



19 gennaio 2011

L'impiego del DNA fossile nella filogenesi

E' ben noto come il polline fossile ed i macrofossili in genere, possano contribuire a fornire importanti informazioni spazio/tempo sulla tipologia, sulla diffusione e sull'abbondanza delle specie vegetali. Oggi è possibile andare oltre in quanto la messa a punto di avanzate biotecnologie molecolari consente di utilizzare lo stesso materiale per affrontare studi raffinati di filogenesi e di evoluzione molecolare. La disponibilità di reperti fossili (polline, foglie) di oltre 45.000 anni, prelevati da un carotaggio effettuato nella Laguna di Venezia ha consentito lo sviluppo di una ricerca sulla storia evolutiva delle *Fagaceae*.

Questa grande famiglia raggruppa tra le più importanti latifoglie che edificano gli ecosistemi forestali boreali dei climi temperati. Difatti appartengono a questa i generi *Fagus*, *Castanea*, *Quercus* (il solo *Nothofagus* è presente nell'emisfero australe). Per lo studio è stato fatto ricorso a metodi molecolari che hanno coinvolto porzioni di genoma plastidiale ed in particolare la sequenza *trnL-trnF* cpDNA contenente porzioni molto conservate insieme a porzioni altamente variabili.

Attraverso l'impiego di specifici software, sono emersi interessanti risultati. Il primo, che ha visto coinvolte 86 popolazioni di 8 specie rispettivamente di faggio e di querce nonché 4 specie di castagno, ha riguardato la risoluzione della loro filogenesi che segue una suddivisione della famiglia secondo la sistematica tradizionale. La struttura delle tre sottofamiglie Fagoideae, Quercoideae, Castanoideae, viene confermata monofiletica con origine più recente assegnabile alla prima e di origine comune per le altre. Il secondo coinvolge un breve frammento (176 pb) dell'introne *trnL*, che è stato riscontrato integro anche nel caso di materiale fossile e nel quale due mutazioni (trasversioni A/T) sono capaci di separare il "complesso" del faggio orientale (*Fagus orientalis*, *F. taurica*, *F. moesiaca*) da tutte le altre specie del genere (*F. sylvatica*, *F.*

japonica, *F. hayataea*, *F. crenata*, *F. grandifolia*). La sequenza del DNA fossile ha consentito inoltre di dimostrare per la prima volta, che il faggio orientale (*F. orientalis* complex) era presente nella pianura padana, in un periodo precedente a 45.000 anni fa. Il terzo riguarda il genere *Castanea*. La ricostruzione filogeografica di questa entità indica il proprio Centro di Origine nell'Asia Minore ed il differenziamento specifico assegnabile al Miocene (135 Ml.ni di anni fa). Il tipo ancestrale avrebbe dato origine a due linee filogenetiche, la prima in loco dove si evolve la specie *C. sativa*, la seconda diretta verso l'estremo oriente, la quale, a seguito di una seconda divisione, da origine alle specie vicarianti cino- giapponesi (*C. mollissima* e *C. crenata*) e per migrazione attraverso lo stretto di Bering, al differenziamento della specie *C. dentata* in Nord-America. Il materiale fossile inoltre ha consentito di evidenziare la presenza in Italia di una specie ancestrale estinta: *Castanea latifolia*.

Più in generale viene confermata l'importanza e l'efficacia discriminatoria dell'impiego congiunto di materiale vegetale differenziato, fossile ed in vivo, e di tecniche molecolari bioinformatiche per le analisi filogenetiche e filogeografiche e quindi per la sistematica delle specie vegetali che potrebbe subire interessanti rettifiche e valide conferme.

R.Giannini, D. Paffetti



(foto: Archivio Georgofili)

