

Somiglianze tra le Figure Papillari dei Padri e dei Figli

M. Di Bacco

Introduzione

Nel presente lavoro si esporrà l'esito di una ricerca volta ad accertare se tra le figure papillari presenti sulle dita della mano dei padri e le figure presenti sulle dita omologhe dei figli esiste somiglianza.

L'argomento non è nuovo: spesso si è avanzata la ragionevole ipotesi che anche in questa caratteristica anatomica i figli debbono assomigliare ai padri¹; e che — anch'essa — sia governata da leggi d'eredità biologica più o meno complesse².

Anzi si è tentato d'introdurre questa somiglianza tra figure papillari dei padri e dei figli quale elemento diagnostico nell'attribuzione della paternità³. Perciò il contributo che questo studio può portare all'argomento è essenzialmente di verifica dell'ipotesi emessa con uno strumento metodologico che — crediamo — è particolarmente efficace e che solo raramente è stato applicato in antropologia⁴. Come si vedrà fra poco si è cercato di giustificare l'impiego della tecnica prescelta esaminando alcune delle possibili alternative ad essa: si è giunti alla conclusione di preferirla, anche se questa si rivela — dal punto di vista operativo — alquanto laboriosa.

Prima di continuare è necessario chiarire il termine di « somiglianza » tra figure papillari paterne e filiali. È noto che le pieghe cutanee dei polpastrelli della mano sono praticamente diverse da individuo ad individuo. Ma è altrettanto noto che, sia pure con qualche convenzione — presente, del resto, in ogni classificazione antropologica — esse possono essere considerate come varianti (implicitamente di natura casuale) di cinque tipi fondamentali di figure:

Figura A: arco	Figura C: ansa ulnare
Figura B: ansa radiale	Figura D: figura chiusa
Figura E: figura composita	

¹ Vedi ad esempio: A. DELLA VOLTA, Figure digitali..., ecc. in « Archivio di Antropologia Criminale e Etnologia, Vol. II, 1913 od anche A. DELLA VOLTA, Figure digitali..., etc. in « Rivista della Società di Medicina e Chirurgia ». Padova, 1924.

² A. DELLA VOLTA, art. citati.

³ A. DELLA VOLTA, art. citati.

⁴ Esso è stato applicato invece in genetica in varie occasioni. Si legga ad esempio: H. LEVENE, On a matching problem arising in genetics - *Annals of Mathematical Statistics* 1949. In questo lavoro l'Autore generalizza la teoria classica per costruire un test dell'ipotesi che la percentuale di omozigoti rispetto ad un certo gene è, in una popolazione, determinata dal rapporto di HARDY-WEINBERG, contro l'ipotesi alternativa che fattori ambientali rendano tale percentuale inferiore a quella prevista dal suddetto rapporto.

La somiglianza che ricerchiamo sarà allora intesa come presenza tendenziale della stessa figura sulle dita omologhe dei padri e dei figli, qualora le pieghe cutanee dei polpastrelli siano classificate nel modo suddetto.

Naturalmente questa definizione di somiglianza è convenzionale almeno da un punto di vista: quello, cioè, di catalogare l'esperienza nelle cinque modalità suddette; criterio di classificazione che — pur presentando notevoli pregi di razionalità — non è certo né l'unico possibile, né il migliore.

Ma l'impiego attuale di esso è giustificato da molte circostanze: innanzitutto esso si articola in sole cinque modalità e ciò permette di non frazionare eccessivamente l'esperienza, quando essa è — come nel nostro caso — notevolmente esigua. In secondo luogo è di largo uso nella letteratura; infine — ed è la più importante delle ragioni — per la provenienza dei dati non potevamo adottarne altre che soddisfacessero alla necessità di essere sia sintetiche e sia razionali⁵.

Si diceva poco sopra che l'esperienza su cui è stato condotto lo studio è notevolmente esigua. Ecco qualche particolare a questo proposito.

Sono stati esaminati 31 gruppi familiari, ognuno composto da un padre e da un numero di figli maschi⁶ variabile, in generale, da gruppo a gruppo, da 1 a 4 per un totale di 76 figli. La distribuzione di tali gruppi, secondo il numero dei figli che vi fanno parte è la seguente:

N. dei figli	Gruppi
1	2
2	19
3	4
4	6
Totale	31

⁵ Poichè i nostri dati provengono dal casellario segnaletico della Scuola Superiore di Polizia in Roma, essi furono quindi rilevati secondo la nota classificazione GASTI che prevede dieci modalità: una per l'arco, una per l'ansa radiale, tre per l'ansa ulnare, tre per la figura chiusa, una per la figura composita, ed infine la modalità O per quelle impronte non classificabili perchè confuse o — addirittura — nel caso di mancanza della falange apicale del dito. Di conseguenza la classificazione dell'esperienza secondo un criterio di maggiore sinteticità, condizionata — d'altra parte — alla razionalità di essa, può essere attuata semplicemente riducendo ad una sia le tre modalità relative all'ansa ulnare, sia le tre modalità relative alla figura chiusa. La soppressione, infine, del simbolo O è giustificata dal fatto che esso non reca alcuna informazione. La classificazione, da noi adottata, è — d'altra parte — usata da quasi tutti gli autori che hanno studiato le figure papillari. Si veda, ad esempio: A. NADDEO: Frequenze e simpatie morfologiche delle figure papillari, Rivista d'Antropologia. Vol. XLV, 1958 e il lavoro di H. FLEISCHACKER ivi citato.

Ringraziamo il Direttore della Scuola Superiore di Polizia per i dati che ci ha fornito e per l'assistenza tecnica prestataci.

⁶ Sembra accertato che esiste un difformismo sessuale nella distribuzione dei tipi di figure sulle varie dita delle mani. È perciò opportuno — nello studio della trasmissione del carattere — limitarci a considerare progenie dello stesso sesso. Naturalmente sarebbe stato interessante studiarne parallelamente anche la somiglianza tra le figure papillari paterne e quelle delle figlie e — analogamente — quella tra le figure papillari materne e quelle dei figli o delle figlie.

Ma l'estensione ci è stata impossibile per la scarsità delle informazioni supplementari necessarie.

Si tenga presente, però, che tale distribuzione non riassume esattamente l'esperienza studiata. Ciò perché, l'indagine è stata condotta — come si dirà — per ciascuna delle dita delle mani e, per alcune di esse, in qualcuno dei padri o in qualcuno dei figli la caratteristica non fu a suo tempo rilevata, o per la mancanza del dito o per lesioni ai tessuti che ne impedivano la classificazione. Di conseguenza non tutte le informazioni ottenute derivano dallo stesso numero di reperti, sebbene esso vari, ovviamente, di poco dall'una all'altra.

2. Discussione metodologica

Cerchiamo ora di trovare una soluzione metodologica che controlli la nostra ipotesi nel modo migliore.

Schematicamente il problema si può porre nei seguenti termini. Si dispone di un campione casuale, costituito dalle impronte digitali di n padri e — se f_i è il numero dei figli dell' i -esimo padre — dalle impronte digitali di $F = \sum_{i=1}^n f_i$ figli.

Si deve stabilire se il numero delle somiglianze — in altre parole il numero delle volte in cui è stato osservato sulle dita dei padri e sulle dita dei rispettivi figli la stessa figura — può essere spiegato da una associazione casuale, oppure se esso è attribuibile all'azione di un fattore sistematico: l'eredità biologica. Va innanzitutto osservato che è sconsigliabile affrontare il problema considerando il numero di concordanze osservate *globalmente* su tutte le dita omologhe dei padri e dei figli. E ciò per due motivi: innanzitutto perché non si può escludere « a priori » che la somiglianza si manifesti in alcune dita soltanto, anzi in pochissime dita soltanto: in tale circostanza, allora, questo modo di procedere comporterebbe la rinuncia definitiva a questa interessante informazione. Secondariamente potrebbe avvenire che, nel confronto globale, la inesistenza di somiglianza tra la maggior parte delle dita paterne e le omologhe dita filiali, nasconda la forte somiglianza che potrebbe esistere tra le dita rimanenti. È dunque opportuno dedicare l'attenzione alle concordanze che si osservano tra ciascun dito paterno e il dito omologo dei figli.

Precisato ciò potrebbe sembrare che la soluzione più semplice del problema vada ricercata nell'applicazione del test χ^2 secondo lo schema seguente.

Indichiamo con x_{hk} il numero dei figli che presentano sul dito x la figura h ($h = A; B; C; D; E$) mentre i loro padri hanno sul dito omologo la figura k (k variabile come h). Sia poi x_{fh} il numero dei figli che presentano sul dito x la figura h , qualunque sia la figura presente sul dito omologo dei padri, mentre con x_{fk} si indichi il numero dei figli che, qualunque sia la figura presente sul dito x , hanno un padre con la figura k sul dito x . L'esperienza sarà allora classificata come nella Tab. 1.

Il numero delle somiglianze osservate è $x_f = \sum_h f_{hb}$ (con $h = A; B; C; D; E$).
 D'altra parte il numero di somiglianze in media osservabili sarebbe:

$$[1] \quad x_{f'} = \sum_h \frac{x_{fh} \cdot x_{f,h}}{x_F} \quad (h = A; B; C; D; E)$$

Tab. 1

	A	...	k	...	E	Totale
A	$x_{f_{AA}}$...	$x_{f_{Ak}}$...	$x_{f_{AE}}$	x_{f_A}
.
.
.
h	$x_{f_{hA}}$...	$x_{f_{hk}}$...	$x_{f_{hE}}$	x_{f_h}
.
.
.
E	$x_{f_{EA}}$...	$x_{f_{Ek}}$...	$x_{f_{EE}}$	x_{f_E}
Tot.	x_{f_A}	...	k_{f_k}	...	x_{f_E}	x_F

qualora l'associazione di ognuno degli elementi di una delle distribuzioni marginali ad un elemento dell'altra distribuzione marginale fosse condotta secondo uno schema casuale bernoulliano.

In conseguenza la quantità:

$$[2] \quad \chi = (x_f - x_{f'}) \sqrt{\frac{x_F}{x_{f'} (x_F - x_{f'})}}$$

è una determinazione di una v. c. che — valido lo schema bernoulliano e al divergere di x_F è bene approssimata da una v. c. normale standardizzata $N(0;1)$. Possiamo allora verificare la validità dell'ipotesi di associazione casuale tra figure papillari paterne e filiali sul dito x contro l'ipotesi alternativa che sul medesimo dito tende a manifestarsi la somiglianza tra padre e figlio.

Fissato un valore a tale che sia $0 < a < 1$ ad esso viene associato un valore Xa della variabile casuale normale standardizzata intendendo con a il valore di tale variabile che viene superato per effetto del caso con probabilità a .

Se il valore ottenuto X è non inferiore a Xa si respinge l'ipotesi di associazione casuale in favore della sua alternativa (somiglianza).

Nel caso che sia, come in genere avviene, $0 < \alpha < 0,5$, l'ipotesi di associazione casuale viene sempre accettata quando il valore X ottenuto è non positivo.

Analogamente se si verifica l'ipotesi di associazione casuale tra figure papillari paterne e filiali sul dito x contro l'ipotesi alternativa che su quel dito le figure presenti siano tendenzialmente diverse nei padri e nei figli, si determina in dipendenza del valore α prescelto ($0 < \alpha < 1$) il valore $X_{1-\alpha}$ della variabile casuale normale standardizzata che non viene superato per effetto del caso con probabilità α .

Come si vede, l'applicazione della [2] ci fornirebbe utili informazioni: senonché l'applicazione soddisfacente del test incontra un serio ostacolo nell'esiguità dell'esperienza che da un lato rende troppo grossolana l'approssimazione del parametro X alla v. c. $N(0; 1)$ e dall'altro rende — lo ripeteremo ancora — troppo inefficiente la stima — ottenuta con la [1] — delle frequenze in media osservabili nell'ipotesi d'associazione casuale.

Da questi difetti andrebbe invece esente il metodo seguente.

Come si è detto il nostro campione è stato estratto da un universo potenzialmente infinito con modalità casuali. Supponiamo di conoscere la probabilità ${}_xP_h$ che — sul dito x — compaia la figura h . Allora in assenza di ogni relazione tra le figure papillari paterne e filiali, usando degli stessi simboli della Tab. 1, si avrebbe che:

$$[3] \quad \binom{x^{f,h}}{x^{f,hh}} {}_xP_h^{x^{f,hh}} (1 - {}_xP_h)^{x^{f,h} - x^{f,hh}}$$

è la probabilità di osservare $x^{f,hh}$ figli che hanno sul dito prescelto la stessa figura h che i padri hanno sul dito omologo. Ne consegue che:

$$[4] \quad {}_xP_h = \sum_{j = x^{f,hh}}^{x^{f,h}} \binom{x^{f,h}}{j} {}_xP_h^j (1 - {}_xP_h)^{x^{f,h} - j}$$

è la probabilità di ottenere almeno $x^{f,hh}$ figli che hanno su x la stessa figura h che i padri hanno sul dito omologo.

Allora fissato un valore α — compreso tra 0 e 1 e sufficientemente piccolo — se ${}_xP_h < \alpha$, concluderemo che è accettabile l'ipotesi di una tendenza alla somiglianza tra figure papillari paterne e filiali, *quando sul dito x del padre è presente la figura h .*

Tuttavia non solo non conosciamo la probabilità ${}_xP_h$ ma non possiamo nemmeno ottenerne una stima soddisfacente: infatti il semplice rapporto tra ${}_x n_h$ (numero dei padri sul cui dito x è presente la figura h) ed n (numero dei padri) non può essere assunto come una buona stima di ${}_xP_h$ e ciò per due motivi. Innanzitutto l'esperienza a disposizione è troppo limitata e la stima sarebbe perciò inefficiente; in secondo luogo — ed è questa l'obiezione più grave — il rapporto verrebbe costruito con dati non omogenei tra loro. È noto infatti ⁷ che la frequenza delle varie

⁷ È stata osservata, ad esempio, per parecchie delle dita, una notevole dissomiglianza tra la distribuzione dei cinque tipi di figure, tra i maschi giuliani e i maschi sardi. Vedi in proposito A. NADDEO, art. cit.

figure papillari è variabile da un gruppo etnico ad un altro e il campione a nostra disposizione è senz'altro eterogeneo da questo punto di vista.

Per ovviare a questo ultimo inconveniente si potrebbe pensare di classificare il nostro campione rispetto alla provenienza etnica e al tipo di figura presente sul dito paterno x . Poi applicare a ciascun nucleo familiare — omogeneo ora rispetto alla provenienza etnica e al tipo di figura presente sul dito paterno — il procedimento indicato dalla [4]; usando stime delle probabilità xP_h ottenute da cospicue osservazioni del fenomeno nei gruppi etnici cui ogni nucleo appartiene.

Si ricaverebbero in tal modo probabilità $xP_{h,E}$ analoghe alla [4] dove E rappresenta un certo gruppo etnico. Applicando all'insieme di probabilità $xP_{h,E}$ tutte relative al dito x e alla figura h ma ciascuna caratterizzata da una diversa accezione di E — il principio di probabilità composta, otterremmo una probabilità xP'_h che fornirebbe un ottimo test per giudicare l'ipotesi di somiglianza tra il dito x dei padri e il dito omologo dei figli, se sul dito paterno è presente la figura h . Ma questo miglioramento del metodo è inattuabile: anche potendo attribuire ogni nucleo familiare esaminato ad un ceppo etnico, specificato senza ambiguità, sarebbe impossibile reperire le frequenze relative che stimano le probabilità $xP_{y,E}$. Infatti, tranne per due o tre gruppi regionali, non si conoscono — per l'Italia — notizie dettagliate su questo argomento ⁸.

3. L'applicazione della “matching theory” all'indagine

Le considerazioni svolte nel precedente paragrafo ci conducono a considerare il problema in modo diverso. Riprendiamo in considerazione la Tab. 1 e chiamiamo I_1 l'insieme costituito dalle $x f_A$ figure di tipo A, $x f_B$ figure del tipo B;; $x f_E$ figure del tipo E. Definiamo analogamente l'insieme I_2 come costituito da $x F_A$ figure del tipo A, $x F_B$ figure del tipo B;; $x F_E$ figure del tipo E. Estraiamo a caso un elemento dall'insieme I_1 ed un elemento dall'insieme I_2 ; alla coppia così ottenuta associamo l'operatore δ , che vale 1 se l'elemento estratto dall'insieme I_2 è una figura dello stesso tipo di quella estratta dall'insieme I_1 , mentre vale 0 in caso contrario. Ripetiamo l'esperimento escludendo dai due insiemi gli elementi estratti in precedenza, seguendo — cioè — lo schema d'estrazione in blocco:

otterremo alla fine $x F$ coppie ed un valore $x f = \sum_{i=1}^{x F} \delta_i$ se δ_i è il valore dell'opera-

tore associato alla i -esima coppia.

Evidentemente $x f$ è il numero di somiglianze osservate in uno schema d'associazione puramente casuale tra figure papillari paterne e filiali. Ma esso è completamente diverso da quello illustrato in precedenza.

⁸ Esse si riducono, praticamente, a quelle fornite da A. NADDEO sui Giuliani e sui Sardi e da FALCO sugli abitanti di Roma. Cfr. A. NADDEO, art. cit.

Nel più semplice schema prospettato per la costruzione del test [2] le due distribuzioni marginali vengono usate per stimare la probabilità di una associazione casuale nella popolazione da cui è stato estratto il campione : da questa si ricava — supponendo che il campione è stato estratto con modalità bernouilliane — il numero di somiglianze che in media ci si può attendere, valendo l'ipotesi di associazioni casuali tra gli ${}_x F$ elementi. Ma, come si è detto, l'esiguità numerica dell'esperienza, rende questa stima poco efficiente. Nello schema attuale si rinuncia alla ricerca di questa informazione e ci si limita a calcolare la probabilità di ottenere, casualmente ${}_x f$ somiglianze, *condizionatamente alle due distribuzioni marginali empiricamente ottenute*.

Se ${}_x f$ è dunque il numero delle somiglianze osservate empiricamente — cioè

$${}_x f = \sum_h {}_x f_{hh} \quad (h = A; B; C; D; E) \text{ con riferimento alla Tab. 1 — sia } {}_x P_{j:{}_x f}$$

la probabilità di osservare nello schema probabilistico ora costruito J somiglianze sul dito x . Fissato un valore α — compreso tra 0 e 1 e sufficientemente piccolo, se

$${}_x P = \sum_{\substack{J \\ J={}_x f}}^{{}_x F} {}_x P_{J:{}_x F} \text{ risulta maggiore o uguale ad } \alpha \text{ accetteremo l'ipotesi di somi-}$$

glianza tra le figure papillari paterne e filiali nel dito x , escludendo a priori (e ciò per un motivo che si dirà nell'ultimo paragrafo) la possibilità che le figure papillari filiali non siano — sul dito x — tendenzialmente diverse da quelle paterne. Ulteriore vantaggio del metodo è che la determinazione del valore di ${}_x P$ si può ottenere esattamente, e che quindi il « test » può essere costruito con esattezza al contrario di quanto si può fare impiegando la [2] la cui distribuzione è solo asintoticamente normale.

La probabilità ${}_x P$ si ottiene dallo svolgimento della teoria nota — nella letteratura anglo-americana — come « matching theory » che può essere derivata dal « problème des rencontres ». Tra le varie formule approntate da vari autori abbiamo adottato quella di T. N. F. GREVILLE che ci è sembrata la più semplice da calcolare e che qui riportiamo per completare l'esposizione ⁹.

GREVILLE costruisce innanzitutto il polinomio in y :

$$[5] \quad \prod_h \left\{ \sum_{k=1}^{\min\{{}_x f_{\cdot h}; {}_x f_{h \cdot}\}} \frac{{}_x f_{\cdot h}! \cdot {}_x f_{h \cdot}!}{k! ({}_x f_{\cdot h} - k)! ({}_x f_{h \cdot} - k)!} y^k \right\}$$

(dove i simboli impiegati sono al solito quelli della Tab. 1) e dimostra che, indicando con H_s il coefficiente di y^s nello sviluppo della [5], l'espressione:

⁹ Un'esposizione completa della teoria e un'ampia bibliografia su di essa si trova in S. S. WILKS: Mathematical statistics. Princeton University Press 1950. La formula per il calcolo di ${}_x P$ cui ci riferiamo nel testo, è in: T. N. F. GREVILLE, The Frequency Distribution in a General Matching Problem. Annals of Mathematical Statistics. Vol. XII, 1941.

$$[6] \quad \frac{1}{j! xF!} \sum_{s=j}^{xF} (-1)^{s-j} \frac{s! (xF-s)!}{(s-j)!} H_s$$

porge la probabilità di ottenere j somiglianze nello schema probabilistico costruito, o equivalentemente — adottando la terminologia della « matching theory » — la probabilità di ottenere j « matches ». Perciò:

$$[7] \quad {}_xP = \frac{1}{xF!} \sum_{j=x_f}^{x_t} \frac{1}{j!} \sum_{s=j}^{xF} (-1)^{s-j} \frac{s! (xF-s)!}{(S-j)!} H_s$$

con: $x_t = \sum_h \min (F_{h.}; F_{.h})$ [$h = A; B; C; D; E$]

è il valore della già descritta probabilità: di ottenere, cioè, *almeno* x_f somiglianze nell'attuale schema casuale d'associazione.

4. I risultati

L'indagine fu dapprima condotta su 13 nuclei familiari soltanto: la composizione prevalente di essi era di un padre e di due figli. I risultati cui giungemmo, applicando lo schema dei « matches », offrono già qualche informazione interessante: cerchiamo perciò di ampliare l'esperienza aggiungendo ai precedenti altri nuclei familiari e procurando che — nei limiti del possibile — a ciascuno di questi ultimi appartenessero un numero maggiore di figli. Giungemmo così ai 31 nuclei familiari la cui composizione è riassunta nel primo paragrafo del lavoro: non fu possibile fare di più.

Riportiamo senz'altro i risultati dei calcoli eseguiti sull'esperienza iniziale e sulla complessiva (Tab. 2 e 2a). Ricordiamo che accetteremo l'ipotesi di somiglianza — per ciascun dito — se la probabilità di ottenere un numero di somiglianze *almeno* uguale a quelle osservate sul dito prescelto nello schema probabilistico descritto nel precedente paragrafo, sarà inferiore o uguale ad un α_1 che noi abbiamo posto uguale a 0,01. Tuttavia per rendere più flessibile il giudizio sull'ipotesi in questione abbiamo anche scelto un ulteriore valore discriminatorio $\alpha_2 = 0,02$ convenendo che, se la probabilità in questione è minore o uguale a 0,01 l'ipotesi sarà senz'altro accettata, mentre se essa sarà maggiore di 0,02 verrà senz'altro rifiutata. Nell'intervallo invece 0,01 — 0,02 il giudizio sulla validità dell'ipotesi verrà prudentemente sospeso. Per la lettura delle due tavole si tenga presente che nella seconda colonna di ciascuna di esse è trascritto il numero delle somiglianze osservate nei due campioni sul dito della mano letto nella prima colonna. La terza riporta i valori della probabilità ${}_xP$ di ottenere — lo ripetiamo ancora — almeno x_f « matches ». Nell'ultima colonna è espresso sinteticamente il giudizio sull'ipotesi: l'accettazione è indicata con +, il rifiuto con —, il dubbio con ?.

Le elaborazioni numeriche che — come si disse in principio e come del resto appare chiaro esaminando la [4] e la [6] sono abbastanza laboriose — sono state condotte a termine con l'aiuto del calcolatore IBM 1620 del Centro di Calcolo dell'Università di Trieste. Ringraziamo anche qui il Dr. L. Crisma che ne ha diretto l'esecuzione.

Prima di commentare le due tabelle e di trarre da esse qualche conclusione accenniamo ad una ulteriore elaborazione che abbiamo eseguito. Si tratta dell'applica-

Tab. 2. Campione parziale (13 nuclei per un totale di 24 figli)

Dita	Somiglianze	P	Giudizio
Pollice destro	15	0,081	—
Indice destro	4	0,938	—
Medio destro	17	0,123	—
Anulare destro	16	0,009	+
Mignolo destro	11	0,249	—
Pollice sinistro	10	0,620	—
Indice sinistro	13	0,011	?
Medio sinistro	16	0,886	—
Anulare sinistro	20	0,000	+
Mignolo sinistro	19	0,651	—

Tab. 2a. Campione complessivo (31 nuclei familiari per un totale di 76 figli)

Dita	Somiglianze	P	Giudizio
Pollice destro	37	0,039	—
Indice destro	18	0,618	—
Medio destro	46	0,003	+
Anulare destro	41	0,014	?
Mignolo destro	46	0,347	—
Pollice sinistro	28	0,389	—
Indice sinistro	35	0,000	+
Medio sinistro	45	0,000	+
Anulare sinistro	52	0,000	+
Mignolo sinistro	31	0,633	—

zione del test definito dalla [2]. I risultati del calcolo sull'esperienza complessiva, — che per brevità non riportiamo — conducono a due conclusioni: che solo per due dita dovrebbe essere accettata al livello di significatività dello 0,01 l'ipotesi di somiglianza (indice e anulare sinistro); che per nessuna delle dita si manifesta la possibilità di considerare nel fenomeno anche una componente *repulsiva* tra figure papillari paterne e filiali: il valore della [2] è infatti sempre positivo. Ciò dunque innanzitutto mostra praticamente come il test basato sulla teoria dei « matches » non è una mera complicazione operativa del test [2], poiché conduce a conclusioni molto diverse ritenute a posteriori più valide per la maggior correttezza del metodo.

La seconda conclusione, d'altra parte, conforta in qualche modo la presunzione a priori di escludere tra le alternative all'ipotesi di somiglianza tra le figure papillari paterne e filiali, quella dell'esistenza di una repulsione tra le stesse: ipotesi che, del testo, sarebbe difficile interpretare in sede antropologica o genetica.

Esaminiamo ora le Tab. 2 e 2a. Già nell'esperienza ridotta è accettabile l'ipotesi di somiglianza per due dita (la coppia di anulari), mentre per un altro (l'indice sinistro) è prossimo all'intervallo d'accettazione dell'ipotesi. Per i due medi, l'ipotesi è senz'altro inaccettabile.

Il campione complessivo — d'altra parte — conduce senz'altro all'accettazione dell'ipotesi per l'indice sinistro (al cui riguardo la conclusione era, in precedenza, incerta), per l'anulare sinistro e per i due medi. Diviene invece incerto se accettare o no l'ipotesi per l'anulare destro.

I risultati si prestano a qualche interessante considerazione. A. Naddeo¹⁰ ha osservato che per gli anulari, i medi e i mignoli esiste una spiccata tendenza alla simmetria, ossia alla uguaglianza di tipi nelle dita omonime. Il fenomeno, presente in gruppi regionali svariati, è molto attenuato negli indici. Osserva, inoltre, che — in entrambe le mani — vi è una forte tendenza alla uguaglianza nei tipi (chiamata *similitudine*) tra l'anulare ed il medio. Si tenga presente che l'Autore classifica l'esperienza di cui dispone nelle stesse cinque modalità impiegate in questo lavoro.

È lecito affermare che, tranne forse per gli anulari, i nostri risultati sono in accordo con le osservazioni ora riportate. Infatti la somiglianza di entrambi i medi nei padri e nei figli è collegato strettamente alla simmetria di queste dita, mentre la somiglianza del *solo* indice sinistro non è in contrasto con la scarsa simmetria che si osserva per questo dito. Infine, il fatto che siano simili, nei padri e nei figli almeno il dito medio ed il dito anulare sinistro è in accordo con la similitudine che esiste tra queste dita.

Un'ultima osservazione riguarda la somiglianza osservata tra *l'indice sinistro* dei padri e dei figli. A. Naddeo, infatti, nel lavoro citato afferma testualmente — ricordando il Falco — che « gli indici, in cui sono ben rappresentati tutti i tipi di figure e che meno tendono alla disposizione simmetrica, meritano di essere considerati come le dita che meglio delle altre si prestano ad una prima classificazione degli individui ». Il fatto che — per uno di essi, il sinistro — si osserva una tendenziale ereditabilità da padre e figlio appare — a nostro avviso — come una coincidenza assai suggestiva.

I risultati cui siamo giunti sono basati su una esperienza che non è molto ampia: le notevolissime difficoltà incontrate nella rilevazione dei dati ci hanno impedito di renderla cospicua e di dare — di conseguenza — maggiore limpidezza alle conclusioni.

¹⁰ A. NADDEO, art. cit.

Riassunto

L'Autore si è proposto di stabilire se tra le figure papillari presenti sulle falangi apicali delle dita della mano dei padri e dei figli esiste tendenzialmente una coincidenza nei tipi.

Ha perciò esaminato un campione di 31 nuclei familiari, ciascuno composto da un padre e da un numero di figli — generalmente variabile da gruppo a gruppo — da 1 a 4, per un totale di 76 figli. Dopo un approfondito esame sulle possibili tecniche statistiche da impiegare nell'indagine, ha concluso che il metodo più soddisfacente è un *test* derivato direttamente dalla *matching theory*.

L'applicazione del *test* ha rivelato che per i due medi, per l'indice e l'anulare sinistro la tendenziale coincidenza dei tipi di figure papillari dei padri e dei figli può essere ritenuta senz'altro vera; per l'anulare destro la conclusione è invece dubbia, per le rimanenti dita la coincidenza non è ammissibile.

SUMMARY

The author's purpose is to establish if there exists a propensity between fathers and sons about the papillar figures which are on the apical palanx of the fingers of the hand.

He has examined a sample of 31 families, each of them composed of a father and a number of sons, which generally varied from group to group, one to four, for a total of 76 sons.

After having carefully considered the possible statistical techniques to be employed in the re-

search, the author has concluded that the most satisfactory method is a *test* directly ensuing from the *matching theory*.

The application of the test revealed that for the two middle fingers, the index and the left annular, such a propensity between fathers and sons can be certainly estimated as existing; as to the right annular, the conclusion is doubtful; for the remaining fingers, the propensity is not admissible.

RESUMÉ

L'auteur s'est proposé d'établir s'il existe, dans les figures papillaires présentes sur les phalangettes des doigts des mains des pères et des fils, une tendance à la coïncidence des types. Il a par conséquent examiné un échantillon de 31 familles, composées chacune d'un père et d'un nombre de fils variant, selon les familles, de 1 à 4, pour un total de 76 fils. Après avoir examiné attentivement les techniques statistiques qu'il était possible d'employer dans cette recherche, il a conclu que la méthode la plus

satisfaisante était un *test* dérivé directement de la *matching-theory*.

L'application du test a révélé que pour les deux médius, l'index et l'annulaire gauche, la coïncidence tendentielle des types de figures papillaires des pères et des fils peut être considérée sans doute comme foulée; que pour l'annulaire droit la conclusion est au contraire douteuse, et que pour les doigts restants la coïncidence n'est pas admissible.

ZUSAMMENFASSUNG

Verf. wollte feststellen, ob eine Tendenz zur Ähnlichkeit der Typen in der Hautleistenzeichnung an den Fingerbeeren von Vätern und Kindern besteht.

Er untersuchte daher eine Auswahl von 31 Familiengruppen. Jede Gruppe bestand aus einem Vater und je nachdem 1 bis 4 Kindern; insgesamt 76 Kindern. Nach eingehender Prüfung der für die Untersuchung anzuwendenden statistischen Methoden, fand er, daß ein direkt von der « matching theory » abgeleiteter Test am besten entsprach.

Die Anwendung dieses Tests ergab folgendes: eine Tendenz zur Ähnlichkeit der Typen in der Hautleistenzeichnung an den Fingerkuppen von Vätern und Kindern läßt sich für die beiden Mittel — und den linken Ringfinger ohne weiteres annehmen, während sie für den rechten Ringfinger zweifelhaft und für alle übrigen Finger kaum möglich erscheint.