa riflessione avrebbe poi trovato una più ampia articolazione negli studi di Geary sulla costruzione dei popoli e sulla critica dei miti nazionali.[6] L'assunto di fondo rimaneva lo stesso: i popoli dell'alto medioevo non possono essere considerati, con proiezione retrospettiva, come gli antenati naturali delle nazioni moderne, né interpretati come unità biologiche, linguistiche, culturali e politiche perfettamente sovrapponibili a quelle attuali. Essi sono il prodotto di processi storici: aggregazioni, tradizioni, memorie, strategie di distinzione, incorporazioni e pratiche politiche.[7]

È proprio questa lunga familiarità con il problema dell'etnicità a rendere particolarmente interessante l'approdo di Geary alla genetica. Egli non cerca nel DNA ciò che la storiografia critica aveva sottratto all'essenzialismo. Non cerca la "vera origine" dei Longobardi, degli Avari o degli Slavi.[8] Cerca piuttosto di capire come i dati genetici possano essere usati senza trasformare gruppi biologicamente differenziabili in popoli storici, evitando di sovrapporre ascendenza, lingua, cultura materiale, status, diritto e appartenenza politica.

In questo senso, il libro francese rappresenta una prosecuzione coerente dei suoi studi precedenti. La genetica entra nell'orizzonte di Geary non come

[4] Per una formulazione precoce e particolarmente chiara della posizione di Geary sull'etnicità altomedievale si veda Geary, "Ethnic Identity."

[5] Geary, "Ethnic Identity," in particolare 16-7, dove sottolinea che l'etnicità altomedievale non può essere trattata come una categoria oggettiva e stabile, ma come un processo soggettivo, situazionale e manipolabile.

[6] Geary, *The Myth of Nations*. Per il rapporto fra costruzione dei popoli altomedievali e genealogie nazionali moderne, questo volume resta uno dei punti di riferimento essenziali del percorso di Geary. Già in *Before France and Germany*, tuttavia, Geary aveva mostrato come il mondo "germanico" e merovingio non potesse essere compreso come realtà esterna o anteriore a Roma, ma come prodotto di una lunga interazione con categorie, istituzioni e pratiche romane. I "popoli" barbarici vi apparivano come formazioni storiche rese intelligibili attraverso linguaggi politici ed etnografici di matrice romano-classica; si veda Geary, *Before France and Germany*, VII-VIII.

[7] Sul problema dell'etnogenesi e sulla revisione delle categorie tradizionali relative ai popoli altomedievali rimane fondamentale Wenskus, *Stammesbildung und Verfassung*. Per la successiva discussione viennese, si veda almeno Pohl, *Die Awaren*; Wolfram, *History of the Goths*.

[8] Sul valore e sui rischi dell'uso delle categorie etniche nell'archeologia altomedievale si veda Brather, *Ethnische Interpretationen*.

disciplina in grado di smentire la storicità delle identità, ma come nuova occasione per verificarne la complessità.

4. *L'eredità pericolosa della storia razzializzata*

Non sorprende, allora, che il primo capitolo del volume sia dedicato all'eredità pericolosa della storia razzializzata.[9] La genetica applicata al passato umano non entra in un terreno innocente: si muove in un campo d'indagine già segnato da genealogie nazionali, classificazioni razziali e persistenti pretese di fondare nella biologia l'identità dei popoli.[10] Fra Otto e Novecento, le discipline storiche, archeologiche e antropologiche sono state attraversate da usi profondamente problematici della biologia, della linguistica e della cultura materiale. Il caso di Gustaf Kossinna diventa per Geary un punto di riferimento obbligato, non perché la genetica contemporanea riproponga meccanicamente la vecchia antropologia razziale, ma perché la tentazione di far coincidere popoli, territori, lingue, culture e ascendenze biologiche non è affatto scomparsa.[11]

La *Siedlungsarchäologie* kossinniana si fondava sull'idea che le province culturali, chiaramente delimitate, potessero essere attribuite a popoli altrettanto chiaramente definiti. Oggetti, pratiche funerarie, forme materiali e distribuzioni geografiche venivano lette come indicatori diretti di entità etniche omogenee. A questa sovrapposizione si aggiungeva spesso una dimensione biologica: il popolo era immaginato come comunità di origine, di sangue, di lingua, di cultura, di destino storico.

Geary sa bene che la genetica contemporanea non è l'antropologia fisica del primo Novecento. I suoi metodi sono diversi, la sua base empirica è incomparabilmente più solida, la sua capacità analitica infinitamente maggiore. Tuttavia, il rischio non riguarda soltanto la produzione scientifica dei dati. Riguarda anche la loro traduzione in linguaggio storico, la loro circolazione pubblica e le forme della loro ricezione. Un *cluster* genetico può essere interpretato come un popolo; una componente di ascendenza può essere trasformata in identità; una correlazione fra corredo funerario e profilo genetico può assumere il valore di una definizione etnica; una migrazione ricostruita

[9] Il riferimento è anche al primo capitolo di Geary, *The Myth of Nations*, significativamente intitolato "A Poisoned Landscape: Ethnicity and Nationalism in the Nineteenth Century." Sul rapporto fra barbari, archeologia, identità etniche e costruzioni moderne della razza, si veda anche James, *Europe's Barbarians*, 2-3 e 102-27.

[10] Sulla storia della ricerca sull'aDNA e sui suoi presupposti disciplinari si veda Bösl, *Doing Ancient DNA*. Per una riflessione specificamente medievistica: Feuchter, "The Middle Ages in the Genetics Lab"; Feuchter, "Mittelalterliche Migrationen."

[11] Geary richiama il caso di Gustaf Kossinna come paradigma di una pericolosa sovrapposizione fra cultura materiale, territorio, lingua, popolo e biologia. Di Kossinna si vedano almeno Kossinna, *Die deutsche Vorgeschichte*; Kossinna, *Ursprung und Verbreitung der Germanen*.

attraverso modelli statistici può essere narrata come il movimento unitario di una nazione antica.

È qui che Geary individua il pericolo di un "neo-kossinnismo genomico". Non si tratta necessariamente di una ripresa consapevole delle categorie razziali del passato, ma della possibilità che strumenti nuovi producano, anche involontariamente, vecchie forme di reificazione. Un profilo genetico più vicino a popolazioni moderne dell'Europa settentrionale non autorizza a definire un individuo "nordico" in senso culturale, sociale o etnico. La presenza, all'interno di uno stesso cimitero, di gruppi con ascendenze diverse non implica che quei gruppi corrispondessero a popoli distinti. Allo stesso modo, connessioni biologiche con regioni lontane non permettono, da sole, di ricostruire lo *status*, la lingua, l'identità vissuta o l'appartenenza politica degli individui interessati.

Il valore del libro di Geary consiste nel mantenere costantemente aperta questa distanza fra il dato genetico e il suo significato storico.

5. *La genetica come quarta traccia*

La tesi metodologica più forte del volume è che i dati genetici debbano essere trattati come fonti storiche: non superiori alle altre, né prove ultime, ma testimonianze di natura nuova da interrogare criticamente. Geary parla, in sostanza, di una "quarta traccia", da collocare accanto ai testi, alla cultura materiale e alle tradizioni orali, perché il DNA rende accessibili informazioni che nessun altro tipo di fonte potrebbe restituire.

Questa formula è efficace proprio perché evita due errori opposti. Il primo è il rifiuto difensivo: l'idea che la genetica non abbia nulla da dire agli storici, perché riguarderebbe soltanto la biologia. Il secondo è l'entusiasmo acritico: la convinzione che il DNA consenta finalmente di superare l'ambiguità delle fonti scritte e materiali. Geary rifiuta entrambe le posizioni. I dati genetici sono preziosi, ma non parlano da sé; del resto, nessun dato lo fa. Non i testi, che richiedono la critica della tradizione, l'analisi dei generi, l'attenzione alla retorica, ai contesti di produzione e alle finalità degli autori; non gli oggetti, che devono essere interpretati nei loro contesti d'uso, di deposizione, di circolazione e di classificazione; non le tradizioni orali, modellate dalla memoria selettiva, dalle condizioni della loro trasmissione e dalla loro dimensione performativa. Allo stesso modo, non parlano da sé neppure le sequenze genetiche.

Esse devono essere prodotte in laboratorio, selezionate, filtrate, confrontate, modellate, proiettate entro spazi statistici e interpretate alla luce di campioni antichi e moderni. Ciascuna di queste operazioni implica una scelta: la selezione degli individui da campionare, l'individuazione dei cimiteri ritenuti rappresentativi, la scelta dei database di confronto, il trattamento della bassa copertura del DNA antico, la distinzione fra contaminazione, rumore statistico e segnali storicamente significativi, il controllo delle categorie moderne di popolazione che rischiano di essere retroproiettate sul passato.

La forza pedagogica del libro sta anche qui. Geary non chiede agli storici di diventare genetisti. Auspica tuttavia che acquisiscano una sufficiente competenza critica per sottrarsi tanto ad atteggiamenti di rifiuto per ignoranza quanto di accettazione per deferenza. Dovrebbero quindi sapere che cosa siano una PCA, un'analisi di *admixture*, un segmento IBD, un'inferenza di parentela biologica, una componente di ascendenza, un campione di riferimento.[12] Dovrebbero anche tenere presente che una mappa genetica non è una mappa storica, che la prossimità statistica non coincide con l'origine geografica, che le popolazioni moderne non sono termini di confronto neutri per le popolazioni del passato.

L'esempio dell'analisi delle componenti principali, o PCA, è particolarmente istruttivo. Una PCA può collocare individui antichi in prossimità di popolazioni moderne dell'Europa settentrionale o meridionale. Ma questa prossimità non prova automaticamente che quegli individui provenissero da quelle regioni. Indica piuttosto una relazione statistica rispetto a un pannello di confronto, cioè all'insieme dei campioni antichi e moderni scelti per misurare somiglianze e distanze genetiche. Il grafico che ne risulta, proprio perché visivamente potente, può generare un'illusione di evidenza. Lo storico deve invece chiedersi quali campioni siano stati usati, quali varianti siano state considerate, quale sia la cronologia dei dati, quanto siano comparabili le popolazioni di riferimento e quali altre spiegazioni siano possibili.

Geary mostra anche, con esempi concreti, che la genetica può modificare non solo le domande, ma talvolta anche i risultati della ricerca. Nel caso della peste di Giustiniano, ad esempio, la filogenesi dei genomi di *Yersinia pestis* permette di riconsiderare l'origine e le vie di diffusione dell'epidemia, correggendo o almeno riformulando la narrazione trasmessa dalle fonti scritte. Nei casi di Szólád e Collegno, invece, l'integrazione di dati genetici, isotopici e archeologici consente di passare dalla domanda generale sulla migrazione longobarda alla ricostruzione di comunità concrete, gruppi di parentela, mobilità differenziate e processi di formazione delle élite.[13]

In questa prospettiva, la genetica non indebolisce la critica delle fonti. La estende.

6. *Dal popolo alla comunità*

Uno degli effetti più rilevanti dell'impostazione di Geary è lo spostamen-

[12] Per analisi di *admixture* si intendono i metodi con cui si stimano, in termini probabilistici, le diverse componenti di ascendenza presenti in un individuo o in una popolazione; per IBD (*identity by descent*), invece, si intendono segmenti di DNA condivisi fra individui perché ereditati da un antenato comune, utili per ricostruire relazioni di parentela biologica. Si chiarirà di seguito anche che cosa sia la PCA (*Principal Components Analysis*).

[13] Geary, *Comment la génétique*, 117-21, per il caso della peste di Giustiniano; 105-17, per Szólád e Collegno.

to di scala. Le domande meno interessanti, o comunque più pericolose, sono quelle che ripropongono in forma genetica i vecchi interrogativi sull'origine dei popoli, cercando nel DNA la provenienza dei Longobardi, l'identità biologica degli Unni, il profilo genetico degli Avari o la patria originaria degli Slavi.

Queste domande non sono sempre illegittime. Il problema è che spesso presuppongono ciò che andrebbe dimostrato: che un nome etnico corrisponda a un gruppo biologicamente coerente; che una migrazione attestata dalle fonti equivalga a uno spostamento demografico omogeneo; che una cultura materiale sia il riflesso di una popolazione; che una comunità politica coincida con una comunità di discendenza.

Le domande più feconde sono altre. Riguardano la struttura delle comunità locali, le reti di parentela biologica ricostruibili nei cimiteri, le pratiche matrimoniali endogamiche o esogamiche, i diversi profili di mobilità di donne e uomini, il rapporto fra dieta, status funerario e ascendenza. Riguardano anche la possibile corrispondenza fra distinzione biologica e differenziazione sociale, così come il significato dei corredi funerari in rapporto all'origine, allo status, al genere, al ruolo, all'appartenenza familiare, alla memoria del gruppo o alla rivendicazione di una determinata posizione sociale.[14]

È forse in questo spostamento dello sguardo, dalle grandi denominazioni collettive alle comunità concrete, che si coglie la maggiore novità degli studi archeogenetici, quando sono usati con cautela. La genetica non serve allora a dare un fondamento biologico ai nomi collettivi presenti nelle fonti. Può piuttosto rendere visibili relazioni sociali che i testi non descrivono e che l'archeologia, da sola, può soltanto ipotizzare. Può rivelare che un cimitero è organizzato attorno a gruppi parentali; che uomini e donne seguivano percorsi diversi di mobilità, residenza e integrazione; che una determinata comunità praticava l'esogamia femminile; che individui con profili genetici differenti potevano anche condividere gli stessi rituali di sepoltura; che una distinzione di ascendenza non si traduceva necessariamente in differenze visibili nella deposizione dei morti; o, al contrario, che alcune differenze biologiche coincidevano con forme di gerarchia o separazione nello spazio cimiteriale.

La storia che emerge non è più semplice. È più complessa.

7. *Longobardi, Pannonia, HistoGenes*

Gli studi legati ai Longobardi e alla Pannonia mostrano bene il progressivo affinamento di questo approccio. Già nel 2014 Geary presentava la possibilità di ripensare le cosiddette "invasioni barbariche" attraverso la storia genomica, ma lo faceva con un obiettivo dichiarato: tenere distinte le identità definite sul piano culturale o politico dalle dinamiche demografiche delle po-

[14] Sull'esigenza di non ridurre le pratiche funerarie a specchi immediati di identità etniche o biologiche, si veda Effros, *Merovingian Mortuary Archaeology*.

polazioni.[15] Non si trattava di dimostrare che i Longobardi fossero "davvero" un popolo geneticamente unitario, ma di comprendere quale impatto demografico avessero avuto movimenti, conquiste, insediamenti e trasformazioni sociali.

Nel 2016, insieme a Krishna Veeramah, Geary insisteva sui limiti dell'uso del DNA moderno per ricostruire migrazioni avvenute nel passato storico.[16] I primi studi fondati su DNA mitocondriale (mtDNA) e cromosoma Y, relativi soprattutto a campioni contemporanei, avevano permesso di formulare ipotesi su migrazione ed eterogeneità, ma restavano limitati a una porzione minima dell'eredità genetica complessiva.[17] Le popolazioni attuali sono il risultato di secoli di mobilità, mescolamenti, crisi demografiche, espansioni, contrazioni e trasformazioni politiche. Usarle come sostituti diretti delle popolazioni antiche è metodologicamente rischioso.[18] Occorre invece sequenziare il DNA antico, inserirlo in contesti archeologici solidi, interpretarlo con la collaborazione di storici e archeologi fin dalla formulazione delle domande.[19]

Gli studi successivi sui cimiteri associati alla cultura longobarda, in particolare quelli su Szólád e Collegno, hanno dato concretezza a questa impostazione.[20] Tali studi hanno mostrato l'esistenza di comunità funerarie organizzate attorno a grandi gruppi parentali, con differenze di ascendenza, corredo e posizione sociale.[21] Le ricerche sulla migrazione di età longobarda hanno poi ampliato il quadro, mostrando somiglianze genetiche fra necropoli cul-

[15] Per una prima formulazione del progetto di applicare la ricerca genomica alla cosiddetta età delle migrazioni, si veda Geary, "Rethinking Barbarian Invasions."
[16] Geary e Veeramah, "Mapping European Population Movement."
[17] Geary e Veeramah, "Mapping European Population Movement," 65-6. Il DNA mitocondriale è trasmesso quasi esclusivamente per linea materna, mentre il cromosoma Y segue la linea paterna maschile. Entrambi sono quindi utili per ricostruire specifiche linee di discendenza, ma rappresentano soltanto una porzione molto limitata dell'eredità genetica complessiva, a differenza delle analisi *genome-wide* fondate su ampie porzioni del genoma. In questa fase di transizione si colloca anche Vai, Ghirotto, Pilli et al., "Genealogical Relationships," studio pilota su campioni altomedievali piemontesi archeologicamente definiti come longobardi, al quale parteciparono anche Krishna R. Veeramah e Patrick J. Geary. Il lavoro, fondato sulla regione ipervariabile I del DNA mitocondriale, mostrava la possibilità di individuare alcuni rapporti genealogici fra popolazioni medievali e moderne, ma ne riconosceva anche i limiti: gli stessi autori sottolineavano la necessità di analisi fondate su più campioni, più marcatori e regioni più ampie del genoma.
[18] Un precedente significativo è offerto da Mezzavilla, Vozzi, Pirastu et al., "Genetic Landscape," discusso nel maggio 2016 presso il Dipartimento di Studi umanistici dell'Università di Napoli Federico II con gli autori dello studio. Il lavoro ricostruiva modelli di *admixture* e di migrazione lungo la "via della seta" sulla base di DNA moderno, utilizzando dati genetici e fenotipici raccolti dalla campagna scientifica "Marco Polo" in sei regioni del Caucaso e dell'Asia centrale. Il caso è metodologicamente istruttivo perché mostra, accanto alla fecondità degli strumenti di analisi, i limiti di inferenze storiche fondate su popolazioni contemporanee e su *dataset* costruiti nel quadro di finalità prevalentemente genetico-fenotipiche e biomediche.
[19] Geary e Veeramah, "Mapping European Population Movement," 65-6 e 77-8, per la critica dell'uso del DNA moderno nella ricostruzione dei processi migratori degli ultimi quindici secoli e per la necessità di integrare storici e archeologi già nella progettazione, raccolta e valutazione dei dati.
[20] Amorim, Vai, Posth et al., "Understanding 6th-Century Barbarian Social Organization."
[21] Lo studio su Szólád e Collegno ha mostrato che ciascuno dei due cimiteri era organizzato attorno a un ampio gruppo parentale e che in entrambi i casi si potevano distinguere gruppi con

turalmente associate ai Longobardi in Ungheria e in Italia, ma anche dinamiche complesse di contatto e mescolamento.[22] I risultati indicano scenari compatibili con forme di mobilità fra Pannonia e Italia, ma non autorizzano ad associare automaticamente gruppi genetici e identità longobarde. Il punto più importante non è stabilire se gli individui fossero "Longobardi" in senso biologico, ma capire come gruppi di parentela, pratiche funerarie, status e mobilità si intrecciassero nel contesto della formazione delle nuove società post-romane.

HistoGenes amplia radicalmente questa prospettiva.[23] Nato come ERC Synergy Grant attorno alla collaborazione fra Walter Pohl, Johannes Krause, Tivadar Vida e Patrick J. Geary, il progetto assume il bacino dei Carpazi fra 400 e 900 come laboratorio privilegiato per studiare il rapporto fra identità etniche costruite nei testi, *habitus* culturali attestati dall'archeologia e profili genetici analizzabili attraverso il DNA antico.[24] La regione è particolarmente adatta a questo scopo perché attraversata, in pochi secoli, da trasformazioni di straordinaria densità: la crisi dell'ordine romano, il dominio unno, i regni gotici e gepidi, la presenza longobarda, l'espansione avara, la formazione di comunità slave, l'intervento franco.

In un contesto del genere, i nomi dei popoli attestati nelle fonti sono indispensabili ma insufficienti. Essi appartengono spesso a narrazioni prodotte dall'esterno, cariche di stereotipi, interessi politici e categorie etnografiche greco-romane. L'archeologia offre un altro livello di osservazione, ma anch'esso non è immediatamente traducibile in identità.[25] La genetica introduce un terzo, o meglio un quarto, piano di analisi: parentela biologica, mobilità, ascendenza, continuità e discontinuità demografica. Nessuno di questi piani prevale sugli altri; è piuttosto dal loro confronto che prende forma la conoscenza storica.

ascendenze diverse, associati anche a differenze nelle pratiche funerarie. Si veda Amorim, Vai, Posth et al., "Understanding 6th-Century Barbarian Social Organization."

[22] Vai, Brunelli, Modi et al., "A Genetic Perspective."

[23] Sul progetto *HistoGenes* si veda Pohl, Krause, Vida e Geary, "Integrating Genetic, Archaeological, and Historical Perspectives."

[24] Pohl, Krause, Vida e Geary, "Integrating Genetic, Archaeological, and Historical Perspectives," 213-4. Gli autori presentano il bacino dei Carpazi fra 400 e 900 come un laboratorio privilegiato per studiare il rapporto fra identità etniche costruite nei testi, habitus culturali attestati archeologicamente e profili genetici analizzabili attraverso il DNA antico.

[25] Sulla funzione degli etnonimi tardoantichi come dispositivi cognitivi, amministrativi, scolastici e cartografici, si veda Liccardo, *Old Names, New Peoples*, in particolare 1-16. Per una discussione metodologica del rapporto fra etnonimi ed etnicità altomedievale, e sui rischi di assumere i nomi dei popoli come indicatori immediati di gruppi sociali omogenei, si veda Pohl, "Ethnonyms and Early Medieval Ethnicity." Sui diversi livelli – pragmatico, etnografico e ideologico – attraverso i quali l'impero romano classificava le popolazioni esterne, ricorrendo anche a grandi denominazioni-ombrello, si veda inoltre Pohl, "Barbarians and the Roman Empire," 5-6. Sulla necessità di formulare nuove domande archeologiche, anziché cercare nell'aDNA vecchie risposte identitarie, si veda Brather, "New Questions instead of Old Answers."

8. *Il bacino dei Carpazi come laboratorio*

Gli studi più recenti sulla Pannonia del V-VI secolo hanno restituito un quadro ancora più articolato, mostrando una notevole diversità genetica anche fra comunità archeologicamente simili.[26] Nel volume francese di Geary il bacino dei Carpazi non è soltanto un caso di studio. È il banco di prova dell'intero metodo. Geary mostra come l'integrazione fra genetica, archeologia, isotopi e fonti scritte consenta di formulare domande più precise su mobilità, strutture sociali, pratiche funerarie, parentela e trasformazioni politiche.

Il caso degli Unni è esemplare. La tradizione storiografica e l'immaginario europeo hanno spesso rappresentato l'arrivo degli Unni come lo spostamento massiccio di un popolo delle steppe verso l'Europa.[27] I dati genetici, nella lettura di Geary, suggeriscono un quadro diverso. Emergono connessioni con l'Asia centrale e con il mondo delle steppe, insieme a pratiche culturali e segni di prestigio collegati a quell'orizzonte, nonché a individui con profili genetici particolari. Ma questo non implica necessariamente un ricambio demografico massiccio. Il dominio politico degli Unni, la loro capacità militare, la loro funzione di élite e il loro impatto simbolico non coincidono con il semplice movimento di una popolazione omogenea.

Il caso longobardo permette una riflessione analoga. Le fonti narrano movimenti, conquiste, trasferimenti. L'archeologia individua pratiche funerarie e corredi associati, in modo più o meno tradizionale, alla cultura longobarda. La genetica mostra differenze di ascendenza e possibili continuità fra alcune comunità della Pannonia e dell'Italia settentrionale. Ma il compito dello storico non è sovrapporre meccanicamente questi tre piani. È comprendere dove coincidono, dove divergono e che cosa significhino le loro divergenze.

Gli studi sugli Avari aprono una prospettiva di osservazione più ravvicinata.[28] La ricostruzione, attraverso il DNA antico, di genealogie biologiche estese permette di cogliere strutture di parentela, pratiche matrimoniali, patrilinearità, esogamia femminile e forme di coesione interna delle comunità con una precisione che le sole fonti scritte non avrebbero mai consentito.[29] In questo caso, la genetica non produce una storia dell'origine degli Avari, ma una storia sociale delle comunità avare.[30] Sposta l'attenzione sulla famiglia, sulla memoria genealogica, sulle pratiche matrimoniali, sulla continuità o sul ricambio delle comunità e sui riallineamenti politici locali. È una storia del

[26] Vyas, Koncz, Modi et al., "Fine-Scale Sampling."
[27] Geary, *Comment la génétique*, 94-8.
[28] Gnecchi-Ruscone, Szécsényi-Nagy, Koncz et al., "Ancient Genomes Reveal Origin."
[29] Gnecchi-Ruscone, Rácz, Samu et al., "Network of Large Pedigrees." Per un inquadramento antropologico del concetto di parentela, utile a distinguere relazioni biologiche, pratiche sociali e forme di appartenenza, si veda Carsten, *After Kinship*.
[30] Lo studio sugli Avari del 2024 è particolarmente rilevante perché ricostruisce grandi genealogie attraverso il DNA antico, mettendo in luce un sistema di parentela patrilineare, patrilocalità, esogamia femminile, pratiche di levirato e memoria genealogica protratta per più generazioni. Si veda Gnecchi-Ruscone, Rácz, Samu et al., "Network of Large Pedigrees."

potere e della società, non soltanto della popolazione. Il caso avaro mostra così, in modo particolarmente chiaro, come storia politica, archeologia funeraria e genetica possano illuminare aspetti diversi di uno stesso processo storico, senza per questo sovrapporsi né coincidere pienamente.[31]

A mio avviso, un'analoga direzione di ricerca si ritrova, in prospettiva comparativa e pur fuori dal bacino dei Carpazi, in un recentissimo studio sugli Sciti dell'età del Ferro della steppa eurasiatica.[32] Anche in questo caso, l'archeogenetica non serve a identificare un "popolo" in senso biologico, ma a ricostruire la struttura sociale delle élite: reti di parentela, continuità genealogica, livelli più elevati di ROH e indizi di trasmissione ereditaria del rango.[33] Proprio per questo il lavoro è metodologicamente istruttivo anche per lo storico dell'alto medioevo: mostra che il DNA antico offre i risultati più fecondi quando contribuisce a ricostruire comunità concrete, relazioni familiari e forme di differenziazione sociale, non quando pretende di trasformare un profilo genetico in identità storica.[34]

Il risultato più interessante di queste indagini è che la genetica, quando è usata in questo modo, non riduce la cultura alla biologia. Al contrario, mostra quanto le pratiche culturali possano attraversare, assorbire o rielaborare differenze di ascendenza. Individui con ascendenze diverse possono condividere riti, oggetti, diete e appartenenze sociali. Gruppi geneticamente affini possono differire per status o trattamento funerario. Una comunità può incorporare elementi esterni senza perdere continuità. La mobilità non implica sempre rottura; la continuità biologica non implica immobilità culturale.

Un ulteriore banco di prova è, a mio avviso, offerto dagli studi più recenti sulla diffusione degli Slavi. In questo caso il dato genetico sembra essere particolarmente significativo: le trasformazioni fra VI e VIII secolo appaiono legate a movimenti demografici di ampia scala, difficilmente riducibili a pura acculturazione locale. E tuttavia proprio questo caso mostra quanto sia necessaria la cautela metodologica proposta da Geary. Anche quando l'ascendenza biologica documenta una discontinuità profonda, essa non coincide automaticamente con un'identità etnica. Il nome "Slavi", le culture materiali associate ai primi insediamenti slavi, la diffusione delle lingue slave e i profili genetici individuati dall'archeogenetica appartengono a piani diversi, intrecciati ma

[31] Per il rapporto fra storia, archeologia e genetica nel caso avaro, si veda anche Pohl, *The Avars*, che amplia Pohl, *Die Awaren*.

[32] Ghalichi, Seidualy, Rohrlach et al., "Ancient DNA reveals elite dynastic rule among Iron Age Eurasian Steppe nomads."

[33] Per ROH (*runs of homozygosity*) si intendono segmenti continui del genoma caratterizzati da omozigosi, generalmente interpretati come indizio di parentela ravvicinata tra gli antenati e, più in generale, di una relativa chiusura riproduttiva del gruppo.

[34] Si veda Ghalichi, Seidualy, Rohrlach et al., "Ancient DNA reveals elite dynastic rule among Iron Age Eurasian Steppe nomads," che, su 85 individui (38 "élite" e 47 "non-élite"), identifica una maggiore *relatedness* tra le élite, livelli più alti di ROH, una rete di IBD più densa e rapporti nonno-nipoti tra cimiteri diversi, interpretati come indizio di trasmissione ereditaria del rango; significativamente, gli autori insistono però anche sull'eterogeneità delle ascendenze e sull'assenza di un chiaro segnale patrilocale o matrilocale.

non sovrapponibili. La genetica consente dunque di reintrodurre con forza la dimensione demografica della migrazione, ma non autorizza a trasformare questa migrazione nel movimento compatto di un popolo biologicamente definito.[35]

9. *Un campo in espansione: il caso della Sicilia medievale*

La rilevanza del libro di Geary appare ancora più evidente se si considera la rapida e recente diffusione di studi archeogenetici applicati a contesti storicamente documentati e culturalmente complessi. Un esempio significativo è offerto dall'articolo pubblicato alla fine di giugno 2026 su *PLOS ONE*, dedicato alle storie genetiche di individui vissuti nella Sicilia medievale, caratterizzata da una pluralità di appartenenze religiose.[36]

Il caso siciliano è diverso da quello del bacino carpatico, ma proprio per questo è utile. Non si tratta più soltanto di comunità funerarie associate alle migrazioni altomedievali, né di aree di frontiera tra mondo romano e società post-romane. Siamo invece in un'isola mediterranea attraversata da dominazioni bizantine, islamiche, normanne, sveve e aragonesi; da mobilità commerciali, militari, religiose e forse anche servili; da forme di convivenza e di separazione fra comunità cristiane, musulmane ed ebraiche; da regimi politici successivi e da una documentazione relativamente ricca.

Lo studio prende in esame un numero consistente di individui e di siti, ma mette anche in luce alcuni limiti ricorrenti di questo tipo di indagini.[37] Non tutti i campioni restituiscono dati sufficientemente utilizzabili. Gli intervalli cronologici forniti dalle datazioni al radiocarbonio possono coprire più fasi politiche. Le pratiche funerarie, inoltre, non si sovrappongono in modo stabile ai profili genetici.[38] Alcune componenti genetiche risultano attestate prima delle conquiste alle quali si sarebbe tentati di associarle. La presenza di ascendenze nordafricane anteriori alla conquista islamica, ad esempio, complica ogni lettura lineare del rapporto fra regime politico e demografia.[39] Analogamente, la presenza di individui nei quali sono riconoscibili compo-

[35] Gretzinger, Biermann, Mager et al., "Ancient DNA connects large-scale migration with the spread of Slavs." Per una discussione del caso slavo come intreccio fra diffusione demica e costruzione simbolica dell'identità, si veda Delle Donne, "Beyond Genes."
[36] Monnereau, Orecchioni, Hamilton et al., "Genetic Histories."
[37] Lo studio sulla Sicilia medievale analizza 111 individui archeologici, ottenendo inferenze mitocondriali per 67 individui e analisi *genome-wide* per 32 individui datati fra V e XV secolo. Si veda Monnereau, Orecchioni, Hamilton et al., "Genetic Histories."
[38] Monnereau, Orecchioni, Hamilton et al., "Genetic Histories." Particolarmente utile, in prospettiva metodologica, è l'osservazione secondo cui le pratiche funerarie non corrispondono in modo stabile a gruppi genetici, se non in alcuni casi specifici, come Segesta.
[39] Monnereau, Orecchioni, Hamilton et al., "Genetic Histories." Gli autori sottolineano che alcune componenti nordafricane sono presenti prima della conquista islamica dell'isola e che ciò limita la possibilità di attribuire meccanicamente specifiche ascendenze a singoli passaggi di regime politico.

nenti di ascendenza subsahariana o nordeuropea apre domande su mobilità mediterranee di lungo raggio, ma non consente, da sola, di determinare status sociale, condizione libera o servile, identità religiosa o ruolo economico.

L'articolo sulla Sicilia è interessante proprio perché mette in luce, al tempo stesso, le potenzialità e i rischi dell'archeogenetica applicata a contesti storici. Pur rifiutando narrazioni semplici di sostituzione della popolazione e mostrando la complessità dei movimenti mediterranei, il suo stesso lessico – *regime change*, *burial rites*, *ancestry components*, *crystallization of modern Sicilians* – rivela quanto sia facile ricondurre i risultati genetici entro cornici narrative molto coese. Il problema non sta necessariamente nelle conclusioni degli autori, spesso caute, ma nella forza delle categorie che questo campo di studi tende a mobilitare.[40]

È qui che la lezione di Geary diventa particolarmente preziosa.[41] In un contesto come la Sicilia medievale, distinguere ascendenza, mobilità, riti funerari, appartenenza religiosa, status giuridico, lingua, cultura materiale e identità politica è essenziale. La genetica può mostrare che la società era più mobile, più connessa e più eterogenea di quanto alcune narrazioni lasciassero supporre; non può però dire, da sola, che cosa significasse essere cristiano, musulmano, ebreo, greco, latino, arabo, berbero, schiavo, mercante, soldato o contadino. Può sollevare domande, non fornire risposte definitive.

Va tuttavia precisato che il caso siciliano non può essere trasformato in un esempio negativo, da contrapporre a un uso più sorvegliato dell'archeogenetica, ma va letto come una conferma dell'attualità delle cautele metodologiche proposte da Geary. Questo campo di studi, applicato ai secoli medievali, si sta estendendo rapidamente e ha quindi bisogno di una grammatica storica capace di impedire che l'ascendenza venga confusa con l'identità, il rito con l'origine, la mobilità con la migrazione di popoli, la correlazione con la causalità.

10. *Modelli, linguaggi, ricezione*

Rimane aperta una questione decisiva: come comunicare questi risultati? Geary insiste più volte sul carattere provvisorio dei modelli. I modelli genetici, come tutti i modelli, inevitabilmente semplificano.[42] Sono imperfetti, parziali, dipendenti dai dati disponibili e dalle domande poste. Possono essere utili proprio perché riducono la complessità a forme analizzabili, ma diventano pericolosi quando la riduzione viene scambiata per la realtà.

[40] Sul rischio di trasformare correlazioni genetiche in identità storiche compatte si veda anche Eisenmann, Bánffy, van Dommelen et al., "Reconciling Material Cultures."

[41] Per una discussione generale sull'uso delle categorie di popolazione nella genetica contemporanea e sui rischi di naturalizzazione dell'identità, si veda anche Comaroff e Comaroff, *Ethnicity*.

[42] Sul carattere necessariamente approssimativo dei modelli e sulla nota osservazione secondo cui tutti i modelli sono imperfetti, ma alcuni sono utili, si veda Box e Draper, *Empirical Model-Building*, 424.

Il problema è particolarmente acuto perché il dato genetico possiede, nella percezione pubblica, un'autorità superiore.[43] Una percentuale di ascendenza, una PCA, un *cluster*, un segmento condiviso di DNA sembrano più solidi di una fonte narrativa ambigua o di un corredo funerario interpretabile in modi diversi. Anche quando gli studiosi sono prudenti, i risultati possono essere tradotti in formule giornalistiche o identitarie: "il DNA rivela chi erano i Longobardi", "gli Avari venivano dall'Asia", "la Sicilia medievale era geneticamente africana", "gli Slavi erano…". La complessità metodologica viene compressa in una frase.

Ma il linguaggio non è un elemento secondario. Termini come popolazione, etnia, ascendenza, identità, migrazione, diffusione, parentela, comunità, continuità e sostituzione non sono intercambiabili. Geary lo sa bene perché gran parte della sua opera è stata dedicata proprio alla critica dei linguaggi identitari. La genetica rende questa critica ancora più necessaria. Se usiamo con leggerezza le parole, rischiamo di trasformare la quarta traccia in una nuova metafisica dell'origine.

La questione riguarda anche il rapporto fra discipline. Gli articoli di genetica hanno spesso formati, tempi e strutture argomentative diversi da quelli degli storici e degli archeologi: sono brevi, firmati da gruppi numerosi di autori, densamente tecnici, costruiti attorno a grafici, dataset, metodi e risultati. Gli storici lavorano più spesso attraverso narrazioni estese, discussione delle fonti, analisi contestuali, note e interpretazioni stratificate. L'interdisciplinarità non consiste semplicemente nell'includere uno storico in un progetto genetico, o un genetista in un progetto storico. Richiede la definizione comune delle domande, delle strategie di campionamento, delle categorie interpretative e persino delle forme di pubblicazione. Gli storici, in altri termini, non possono limitarsi a fornire contesti, cronologie o casi di studio già pronti: devono partecipare alla costruzione dei problemi e vigilare sugli usi selettivi della documentazione storica.

È forse questo uno degli aspetti più importanti dell'esperienza di *HistoGenes*: non la semplice accumulazione di dati, ma la costruzione di un ambiente di ricerca nel quale produzione dei dati, formulazione delle domande e interpretazione storica procedano insieme.[44]

[43] Un esempio particolarmente istruttivo della forza attrattiva esercitata dai modelli evolutivi derivati dalla genetica è offerto dal caso di Russell Gray. Applicando alla linguistica storica metodi computazionali mutuati dalla biologia evolutiva, Gray e i suoi collaboratori hanno sostenuto dapprima una ricostruzione filogenetica dell'espansione austronesiana, poi una localizzazione anatolica e una cronologia alta dell'origine delle lingue indoeuropee. Il profilo pubblicato da *Science* nel 2014 riassumeva efficacemente questa impostazione nella formula "words are just like genes". Il caso mostra bene la fecondità euristica di tali modelli, ma anche il rischio di una loro estensione indebita a oggetti storici, linguistici e culturali la cui trasmissione non coincide con quella biologica. Si veda Gray e Jordan, "Language Trees"; Gray e Atkinson, "Language-Tree Divergence Times"; Bouckaert, Lemey, Dunn et al., "Mapping the Origins"; Morell, "No Miracles."

[44] Feuchter, "The Middle Ages in the Genetics Lab," 110-11; Pohl, Krause, Vida e Geary, "Integrating Genetic, Archaeological, and Historical Perspectives," 214-5.

11. *Una conclusione aperta*

Il libro di Geary non propone una storia genetica dell'alto medioevo nel senso riduttivo dell'espressione. Propone piuttosto una storia capace di integrare la genetica senza esserne dominata. Non cerca l'origine biologica dei popoli, ma le condizioni storiche attraverso cui comunità, famiglie, élite, gruppi locali e reti di mobilità si formarono, si trasformarono, furono rappresentate e si autorappresentarono.

In questa prospettiva, la genetica riscrive la storia del medioevo non perché cancelli le interpretazioni precedenti, ma perché obbliga a riformulare alcune domande. Non più soltanto quali popoli migrarono, ma quali individui si mossero; quali gruppi familiari si formarono; quali donne e quali uomini attraversarono confini diversi; quali pratiche matrimoniali organizzarono le comunità; quali forme di distinzione sociale si fondarono, o non si fondarono, sull'ascendenza biologica; quali identità furono rivendicate, attribuite, dimenticate o trasformate.

Il risultato non è un medioevo più biologico. È, al contrario, un medioevo più storico, perché più attento alla pluralità delle tracce e alla complessità dei processi. Nella prospettiva di Geary, la genetica non restituisce ai popoli un'essenza. Mostra piuttosto quanto fragili siano le nostre categorie quando vengono usate per racchiudere in un solo nome fenomeni diversi: ascendenza, cultura, lingua, diritto, rito, status, potere, memoria.

Proprio per questo il volume ha un valore che supera il campo specifico dell'archeogenetica altomedievale. Pone una questione generale sul mestiere dello storico nell'età delle scienze dei dati: la possibilità di accogliere nuove forme di documentazione senza rinunciare alla critica, di collaborare con le scienze naturali senza subordinarsi ai loro modelli, di riconoscere la forza conoscitiva del DNA antico senza trasformarlo in destino.

In questo senso, la riflessione di Geary può essere accostata, pur nella diversità degli oggetti e delle scale di osservazione, alle sollecitazioni di Daniel L. Smail a ripensare i confini documentari e disciplinari della storia.[45] Il punto comune è il rifiuto di identificare la storia con la sola tradizione scritta e l'apertura a tracce prodotte o rese leggibili dalle scienze naturali. La differenza, tuttavia, resta netta: Smail guarda alla storia profonda dell'umanità e all'interazione di lunga durata fra biologia, cervello e cultura; Geary si muove invece entro contesti storici più circoscritti e documentati, nei quali il DNA antico non serve a fondare biologicamente le identità, ma a riformulare le domande storiche su mobilità, parentela, comunità e appartenenza.

Da qui deriva una prudenza metodologica che non coincide con la rinuncia a conoscere, ma con la consapevolezza che nessuna fonte restituisce da

[45] Su una diversa, ma affine, sollecitazione a ripensare i confini documentari e disciplinari della storia, si veda Smail, *Storia profonda*; per una discussione retrospettiva dello stesso Smail su *On Deep History and the Brain* come esperimento intellettuale e sulla neurostoria come argomento più che come metodologia, si veda Rao, "An interview with Daniel L. Smail," 437-8.

sola la totalità del passato. I testi, gli oggetti, i corpi, gli isotopi, i genomi sono frammenti. La storia nasce dal loro confronto, dalle loro convergenze, dalle loro contraddizioni. È in questo spazio critico, e non nel sogno di una prova definitiva, che la genetica può davvero contribuire a riscrivere la storia del Medioevo.

Opere citate

Amorim, Carlos Eduardo G., Stefania Vai, Cosimo Posth, Alessandra Modi, István Koncz, Susanne Hakenbeck, Maria Cristina La Rocca, Balazs Mende, Dean Bobo, Walter Pohl, Luisella Pejrani Baricco, Elena Bedini, Paolo Francalacci, Caterina Giostra, Tivadar Vida, Daniel Winger, Uta von Freeden, Silvia Ghirotto, Martina Lari, Guido Barbujani, Johannes Krause, David Caramelli, Patrick J. Geary, and Krishna R. Veeramah. "Understanding 6th-Century Barbarian Social Organization and Migration through Paleogenomics." *Nature Communications* 9 (2018): 3547. https://doi.org/10.1038/s41467-018-06024-4.

Bösl, Elsbeth. *Doing Ancient DNA: Zur Wissenschaftsgeschichte der aDNA-Forschung*. Bielefeld: transcript, 2017.

Bouckaert, Remco, Philippe Lemey, Michael Dunn, Simon J. Greenhill, Alexander V. Alekseyenko, Alexei J. Drummond, Russell D. Gray, Marc A. Suchard, and Quentin D. Atkinson. "Mapping the Origins and Expansion of the Indo-European Language Family." *Science* 337, no. 6097 (2012): 957-60. https://doi.org/10.1126/science.1219669.

Box, George E. P., and Norman R. Draper. *Empirical Model-Building and Response Surfaces*. New York: Wiley, 1987.

Brather, Sebastian. *Ethnische Interpretationen in der frühgeschichtlichen Archäologie: Geschichte, Grundlagen und Alternativen*. Berlin-New York: De Gruyter, 2004.

Brather, Sebastian. "New Questions instead of Old Answers: Archaeological Expectations of aDNA Analysis." *Medieval Worlds* 4, *The Genetic Challenge to Medieval History and Archaeology*, edited by Walter Pohl and Andre Gingrich (2016): 22-41. https://doi.org/10.1553/medievalworlds_no4_2016s22.

Carsten, Janet. *After Kinship*. Cambridge: Cambridge University Press, 2004.

Comaroff, Jean, and John L. Comaroff. *Ethnicity, Inc*. Chicago-London: University of Chicago Press, 2009.

Delle Donne, Roberto. "Beyond Genes: Slavic Ethnogenesis between Demic Diffusion and Symbolic Construction." In *Tra Est e Ovest: spazi contesi, politiche del passato, rapporti internazionali nell'Europa contemporanea / Between East and West: Disputed Territories, Policies of the Past, and International Relations in Contemporary Europe*, edited by Giovanna Cigliano, Luca Micheletta, and Stefano Petrungaro. Napoli: FedOA Press, 2026, in corso di stampa.

Effros, Bonnie. *Merovingian Mortuary Archaeology and the Making of the Early Middle Ages*. Berkeley-Los Angeles-London: University of California Press, 2003.

Eisenmann, Stefanie, Eszter Bánffy, Peter van Dommelen, Kerstin P. Hofmann, Joseph Maran, Iosif Lazaridis, Alissa Mittnik, Michael McCormick, Johannes Krause, David Reich, and Philipp W. Stockhammer. "Reconciling Material Cultures in Archaeology with Genetic Data: The Nomenclature of Clusters Emerging from Archaeogenomic Analysis." *Scientific Reports* 8 (2018): 13003. https://doi.org/10.1038/s41598-018-31123-z.

Feuchter, Jörg. "Mittelalterliche Migrationen als Gegenstand der 'Genetic History'." In *Vom Wandern der Völker: Migrationserzählungen in den Altertumswissenschaften*, hrsg. von Felix Wiedemann, Kerstin P. Hofmann, und Hans-Joachim Gehrke, 347-70. Berlin: Edition Topoi, 2017. https://doi.org/10.17171/3-41-12.

Feuchter, Jörg. "The Middle Ages in the Genetics Lab." In *Making the Medieval Relevant: How Medieval Studies Contribute to Improving our Understanding of the Present*, edited by Chris Jones, Conor Kostick, and Klaus Oschema, 99-112. *Das Mittelalter. Perspektiven mediävistischer Forschung. Beihefte* 6. Berlin-Boston: De Gruyter, 2020. https://doi.org/10.1515/9783110546316-004.

Geary, Patrick J. *Before France and Germany: The Creation and Transformation of the Merovingian World*. New York-Oxford: Oxford University Press, 1988.

Geary, Patrick J. *Comment la génétique réécrit l'histoire du Moyen Âge*. Paris: CNRS Éditions, 2025.

Geary, Patrick J. "Ethnic Identity as a Situational Construct in the Early Middle Ages." *Mitteilungen der Anthropologischen Gesellschaft in Wien* 113 (1983): 15-26.

Geary, Patrick J. *Herausforderungen und Gefahren der Integration von Genomdaten in die Erforschung der frühmittelalterlichen Geschichte*. Göttingen: Wallstein Verlag, 2020.

Geary, Patrick J. *Resequencing the Middle Ages through Archaeogenetics: Interpreting the Past through Science and History*. Debates in Archaeology. London: Bloomsbury Academic, 2026.

Geary, Patrick J. *The Myth of Nations: The Medieval Origins of Europe*. Princeton-Oxford: Princeton University Press, 2002, trad. it. *Il mito delle nazioni. Le origini medievali dell'Europa*. Roma: Carocci, 2009.
Geary, Patrick J. "Rethinking Barbarian Invasions through Genomic History." *Hungarian Archaeology E-Journal* (Autumn 2014): 1-8.
Geary, Patrick J., and Krishna R. Veeramah. "Mapping European Population Movement through Genomic Research." *Medieval Worlds* 4 (2016): 65-78. https://doi.org/10.1553/medievalworlds_no4_2016s65.
Ghalichi, Ayshin, Madina Seidualy, Adam B. Rohrlach, Lyazzat Musralina, Guido Gnecchi-Ruscone, Taylor Hermes, Elmira Khussainova, Nurzhibek Kahbatkyzy, Bakhytzhan Bekmanov, Olzhas Iksan, Nazym Altynova, Jonathan Tuke, Matthew Roughan, Baurzhan Baitanayev, Akhan Onggaruly, Gulmira Mukhtarova, Abdesh Toleubayev, Rinat Zhumatayev, Bakkeldi Rysbek, Zainolla Samashev, Arman Beisenov, Choongwon Jeong, Wolfgang Haak, Leyla Djansugurova, Johannes Krause, and Ainash Childebayeva. "Ancient DNA Reveals Elite Dynastic Rule among Iron Age Eurasian Steppe Nomads." *Science Advances* 12, no. 27 (2026): eaef0108. https://doi.org/10.1126/sciadv.aef0108.
Gnecchi-Ruscone, Guido Alberto, Anna Szécsényi-Nagy, István Koncz, Gergely Csiky, Zsófia Rácz, A. B. Rohrlach, Guido Brandt, Nadin Rohland, Veronika Csáky, Olivia Cheronet, Bea Szeifert, Tibor Ákos Rácz, András Benedek, Zsolt Bernert, Norbert Berta, Szabolcs Czifra, János Dani, Zoltán Farkas, Tamara Hága, Tamás Hajdu, Mónika Jászberényi, Viktória Kisjuhász, Barbara Kolozsi, Péter Major, Antónia Marcsik, Bernadett Ny. Kovacsóczy, Csilla Balogh, Gabriella M. Lezsák, János Gábor Ódor, Márta Szelekovszky, Tamás Szeniczey, Judit Tárnoki, Zoltán Tóth, Eszter K. Tutkovics, Balázs G. Mende, Patrick Geary, Walter Pohl, Tivadar Vida, Ron Pinhasi, David Reich, Zuzana Hofmanová, Choongwon Jeong, and Johannes Krause. "Ancient Genomes Reveal Origin and Rapid Trans-Eurasian Migration of 7th Century Avar Elites." *Cell* 185 (2022): 1402-13.e21. https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007.
Gnecchi-Ruscone, Guido Alberto, Zsófia Rácz, Levente Samu, Tamás Szeniczey, Norbert Faragó, Corina Knipper, Ronny Friedrich, Denisa Zlámalová, Luca Traverso, Salvatore Liccardo, Sandra Wabnitz, Divyaratan Popli, Ke Wang, Rita Radzevičiūtė, Bence Gulyás, István Koncz, Csilla Balogh, Gabriella M. Lezsák, Viktor Mácsai, Magdalena M. E. Bunbury, Olga Spekker, Petrus le Roux, Anna Szécsényi-Nagy, Balázs Gusztáv Mende, Heidi Colleran, Tamás Hajdu, Patrick Geary, Walter Pohl, Tivadar Vida, Johannes Krause, and Zuzana Hofmanová. "Network of Large Pedigrees Reveals Social Practices of Avar Communities." *Nature* 629 (2024): 376-83. https://doi.org/10.1038/s41586-024-07312-4.
Gray, Russell D., and Quentin D. Atkinson. "Language-Tree Divergence Times Support the Anatolian Theory of Indo-European Origin." *Nature* 426 (2003): 435-39. https://doi.org/10.1038/nature02029.
Gray, Russell D., and Fiona M. Jordan. "Language Trees Support the Express-Train Sequence of Austronesian Expansion." *Nature* 405 (2000): 1052-5. https://doi.org/10.1038/35016575.
Gretzinger, Joscha, Felix Biermann, Hellen Mager, Benedict King, Denisa Zlámalová, Luca Traverso, Guido A. Gnecchi Ruscone, Sanni Peltola, Elina Salmela, Gunnar U. Neumann, Rita Radzeviciute, Pavlína Ingrová, Radosław Liwoch, Iwona Wronka, Radomir Jurić, Anna Hyrchała, Barbara Niezabitowska-Wiśniewska, Bartłomiej Bartecki, Beata Borowska, Tomasz Dzieńkowski, Marcin Wołoszyn, Michał Wojenka, Jarosław Wilczyński, Małgorzata Kot, Eric Müller, Jörg Orschiedt, Gunita Zariņa, Päivi Onkamo, Falko Daim, Arnold Muhl, Ralf Schwarz, Marek Majer, Michael McCormick, Jan Květina, Tivadar Vida, Patrick J. Geary, Jiří Macháček, Mario Šlaus, Harald Meller, Walter Pohl, Zuzana Hofmanová, and Johannes Krause. "Ancient DNA Connects Large-Scale Migration with the Spread of Slavs." *Nature* 646 (2025): 384-93. https://doi.org/10.1038/s41586-025-09437-6.
James, Edward. *Europe's Barbarians, AD 200-600*. Harlow: Pearson Longman, 2009, trad. it. *I barbari*. Bologna: Il Mulino, 2011.
Kossinna, Gustaf. *Die deutsche Vorgeschichte: Eine hervorragend nationale Wissenschaft*. Würzburg: Kabitzsch, 1912.
Kossinna, Gustaf. *Ursprung und Verbreitung der Germanen in vor- und frühgeschichtlicher Zeit*. Leipzig: Kabitzsch, 1928.
Liccardo, Salvatore. *Old Names, New Peoples: Listing Ethnonyms in Late Antiquity*. Brill's Series on the Early Middle Ages 30. Leiden-Boston: Brill, 2024. https://doi.org/10.1163/9789004686601.

Mezzavilla, Massimo, Diego Vozzi, Nicola Pirastu, Giorgia Girotto, Pio d'Adamo, Paolo Gasparini, and Vincenza Colonna. "Genetic Landscape of Populations along the Silk Road: Admixture and Migration Patterns." *BMC Genetics* 15 (2014): 131. https://doi.org/10.1186/s12863-014-0131-6.

Monnereau, Aurore, Paola Orecchioni, Derek Hamilton, Eleanor Joan Green, Ian Noble, Richard Hagan, Marcela Sandoval-Velasco, Alessandra Molinari, Martin Carver, Camilla F. Speller, and Nathan Wales. "Genetic Histories of Individuals from Multi-Faith Medieval Sicily." *PLOS ONE* 21, no. 6 (2026): e0350298. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0350298.

Morell, Virginia. "No Miracles." *Science* 345, no. 6203 (2014): 1443-5. https://doi.org/10.1126/science.345.6203.1443.

Pohl, Walter. "Barbarians and the Roman Empire – Towards a Framework for Comparison." English version of the chapter published in Chinese in *Between Empires – Rupture, Transformation and Transmission*, edited by Qingjia Edward Wang and Longguo Li, 38-48. Shanghai: Shanghai Ancient Classics Press, 2017. https://www.academia.edu/68415756/Barbarians_and_the_Roman_Empire_Towards_a_Framework_for_Comparison.

Pohl, Walter. *Die Awaren: Ein Steppenvolk in Mitteleuropa, 567-822 n. Chr.* München: C. H. Beck, 1988.

Pohl, Walter. "Ethnonyms and Early Medieval Ethnicity: Methodological Reflections." *The Hungarian Historical Review* 7, no. 1 (2018): 5-17.

Pohl, Walter. *The Avars: A Steppe Empire in Central Europe, 567-822*. Ithaca-London: Cornell University Press, 2018.

Pohl, Walter, Johannes Krause, Tivadar Vida, and Patrick Geary. "Integrating Genetic, Archaeological, and Historical Perspectives on Eastern Central Europe, 400-900 AD: Brief Description of the ERC Synergy Grant – HistoGenes 856453." *Historical Studies on Central Europe* 1, no. 1 (2021): 213-28. https://doi.org/10.47074/HSCE.2021-1.09.

Rao, Riccardo. "An interview with Daniel L. Smail." *Reti Medievali Rivista* 26, no. 1 (2025): 429-42. https://doi.org/10.6093/1593-2214/11671.

Smail, Daniel Lord. *Storia profonda: Il cervello umano e l'origine della storia*. Traduzione di Leonardo Ambasciano. Torino: Bollati Boringhieri, 2017.

Vai, Stefania, Silvia Ghirotto, Elena Pilli, Francesca Tassi, Martina Lari, Ermanno Rizzi, Laura Matas-Lalueza, Oscar Ramirez, Carles Lalueza-Fox, Alessandro Achilli, Anna Olivieri, Antonio Torroni, Hovirag Lancioni, Caterina Giostra, Elena Bedini, Luisella Pejrani Baricco, Giuseppe Matullo, Cornelia Di Gaetano, Alberto Piazza, Krishna Veeramah, Patrick Geary, David Caramelli, and Guido Barbujani. "Genealogical Relationships between Early Medieval and Modern Inhabitants of Piedmont." *PLOS ONE* 10, no. 1 (2015): e0116801. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116801.

Vai, Stefania, Andrea Brunelli, Alessandra Modi, Francesca Tassi, Chiara Vergata, Elena Pilli, Martina Lari, Roberta Rosa Susca, Caterina Giostra, Luisella Pejrani Baricco, Elena Bedini, István Koncz, Tivadar Vida, Balázs Gusztáv Mende, Daniel Winger, Zuzana Loskotová, Krishna Veeramah, Patrick Geary, Guido Barbujani, David Caramelli, and Silvia Ghirotto. "A Genetic Perspective on Longobard-Era Migrations." *European Journal of Human Genetics* 27 (2019): 647-56. https://doi.org/10.1038/s41431-018-0319-8.

Vyas, Deven N., István Koncz, Alessandra Modi, Balázs Gusztáv Mende, Yijie Tian, Paolo Francalacci, Martina Lari, Stefania Vai, Peter Straub, Zsolt Gallina, Tamás Szeniczey, Tamás Hajdu, Luisella Pejrani Baricco, Caterina Giostra, Rita Radzevičiūtė, Zuzana Hofmanová, Sándor Évinger, Zsolt Bernert, Walter Pohl, David Caramelli, Tivadar Vida, Patrick J. Geary, and Krishna R. Veeramah. "Fine-Scale Sampling Uncovers the Complexity of Migrations in 5th-6th Century Pannonia." *Current Biology* 33, no. 18 (2023): 3951-61.e11. https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.07.063.

Wenskus, Reinhard. *Stammesbildung und Verfassung: Das Werden der frühmittelalterlichen gentes*. Köln-Graz: Böhlau, 1961.

Wolfram, Herwig. *History of the Goths*. Translated by Thomas J. Dunlap. Berkeley-Los Angeles: University of California Press, 1988.