E’ stato pubblicato oggi, lunedì 30 gennaio 2012, su PNAS (http://www.pnas.org/) (online Early Edition, January 30, 2012) l’articolo scientifico “
Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication
” di un’importante ricerca portata termine da un gruppo di studio composto da ricercatori delle università di Perugia e Pavia.

I genetisti delle Università di Perugia e Pavia (guidati rispettivamente da Alessandro Achilli e Antonio Torroni) insieme a un gruppo internazionale di ricercatori (Germania, Iran, Portogallo, Siria e Stati Uniti) hanno analizzato 83 interi genomi mitocondriali di numerose razze equine (incluso lo Przewalski) identificando almeno 18 linee genetiche ancestrali (aplogruppi), definite ciascuna da uno specifico set di mutazioni e denominate con le lettere dell’alfabeto dalla A alla R. Tutti questi aplogruppi fanno capo a una singola molecola ancestrale esistente circa 140.000 anni fa, durante il periodo glaciale cosiddetto Saale, e da cui derivano tutte le molecole di DNA mitocondriali attualmente presenti nelle razze moderne. Le 18 linee sono diffuse in tutte le attuali razze equine, tranne una, denominata F, che è tipica solo ed esclusivamente del cavallo di Przewalski che, di conseguenza, non rappresenta l’antenato dei moderni cavalli.

Diverse specie domestiche, come bovini e pecore, hanno subito un unico evento di domesticazione avvenuto nel periodo neolitico (circa 10 mila anni fa) nell’area della Mezzaluna Fertile. Al contrario, i numerosi aplogruppi riscontrati nelle razze equine moderne indicano che la domesticazione del cavallo, pur essendo avvenuta anch’essa in tempi neolitici, abbia interessato un maggior numero di popolazioni selvatiche localizzate in molteplici aree geografiche di tutta l’Eurasia. Questo studio sembra perfino indicare un possibile sito di domesticazione in Europa e più precisamente nella penisola Iberica, dove i cavalli selvatici non solo sono sempre stati presenti sin dai tempi Paleolitici, ma sono anche sopravvissuti durante l’Ultimo Picco Glaciale - che interessò l’intero continente Europeo circa 20.000 anni fa - probabilmente rifugiandosi nella medesima area Franco Cantabrica (ai piedi dei Pirenei) abitata da molte specie animali, compreso l’Uomo.

ARTICOLO
“Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication” di Achilli A, Lancioni H, Capomaccio S, Felicetti M, Verini-Supplizi A e Silvestrelli M dell’Università di Perugia; Olivieri A, Hooshiar Kashani B, Nergadze SG, Carossa V, Santagostino M, Semino O, Giulotto E e Torroni A dell’Università di Pavia; Soares P, e Pereira L dell’Università di Porto, Portogallo; Perego UA e Woodward SR della Sorenson Molecular Genealogy Foundation di Salt Lake City, USA; Al-Achkarf W dell’Atomic Energy Commission di Damasco, Siria; Penedo MCT dell’Università della California, USA; Houshmand M del National Institute for Genetic Engineering and Biotechnology (NIGEB) di Teheran, Iran; Bandelt H-J dell’Università di Amburgo, Germania, è stato pubblicato su PNAS (http://www.pnas.org/) (online Early Edition, January 30, 2012).

FINANZIAMENTI
Questo studio è stato possibile grazie a finanziamenti pubblici e privati. Progetti Ministeriali FIRB-Futuro in Ricerca 2008 (A. Achilli e A. Olivieri), Progetti di Ricerca di Interesse Nazionale 2008 (E. Giulotto) e 2009 (A. Achilli, O. Semino e A. Torroni), INNOVAGEN (M. Silvestrelli);

L’ORÉAL Italia per le Donne e la Scienza (A. Olivieri); Consorzio Interuniversitario di Biotecnologie (M. Santagostino); Fondazione Alma Mater Ticinensis (O. Semino e A. Torroni).