

STUDIO SU «NATURE» QUASI COMPLETATO IL QUADRO DELLE SCIMMIE ANTROPOMORFE

Perché l'orango ci parla tanto di noi uomini

Sequenziato il genoma. Anche biologi baresi

Il genoma dell'orango è stato sequenziato. Il lavoro apparirà domani sulla rivista «Nature». Al progetto ha contribuito un gruppo di ricercatori del Dipartimento di Biologia della Università di Bari (prof. Mariano Rocchi, prof.ssa Nicoletta Archidiacono e gli assegnisti Oronzo Capozzi e Roberta Roberto). Ospitiamo per stralci un contributo di Rocchi

di MARIANO ROCCHI

Il genoma umano è stato sequenziato nel 2001. L'attenzione si è poi rivolta ad altre specie. Alcune di queste rivestono una importanza medica (vedi il topo e il ratto, sequenziati rispettivamente nel 2002 e nel 2004) perché su di loro si possono simulare malattie e sperimentare farmaci. Altre hanno importanza commerciale (alcuni vegetali, la mucca, il cavallo...). Altre ancora, invece, hanno attirato l'attenzione dei ricercatori per motivi soprattutto «culturali». In altre parole: per curiosità. E qui troviamo: lo scimpanzè (2005), il macaco (2007), e ora l'orango. Un gruppo di ricercatori del Dipartimento di Biologia dell'Università di Bari - di cui chi scrive è partecipe - ha fatto parte delle equipe che ha sequenziato questi tre genomi.

È stato così quasi completato il quadro di famiglia dei nostri parenti più stretti, le scimmie antropomorfe. In ordine di parentela: scimpanzè, gorilla e orango (il gorilla seguirà a breve). Il contributo specifico del gruppo di Biologia è ora liberamente disponibile all'indirizzo <http://www.biologia.uniba.it/orang>.

Perché la curiosità? Nel 2009 si sono celebrati i 150 anni dell'«Origine delle specie» di Darwin e del concetto di vita sulla terra come di un grande ed unico albero con

molti rami secchi (specie estinte) e pochi verdi (specie attualmente esistenti). Il disegno delle ramificazioni di questo albero si è basato, fino a non molto tempo fa, su osservazioni morfologiche e funzionali. Ora, con il sequenziamento dei genomi, l'analisi è possibile «dall'interno». Sarebbe bello poter avere i genomi dei nostri antenati, poniamo a 2-3 milioni di anni di distanza uno dall'altro, e leggere sul DNA la nostra storia, quella che ci ha portato ad essere *Homo sapiens sapiens* (il doppio *sapiens* non sembra un'esagerazione?). Si è riusciti ad avere risultati realmente eclatanti, per esempio, per un nostro cugino, il Neandertal (*Homo sapiens neandertaliensis*, sequenziato nel 2010), ma i resti erano relativamente recenti (di 30-40.000 anni fa).

Più indietro sembra impossibile andare, come insegnano i tentativi di sequenziare il DNA di insetti, vecchi di milioni di anni, imprigionati nell'ambra. Il DNA è troppo degradato.

E allora, come fare? Non rimane che un'altra strada. Comparare il nostro genoma con quello degli altri primati viventi, con le scimmie antropomorfe in particolare, per ricostruire con pazienza il puzzle non semplice della nostra storia. La strada è lunga e difficoltosa, ma la curiosità è tanta. In questo contesto, l'orango è un altro tassello di questo puzzle che emerge sempre più preciso, sempre più affascinante. E l'orango, tra l'altro, è molto utile perché ha un genoma molto conservato. Ha viaggiato al rallentatore. È sicuramente la specie con un cariotipo (cromosomi) più simile a quello dell'antenatore di tutti i primati.



ORANGO COL SUO CUCCIOLINO
Sequenziato il genoma a 150 anni dall'uscita di «L'origine della specie» di Charles Darwin

