

## PARLIAMO DI EVOLUZIONE

## L'era della filogenesi molecolare

La classificazione degli organismi in base alle specie è il risultato della ricostruzione filogenetica della loro storia evolutiva; un'analisi che oggi viene condotta principalmente a livello molecolare e si basa sul confronto delle sequenze di DNA e degli amminoacidi. Si procede allineando le sequenze di specie diverse le une accanto alle altre; l'analisi delle differenze di basi del DNA o di amminoacidi tra ciascuna coppia di sequenze, in tutte le posizioni dell'allineamento, fornisce la misura della «distanza» tra le specie.

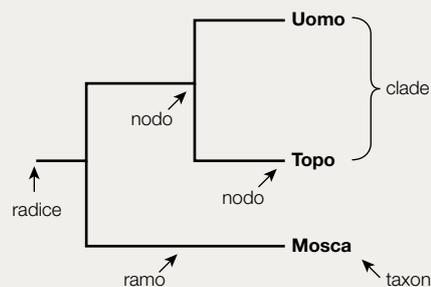
La **filogenesi molecolare**, usata anche per lo studio dell'evoluzione di specifiche famiglie di geni e proteine, è un metodo di analisi nato nei primi anni Novanta del secolo scorso; da allora è cresciuto velocemente grazie ai progressi della biologia molecolare e della bioinformatica. Si tratta di un sistema di classificazione con grandi potenzialità: la filogenesi molecolare, infatti, è un importante strumento per la conservazione della biodiversità, il controllo delle epidemie e l'analisi della struttura delle proteine.

## Gli alberi filogenetici

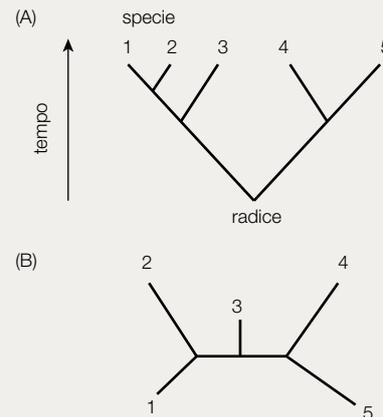
Un **albero filogenetico** è una rappresentazione schematica a forma di albero binario costituita da:

- **nodi**, che rappresentano l'unità tassonomica, ovvero un gruppo di individui che si distingue dagli altri per morfologia e genoma;
- **rami**, che definiscono la relazione tra le singole unità tassonomiche in termini di discendenti e antenati.

La lunghezza dei rami di un albero filogenetico è proporzionale alla diversità tra le sequenze geniche di specie contigue.



Gli alberi filogenetici possono avere o non avere, come accade nella maggior parte dei casi, una **radice**, ovvero l'elemento che indica la posizione dell'ultimo progenitore delle specie in esame. È possibile stabilire la direzione di un processo evolutivo solo per gli alberi con una radice, come indica la freccia della ►figura A.



## Preservare la biodiversità

Molti biologi sostengono l'importanza di tutelare le specie rare e quindi di salvaguardare le aree geografiche ricche di biodiversità, come Madagascar, isole Hawaii e il sud del Brasile. La strategia più accreditata mira a proteggere aree relativamente piccole di superficie terrestre per riuscire a conservare una frazione consistente della biodiversità globale. Oltre a questo, però, è altrettanto importante preservare la storia evolutiva delle specie che abitano queste nicchie ambientali, in modo da assicurare il potenziale per l'evoluzione e la biodiversità future.

La filogenesi può fornire un aiuto prezioso di fronte a questo tipo di scelte: per prima cosa si costruisce l'albero filogenetico delle principali specie che vivono nelle aree geografiche da preservare. Le specie più antiche sono quelle che si trovano isolate alle estremità delle ramificazioni dell'albero e che, rispetto a quelle rappresentate da ramificazioni corte e vicine tra loro, forniscono un contributo maggiore alla diversità biologica.

Inoltre, le specie molto antiche hanno in genere una distribuzione geografica più diffusa rispetto a quelle più giovani. Nelle

isole Hawaii, per esempio, si è verificata negli ultimi 5 milioni di anni un'esplosione di biodiversità tra gli insetti e gli uccelli. Si tratta, tuttavia, di biodiversità «recente» perché dovuta a grandi capacità di adattamento ai microambienti più che a radicali cambiamenti fisiologici o anatomici. La filogenesi permette di fare questa distinzione e quindi individuare le aree con il massimo numero di progenitori antichi, e non solo il massimo numero di specie.

## Come si spiegano le epidemie?

Le caratteristiche evolutive di un virus, per esempio quello dell'influenza, possono essere utilizzate per preparare un vaccino efficace. Innanzitutto si costruisce un albero filogenetico elaborato in base alle informazioni contenute nelle sequenze dei geni o nelle proteine del virus patogeno. I campioni biologici possono essere prelevati da molti individui infetti o da uno stesso individuo in tempi diversi dell'infezione. Sulla base della lunghezza e della distribuzione delle ramificazioni di questi alberi si riesce a stabilire l'origine, la diffusione e il mantenimento dell'infezione, a valutare l'effetto dei farmaci e a ricostruire la rete di contatti degli individui infetti.

Tutta l'analisi parte dal presupposto che i virus hanno elaborato nel tempo una strategia evolutiva che gli consente di sfuggire agli attacchi del nostro sistema immunitario. Modificando molto velocemente le informazioni contenute nel loro genoma, infatti, i ceppi virali di anno in anno cambiano un po' abbassando l'efficacia dei vecchi vaccini.

Walter M. Fitch, evoluzionista molecolare statunitense, ha analizzato con metodi filogenetici le sequenze del gene dell'emoglobina espresso dai ceppi virali di influenza A diffusi tra gli anni 1984 e 1996. In questo modo Fitch ha scoperto che, ogni anno, un solo ceppo virale di questa influenza predomina sugli altri e trasmette il virus da un'epidemia all'altra.