Ogni anno, circa 2 miliardi di uccelli di centinaia di specie compiono spostamenti migratori fra le regioni boreali e temperate dell'Eurasia e le regioni tropicali africane. La migrazione è una fase essenziale del ciclo di vita di queste specie: la dinamica delle loro popolazioni infatti dipende in misura fondamentale dalla capacità degli individui di modulare in modo adattativo la scelta dei tempi della migrazione e dell'arrivo nelle aree settentrionali di riproduzione. Molte specie di uccelli che migrano su distanze inter-continentali hanno subìto un preoccupante decremento demografico negli ultimi decenni, al quale hanno probabilmente concorso i cambiamenti climatici e le conseguenti alterazioni dei cicli stagionali.

Mentre era già noto quanto le fasi della migrazione, così come la scansione temporale degli eventi riproduttivi degli uccelli e della muta del piumaggio, siano sotto controllo fotoperiodico - dipendano cioè dalla durata relativa del dì e della notte - nessuno studio aveva sino ad ora identificato un nesso fra variabilità individuale nei tempi della migrazione e variabilità a specifici geni.

Oggi, uno studio condotto da Nicola Saino, Luca Gianfranceschi e Diego Rubolini, del Dipartimento di Bioscienze dell'Università di Milano – La Statale e pubblicato dalla prestigiosa rivista Molecular Ecology mette al centro delle fasi di migrazione il ruolo del gene *Clock*. La ricerca dimostra una associazione fra la data di migrazione di individui di due specie di uccelli migratori trans-Sahariani - l'usignolo e lo stiaccino (nella foto di Stefano Laurenti) - ed il loro genotipo Clock, un gene altamente conservato ed implicato nella regolazione delle risposte fotoperiodiche in molti organismi. Questo gene contiene una serie di lunghezza variabile di triplette CAG che codificano per l'aminoacido glutammina. I ricercatori hanno dimostrato che gli individui con varianti alleliche caratterizzate da un maggior numero di triplette CAG hanno migrazione più tardiva rispetto a quelli con un numero minore, indipendentemente dal sesso e dall'età.

Tutte le specie studiate hanno mostrato un basso polimorfismo genetico, che suggerisce l'intervento di selezione stabilizzante nel corso della storia evolutiva delle loro popolazioni. La scarsa variabilità di questo gene lascia purtroppo presagire che le popolazioni di questi uccelli migratori difficilmente potranno adattarsi in modo rapido ai cambiamenti climatici, modificando in modo opportuno i tempi della loro migrazione primaverile.

Lo studio pone quindi le basi per la comprensione dei meccanismi che governano le fasi e le caratteristiche della migrazione degli uccelli e di come il carico genetico determinato dalla ridotta capacità di evoluzione delle popolazioni di uccelli a fronte dei rapidi cambiamenti climatici in atto possa causare declino demografico ed estinzioni locali. Esso conferma inoltre il ruolo importante giocato dal gene Clock nel dettare la scansione temporale della life-history degli uccelli, un dato documentato in precedenza anche da studi svolti sulla riproduzione e la muta del piumaggio in rondine all'interno dello stesso Dipartimento di Bioscienze.

La ricerca è stata condotta in collaborazione con l'Istituto Superiore per la Protezione e Ricerca Ambientale, l'Università degli Studi di Milano-Bicocca e con il concorso di volontari che, come accade in molti Paesi europei, sistematicamente concorrono agli studi sulla migrazione degli uccelli.