

Un modello probabilistico del comportamento sociale umano

Giovanna Nicolini, Dipartimento di Scienze Sociali, Università di Torino

Il comportamento sociale umano può interpretarsi come la conseguenza della scelta, da parte di un individuo appartenente ad un collettivo \mathcal{C} , di un determinato tratto culturale o culturgene tra gli s possibili.

La scelta di un culturgene è geneticamente determinata dalle regole epigenetiche, tuttavia fattori esogeni connessi all'ambiente fisico e sociale possono orientare tale scelta in direzione differente dalla predisposizione genetica.

In questo lavoro viene proposto un modello teorico che, sotto le condizioni di invarianza della numerosità del collettivo \mathcal{C} e della proporzione di regole epigenetiche in esso presenti, definisce la probabilità di scelta di un culturgene nell'ipotesi che tale scelta possa mutare nel tempo in funzione dei soli fattori esogeni.

1. Introduzione

L'evoluzione umana è un processo notevolmente complesso cui concorrono l'evoluzione biologica e l'evoluzione culturale; come è noto la prima riguarda il genotipo, vale a dire l'insieme dei caratteri genetici di un individuo, la seconda concerne il fenotipo, cioè l'insieme delle caratteristiche manifeste dell'individuo stesso.

Concordemente con la teoria sociobiologica, l'evoluzione umana si sviluppa in forma biunivoca per cui vale la relazione: genotipo \longleftrightarrow fenotipo; secondo altre teorie, invece essa si sviluppa in modo univoco per cui vale la relazione: genotipo \rightarrow fenotipo; i sociobiologi, inoltre affermano che il comportamento sociale umano non è altro che un fenotipo e come tale è la risultante della interazione tra genotipo ed ambiente (L. Gallino, 1980).

E.O. Wilson (1981) sostiene che il comportamento umano è un prodotto della dinamica della mente e la riproduzione di tale comportamento non avviene secondo gli schemi dell'evoluzione biologica, ma secondo un processo di tipo biologico, che egli ritiene dominato da regole epigenetiche (*), che predispongono la mente al comportamento ed

(*) Wilson così definisce le regole epigenetiche: « any regularity during epigenesis that channels the development of an anatomical, physiological, cognitive, or behavioral trait in a particular direction. Epigenetic rules are ultimately genetic in basis, in the sense that their particular nature depends on the DNA developmental blueprint. They occur at all stages of development, from protein assembly through the complex events of organ construction to learning... In cognitive development, the epigenetic rules are expressed in any one of the many processes of perception and cognition influence the form of learning and the transmission of culturgens ». (E.O. Wilson, *et. al.*, 1981).

in tale processo la cultura svolge la funzione di decodifica delle regole epigenetiche nel comportamento.

Durante la socializzazione un insieme s di tratti culturali di base detti culturigeni (*), viene elaborato da ciascun soggetto a vari livelli percettivi dalle proprie regole epigenetiche; il risultato di tale elaborazione è la scelta da parte dell'individuo di un culturigene specifico che, conseguentemente, si espliciterà in un comportamento.

Il prevalere di un tipo di comportamento su altri implica che: « ... se un comportamento riflette una qualche componente genotipica, ciò significa che per mezzo di quello quest'ultima viene esposta alla pressione della selezione naturale; ma se la selezione naturale fa presa su certi geni attraverso il comportamento in cui questi si esprimono, allora, se quel comportamento ha un valore adattivo differenziale rispetto ad altri comportamenti diffusi nella popolazione osservata, gli stessi geni si diffonderanno in tale popolazione, soppiantando i geni soggiacenti a quegli altri comportamenti » (L. Gallino, 1980; pag. IX). Tuttavia la relazione gene-comportamento non è così rigida; infatti: « Lo stesso genotipo, in presenza di ambienti fisici e sociali tra loro differenti, è atto a indurre risposte comportamentali differenti, così come lo stesso ambiente può indurre risposte simili da genotipi differenti » (L. Gallino, 1980; pag. XXXIII).

Il presente lavoro trae origine dalla teoria gene-comportamento sotto la condizione, peraltro plausibile per certe tipologie comportamentali, che la scelta di un culturigene da parte di un individuo, originata dalle regole epigenetiche, possa variare nel tempo in relazione alla mutabilità dei fattori esogeni che circondano l'individuo medesimo (**).

Sotto tale condizione si giustifica il modello teorico proposto che definisce la probabilità di scelta di un determinato culturigene; a scopi semplificativi ed in considerazione del fatto che il culturigene trasmesso è uno solo tra gli s possibili — tra i quali viene effettuata la scelta — si ipotizzano: l'esistenza di una dicotomia tra culturigeni, la presenza tra

(*) Il culturigene è: « The basic unit of culture. A relatively homogeneous set of artifacts, behaviors or mentifacts (mental constructs having little or no direct correspondence to reality) that either share without exception one or more attribute states selected for their functional importance or at least shares a consistently recurrent range of such attribute states within a given polythetic set ». (E.O. Wilson, *et al.*, 1981).

(**) Wilson identifica il comportamento ad un ramoscello suscettibile di assumere differenti pendenze in diverse direzioni. « Nei primi anni di vita esso è leggermente piegato in una certa direzione... essendo sotto il controllo d'un genotipo che si è affermato nel corso dell'evoluzione; ma le norme culturali e l'apprendimento sono capaci di annullare tale predisposizione controllata geneticamente e perfino di rovesciarla — a certe condizioni » (L. Gallino, 1980; pag. XXXIII).

di essi di uno con caratteristiche innovative (*) (cioè tali da modificare il comportamento) e l'invarianza nel tempo sia del numero m di individui che formano il collettivo \mathcal{C} , sia delle regole epigenetiche.

2. Considerazioni preliminari

Sia m la numerosità di un collettivo \mathcal{C} di cui m_1 individui possiedono le regole epigenetiche RE_1 ed $m_2 = m - m_1$ possiedono le regole epigenetiche RE_2 .

Siano inoltre:

- ii) RE_2 le regole epigenetiche favorevoli al culturgene c_2 alternativo a
- ii) RE_2 le regole epigenetiche facorevoli al culturgente c_2 alternativo a c_1 (cui sono associati gli $s - 1$ culturgeni non innovativi).

Ciò premesso si supponga che ciascuno degli m elementi di \mathcal{C} scelga uno dei due culturgeni possibili c_1 e c_2 . Il risultato di tale scelta dividerà gli m elementi di \mathcal{C} in quattro sottogruppi vale a dire:

degli m_1 che possiedono RE_1	k_1 scelgono il culturgene c_1 , $b_1 = m_1 - k_1$ scelgono il culturgene c_2 ,
degli m_2 che possiedono RE_2	k_2 scelgono il culturgene c_1 , $b_2 = m_2 - k_2$ scelgono il culturgene c_2 .

Più semplicemente si supponga di disporre di m palline perfettamente identiche tra loro salvo che m_1 portano il contrassegno RE_1 e $m_2 = m - m_1$ il contrassegno RE_2 e che, in corrispondenza della scelta del culturgene che un elemento di \mathcal{C} effettua, la rispettiva pallina venga inserita nell'urna U_1 o nell'urna U_2 secondo che la scelta abbia fornito c_1 o c_2 .

A scelte effettuate la composizione delle due urne U_1 ed U_2 sarà la seguente:

U_1 con numerosità k di cui	k_1 palline contrassegnate RE_1 , $k_2 = k - k_1$ palline contrassegnate RE_2 ,
---------------------------------	--

(*) L'evoluzione culturale nella sua lunga storia non manca di esempi di culturgeni innovativi; basti pensare ad un qualsiasi avvenimento che abbia modificato, direttamente o indirettamente, in tempi più o meno brevi, gli usi e i costumi di una popolazione. Non necessariamente il culturgene deve essere innovativo per la intera popolazione; si pensi ad esempio ai flussi migratori dove il gruppo che si sposta porta con sé tratti culturali che sono innovativi per il gruppo che lo ospita e viceversa.

U_2 con numerosità $b = m - k$ di cui b_1 palline contrassegnate RE_1 ,
 $b_2 = b - b_1$ palline contrassegnate RE_2 .

Le numerosità k e b rispettivamente di U_1 ed U_2 sono suscettibili di cambiamento nel tempo in quanto, come supposto nell'introduzione, se rimane costante il numero di coloro che possiedono le regole epigenetiche RE_1 ed RE_2 (vale a dire m_1 ed m_2), non rimane costante il numero di coloro che scelgono c_1 e c_2 ; infatti coloro che possiedono le regole epigenetiche RE_1 o RE_2 e che nel tempo t_n ($n = 1, 2, \dots$) hanno scelto il culturgene c_1 o c_2 , al tempo successivo t_{n+1} possono comportarsi come in t_n o cambiare culturgene e conseguentemente la numerosità delle due urne cambia.

Il mutamento di scelta avviene in conseguenza dei fattori esogeni, connessi con l'ambiente fisico e sociale, in quanto chi possiede le regole epigenetiche RE_1 è geneticamente predisposto a scegliere c_1 , come chi possiede le regole epigenetiche RE_2 lo è a scegliere c_2 ; tuttavia l'influenza di tali fattori può modificare l'orientamento della scelta.

Se si identifica nell'*effetto contagio* l'orientamento della scelta su c_1 e nell'*effetto feedback* quello su c_2 , si vengono a determinare quattro tipi di orientamento (che verranno esplicitati nel seguito) a seconda che l'effetto contagio e quello feedback agiscano su individui detentori delle regole epigenetiche RE_1 o RE_2 .

Sotto la condizione di prevalenza dell'effetto contagio sull'effetto feedback (*), se al tempo iniziale t_0 viene introdotto nel collettivo \mathcal{C} il culturgene c_1 — si può ad esempio pensare che tale culturgene sia introdotto da pochi elementi appartenenti al collettivo medesimo con regole epigenetiche fortemente innovative — l'urna U_1 conterrà un numero ob molto piccolo di palline e conseguentemente la numerosità ob di U_2 sarà prossima ad m ; nei tempi successivi t_1, t_2, \dots, t_n le dimensioni di U_1 aumenteranno a causa dell'effetto contagio e pertanto è ragionevole supporre che per n tendente a ∞ la composizione delle due urne sia opposta a quella esistente al tempo iniziale t_0 .

3. Determinazione del modello probabilistico

Per quanto supposto si può ritenere che la composizione di U_1 e di U_2 nei tempi successivi t_1, t_2, \dots , si modifichi secondo un modello probabilistico che prevede l'estrazione casuale e contemporanea da ciascuna del-

(*) Si pensi ad esempio all'insieme di comportamenti legati ai fenomeni di moda per i quali l'effetto contagio prevale sull'effetto feedback, ma le conseguenze delle scelte comportamentali sulle variazioni genetiche sono praticamente nulle.

le due urne di una pallina; osservare se è contrassegnata con RE_1 ed in tal caso inserire f_1 palline tolte da U_2 (con $f_1 \leq {}_n b_1$, ($n = 1, 2, \dots$)) nell'urna U_1 e, analogamente, inserire f_3 palline provenienti da U_1 (con $f_3 \leq {}_n k_1$) nell'urna U_2 ; la stessa cosa accade se la pallina è contrassegnata con RE_2 salvo che il numero di palline è rispettivamente f_2 con $f_2 \leq {}_n b_2$ ed f_4 (con $f_4 \leq {}_n k_2$), il tutto come emerge dal prospetto seguente dove si vedono i movimenti che modificano le composizioni delle due urne in causa; un modello probabilistico così definito può essere assimilato ad un processo di learning (cfr. N.L. Johnson *et al.*, 1977 e R.R. Bush *et al.*, 1955):

		Palline aggiunte o tolte			
		U_1		U_2	
		RE_1	RE_2	RE_1	RE_2
Palline estratte	U_1	RE_1	f_1		$-f_1$
		RE_2		f_2	$-f_2$
	U_2	RE_1	$-f_3$		f_3
		RE_2		$-f_4$	f_4

essendo, ai fini di una migliore comprensione:

- f_1 il numero di palline contrassegnate con RE_1 che vengono aggiunte all'urna U_1 e tolte all'urna U_2 (vale a dire il numero di individui con regole epigenetiche RE_1 che al tempo t_n hanno scelto c_2 e al tempo t_{n+1} per l'effetto contagio scelgono c_1),
- f_2 il numero di palline contrassegnate con RE_2 che vengono aggiunte all'urna U_1 e tolte all'urna U_2 (vale a dire il numero di individui con regole epigenetiche RE_2 che per l'effetto contagio passano da c_2 a c_1),
- f_3 il numero di palline contrassegnate con RE_1 che vengono tolte all'urna U_1 ed aggiunte all'urna U_2 (cioè il numero di individui con regole epigenetiche RE_1 che per l'effetto feedback passano da c_1 a c_2), poiché sembra alquanto improbabile che chi sceglie c_1 , possedendo regole epigenetiche RE_1 ad esso favorevoli, cambi il suo comportamento scegliendo c_2 , si può supporre $f_3 = 0$,
- f_4 il numero di palline contrassegnate con RE_2 che vengono tolte all'urna U_1 ed aggiunte all'urna U_2 (cioè il numero di individui con regole epigenetiche RE_2 che da c_1 per l'effetto feedback passano a c_2).

In base ai precedenti punti *i*) e *ii*), le f_i ($i = 1, 2, 3, 4$) sono tali per cui valgono le relazioni:

$$\begin{aligned} f_1 &> f_2 \\ f_2 &\geq f_4 \\ 0 &\leq f_3 < f_4 \end{aligned}$$

Da quanto sopra segue che l'incremento di palline in U_1 contrassegnate con RE_1 ed RE_2 , che si verifica nel passaggio da t_n a t_{n+1} , è pari a $f_1 - f_3$ per quanto riguarda RE_1 , a $f_2 - f_4$ per quanto riguarda RE_2 , con un incremento totale pari a $f_1 - f_3 + f_2 - f_4$.

4. Determinazione delle dimensioni di U_1

L'estrazione casuale di una pallina dalle due urne, secondo le modalità descritte, dà luogo ad uno dei possibili eventi:

- E_{11} se da entrambe le urne viene estratta una pallina contrassegnata con RE_1 ,
 E_{12} se dall'urna U_1 viene estratta una pallina RE_1 , dall'urna U_2 una pallina RE_2 ,
 E_{21} se dall'urna U_1 viene estratta una pallina RE_2 , dall'urna U_2 una pallina RE_1 ,
 E_{22} se da entrambe le urne viene estratta una pallina contrassegnata con RE_2 .

Per ciascuno di questi eventi l'urna U_1 in t_{n+1} assume le seguenti dimensioni:

$$\begin{aligned} E_{11} \quad & {}_{n+1}k_1 = {}_n k_1 + f_1 - f_3 \\ & {}_{n+1}k_2 = {}_n k_2 \\ E_{12} \quad & {}_{n+1}k_1 = {}_n k_1 + f_1 \\ & {}_{n+1}k_2 = {}_n k_2 - f_4 \\ E_{21} \quad & {}_{n+1}k_2 = {}_n k_2 + f_2 \\ & {}_{n+1}k_1 = {}_n k_1 - f_3 \\ E_{22} \quad & {}_{n+1}k_2 = {}_n k_2 + f_2 - f_4 \\ & {}_{n+1}k_1 = {}_n k_1 \end{aligned}$$

Poichè gli eventi E_{ij} sono tra loro incompatibili per cui vale la relazione

$$E_{ij} \cap E_{is} = \emptyset \quad (i, j, s = 1, 2; j \neq s),$$

l'incremento medio di RE_1 ed RE_2 in U_1 dopo ogni osservazione è dato rispettivamente da:

$${}_{RE_1} Med (E_{ij}; \forall i, j = 1, 2) = (f_1 - f_3)/2 = \varphi_1,$$

$${}_{RE_2} Med (E_{ij}; \forall i, j = 1, 2) = (f_2 - f_4)/2 = \varphi_2,$$

dove, essendo $f_1 - f_3 > f_2 - f_4$, si ha $\varphi_1 > \varphi_2$.

Ne consegue che la numerosità di RE_1 e RE_2 in U_1 al tempo t_{n+1} è rispettivamente pari a:

$${}_{n+1}k_1 = {}_nk_1 + \varphi_1,$$

$${}_{n+1}k_2 = {}_nk_2 + \varphi_2,$$

od anche:

$$\begin{aligned} {}_{n+1}k_1 &= {}_0k_1 + (n + 1) \varphi_1, \\ {}_{n+1}k_2 &= {}_0k_2 + (n + 1) \varphi_2, \end{aligned} \quad (1)$$

dove ${}_0k_1$ e ${}_0k_2$ rappresentano rispettivamente il numero di palline RE_1 ed RE_2 al tempo iniziale t_0 .

Conseguentemente la numerosità dell'urna U_1 al tempo t_{n+1} è data da:

$${}_{n+1}k = {}_0k + (n + 1) \varphi,$$

$$\text{con } {}_0k = {}_0k_1 + {}_0k_2 \quad \text{e} \quad \varphi = \varphi_1 + \varphi_2. \quad (2)$$

Come si può notare le dimensioni di U_1 , e quindi delle palline contrassegnate con RE_1 ed RE_2 ad essa appartenenti, aumentano passando dal tempo t_n al tempo t_{n+1} ($n = 1, 2, \dots$) di una quantità costante pari a $\varphi = \varphi_1 + \varphi_2$, qualunque sia la pallina estratta.

Per i risultati cui si è pervenuti questo schema è simile al modello di accumulazione studiato da Thurstone nel 1919 e nel 1930.

5. Determinazione delle probabilità di U_1

Stante l'ipotesi emessa in precedenza che tutte le palline sono nelle rispettive urne U_1 e U_2 fra loro alla pari, tenendo conto delle relazioni (1) e (2), le probabilità al tempo t_n di estrarre dall'urna U_1 una pallina contrassegnata con RE_1 , ovvero RE_2 , sono rispettivamente pari a:

$${}_nP_1 = \frac{{}_0k_1 + n \varphi_1}{{}_0k + n \varphi}$$

$${}_nP_2 = \frac{{}_0k_2 + n \varphi_2}{{}_0k + n \varphi}$$

che, con opportuni passaggi, possono anche così scriversi:

$${}_n P_1 = \frac{{}_0 P_1 n^{-1} + \varphi_1 {}_0 k^{-1}}{n^{-1} + \varphi {}_0 k^{-1}} \text{ con } {}_0 P_1 = {}_0 k_1 {}_0 k^{-1},$$

$${}_n P_2 = \frac{{}_0 P_2 n^{-1} + \varphi_2 {}_0 k^{-1}}{n^{-1} + \varphi {}_0 k^{-1}} \text{ con } {}_0 P_2 = {}_0 k_2 {}_0 k^{-1}.$$

Risulta evidente che al divergere di n si verifica:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} {}_n P_1 = \varphi_1 \varphi^{-1} = \varphi_1^*,$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} {}_n P_2 = \varphi_2 \varphi^{-1} = \varphi_2^*. \quad (3)$$

In altri termini al divergere di n le probabilità delle palline con RE_1 tendono al valore dell'incremento relativo φ_1^* , analogamente per RE_2 la corrispondente probabilità tende all'incremento relativo φ_2^* . Si fa notare che φ_1^* e φ_2^* sono raggiunti per un valore di n (nel seguito indicato con n^*) convenientemente grande ma finito, che soddisfa le limitazioni:

$$\inf : [n^* \leq {}_0 b_1 / \varphi_1^* ; n^* \leq {}_0 b_2 / \varphi_2^*], \quad (4)$$

dove ${}_0 b_1$ e ${}_0 b_2$ rappresentano il numero di palline RE_1 e RE_2 nell'urna U_2 al tempo iniziale t_0 .

Al tempo t_n il numero di palline contenute nell'urna U_1 è pari a ${}_0 k + n \varphi$ (cfr. relazioni)2)), e pertanto il rapporto

$$\gamma_n = \frac{{}_n k_1 + {}_n k_2}{m} = \frac{{}_0 k + n \varphi}{m} \quad (5)$$

rappresenta il tasso di convergenza in U_1 ; in altri termini, la (5) fornisce la probabilità di scegliere una pallina, tra le m di partenza, dall'urna U_1 , cioè la probabilità che al tempo t_n un individuo del collettivo \mathcal{C} scelga il culturgene c_1 .

Per n tendente a n^* , γ_n converge all'unità (*); infatti, per la (4) si ha che:

$$n^* \varphi^* = n^* \varphi_1^* + n^* \varphi_2^* \leq {}_0 b \quad \text{dove } {}_0 b = {}_0 b_1 + {}_0 b_2 \quad (6)$$

per cui sostituendo nella (5) il valore (6) per n tendente a n^* risulta:

$$\gamma^* = \frac{{}_0 k + n^* \varphi^*}{m} = \frac{{}_0 k + {}_0 b}{m} \leq 1.$$

Il numero di palline contrassegnate con RE_1 ed RE_2 appartenenti

(*) Si fa notare che nella generalità dei casi si verifica solo l'uguaglianza di uno dei due termini della (4) con la conseguenza che al tempo t_{n^*} risulta $\gamma_{n^*} = \gamma^* < 1$.

all'urna U_1 al tempo t_n , rispetto alle loro entità m_1 e m_2 , consente di scrivere le seguenti probabilità:

$${}_n\xi_1 = \frac{{}_0k_1 + n\varphi_1}{m_1},$$

$${}_n\xi_2 = \frac{{}_0k_2 + n\varphi_2}{m_2},$$

che, per la (4), al tempo t_{n^*} assumono la forma:

$$\xi_1^* = \frac{{}_0k_1 + {}_0b_2}{m_1},$$

$$\xi_2^* = \frac{{}_0k_2 + {}_0b_2}{m_2},$$
(7)

dove ξ_1^* e ξ_2^* possono ritenersi come tassi di convergenza di RE_1 e di RE_2 in U_1 . Le (7) identificano pertanto la probabilità di scegliere in U_1 una pallina contrassegnata RE_1 o RE_2 rispettivamente fra le m_1 e m_2 date; in altri termini, la probabilità che un individuo del collettivo \mathcal{C} , in possesso di RE_1 o di RE_2 al tempo t_{n^*} , scelga il culturgene c_1 .

Poichè, come si è detto, se l'effetto contagio prevale sull'effetto feedback, per cui $\varphi_1 > \varphi_2$, è possibile dimostrare che solo uno dei due tassi può convergere all'unità al tempo t_{n^*} . Precisamente:

$$\text{se } m_1 \gg m_2 \text{ e se } n^* = {}_0b_2/\varphi_2^* \Rightarrow \begin{matrix} {}_0k_2 + {}_0b_2 = m_2 \\ {}_0k_1 + {}_0b_1 < m_1 \end{matrix}$$

$$\text{di modo che } \xi_2^* = 1 \text{ e } \xi_1^* < 1;$$

$$\text{se } m_1 \begin{matrix} \geq \\ < \end{matrix} m_2, n^* \leq {}_0b_1/\varphi_1^* \Rightarrow \begin{matrix} {}_0k_1 + {}_0b_1 \leq m_1 \\ {}_0k_2 + {}_0b_2 < m_2 \end{matrix}$$

$$\text{di modo che } \xi_1^* \leq 1 \text{ e } \xi_2^* < 1.$$

Da tutto quanto sopra emerge che la convergenza all'unità contemporaneamente dei tassi γ^* , ξ_1^* e ξ_2^* può verificarsi se e solo se $m_1 \simeq m_2$ e se la condizione $\varphi_1 > \varphi_2$ è sostituita da $\varphi_1 = \varphi_2$.

L'autore ringrazia i proff. L. Gallino e G. Landenna per gli utili consigli.

Riferimenti bibliografici

Bush R.R., Mosteller F., *Stochastic models for learning*, J. Wiley, New York, 1955.

- Gallino L., Oltre il gene egoista, in AA.VV. *Sociobiologia e natura umana*, G. Einaudi, Torino, 1980.
- Johnson N.L., Kotz S., *Urn models and their application*, J. Wiley, New York, 1977.
- Thurstone L.L., The learning curve equation, *Psychol. Rev.*, **26**, 1919.
- Thurstone L.L., The learning function, *J. Gen. Psychol.*, **3**, 1930.
- Wilson E.O., Lumsden C.J., *Genes, Mind and culture*, Harvard University Press Cambridge, Massachusetts and London, 1981.

Summary

Human social behaviour may be interpreted as the consequence of the choice of a specific culturgen among the possible s , by an individual belonging to a collective \mathcal{C} .

The choice of a culturgen is genetically determined by the epigenetic rules, although exogenous factors connected to the physical and social environment may orientate such a choice in a different direction from its genetic predisposition.

In this paper we have put forward a theoretical model which, under unvarying conditions regarding the number of collective and the proportion of epigenetic rules present in it, defines the probability of a culturgen in the hypothesis that such a choice may change in time according to the exogenous factors only.