

# Out of Africa

di Antonino Saladino

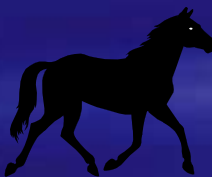
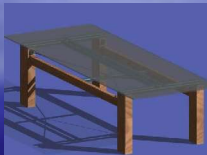
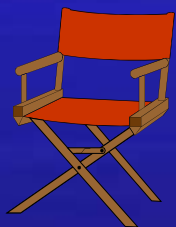
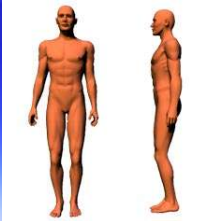


# L'obiettivo

- Lo scopo di questa esperienza è di mostrare come si valutano le affinità fra gruppi umani mediante il DNA.

Il sistema di classificazione usato in questa esperienza è del tutto generale e può essere usato per mettere in relazione qualsiasi essere vivente o oggetto. In questo esempio consideriamo 7 oggetti diversi e 7 variabili che li descrivono

Queste due variabili sono equivalenti per discriminare gli oggetti



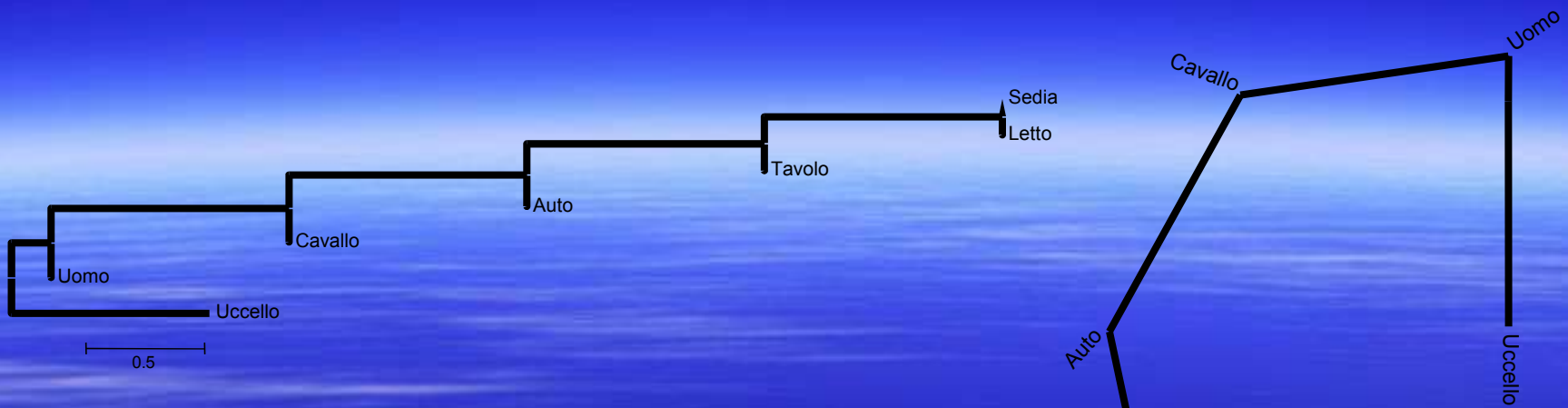
	Ha le piume	Punti d'appoggio	E' vivente	Si muove da solo	Ha la spalliera	Consuma ossigeno	Ha gli artigli
Uccello	SI	2	SI	SI	NO	SI	SI
Uomo	NO	2	SI	SI	NO	SI	NO
Cavallo	NO	4	SI	SI	NO	SI	NO
Auto	NO	4	NO	SI	NO	SI	NO
Tavolo	NO	4	NO	NO	NO	NO	NO
Sedia	NO	4	NO	NO	SI	NO	NO
Letto	NO	4	NO	NO	SI	NO	NO

Obiettivo: rappresentare nel modo più conciso possibile i rapporti di similitudine fra gli oggetti.

Soluzione: non esiste un solo modo di ottenere questo obiettivo. Il metodo che qui illustriamo tende ad arrivare ad un grafico in cui ogni segmento ripartisce tutti gli oggetti con uno dei valori di una variabile da quelli con l'altro valore.

La soluzione ottimale è detta di "massima parsimonia" perché minimizza il numero di passaggi necessari.

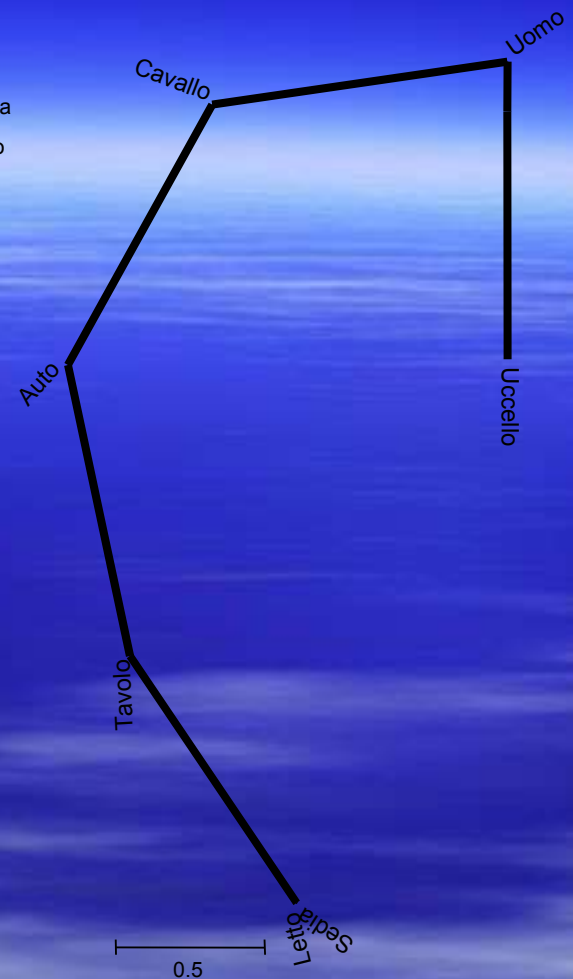




Il grafico che rappresenta le similitudini si chiama dendrogramma.

Questi sono due modi di rappresentare lo stesso dendrogramma. Essi sono equivalenti perché gli oggetti si susseguono nello stesso ordine.

Inoltre questo tipo di grafici è senza radice; le similitudini fra gli oggetti possono essere esaminate a partire da un punto qualsiasi del grafico.





In biologia il principio della massima parsimonia intende rappresentare fedelmente il fatto che, il più delle volte, una “novità evolutiva” compare una volta sola e da quel momento è trasmessa a tutti i discendenti.

In ogni ramo dell’albero è indicata la caratteristica che distingue i discendenti di quel ramo.

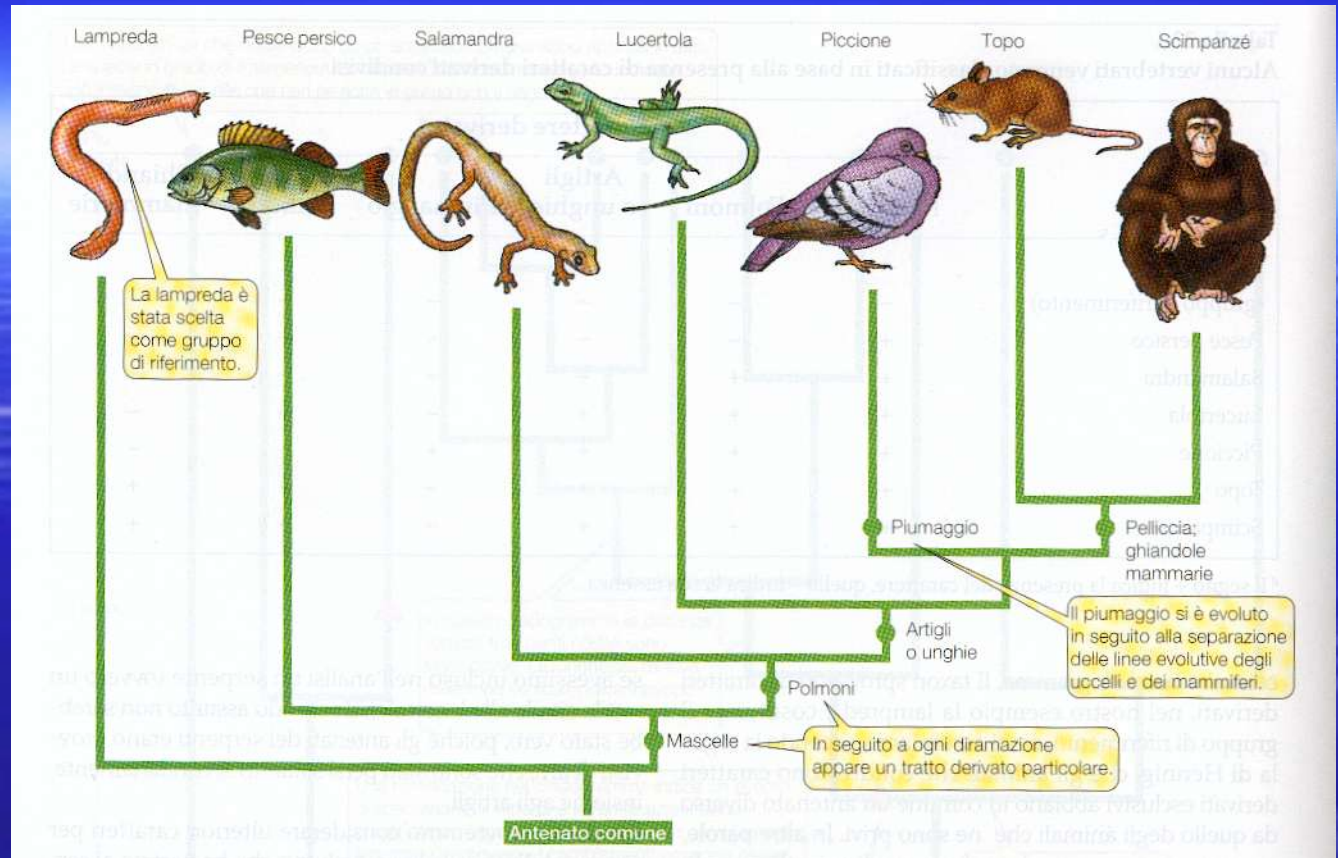


Figura per gentile concessione di Zanichelli Editore



In questo caso per ogni caratteristica si conosce lo stato ancestrale (precedente) e quello derivato. L’albero viene ad avere una radice identificata dal gruppo di riferimento che ha lo stato ancestrale per tutte le caratteristiche.

Quando non esistevano ancora le conoscenze necessarie allo studio del DNA delle diverse specie, se ne studiarono le caratteristiche esterne, cioè il fenotipo, tentando di distinguerne i tratti salienti. Questa tabella riporta le caratteristiche utilizzate per costruire l'albero della figura precedente.

Tabella 22.1  
Alcuni vertebrati vengono classificati in base alla presenza di caratteri derivati condivisi

Taxon	Carattere derivato <sup>a</sup>					
	Mascelle	Polmoni	Artigli o unghie	Piumaggio	Pelliccia	Ghiandole mammarie
Lampreda (gruppo di riferimento)	-	-	-	-	-	-
Pesce persico	+	-	-	-	-	-
Salamandra	+	+	-	-	-	-
Lucertola	+	+	+	-	-	-
Piccione	+	+	+	+	-	-
Topo	+	+	+	-	+	+
Scimpanzé	+	+	+	-	+	+

<sup>a</sup>Il segno + indica la presenza del carattere, quello - indica la sua assenza.

Figura per gentile concessione di Zanichelli Editore





# Alcune delle caratteristiche generali dei dendrogrammi

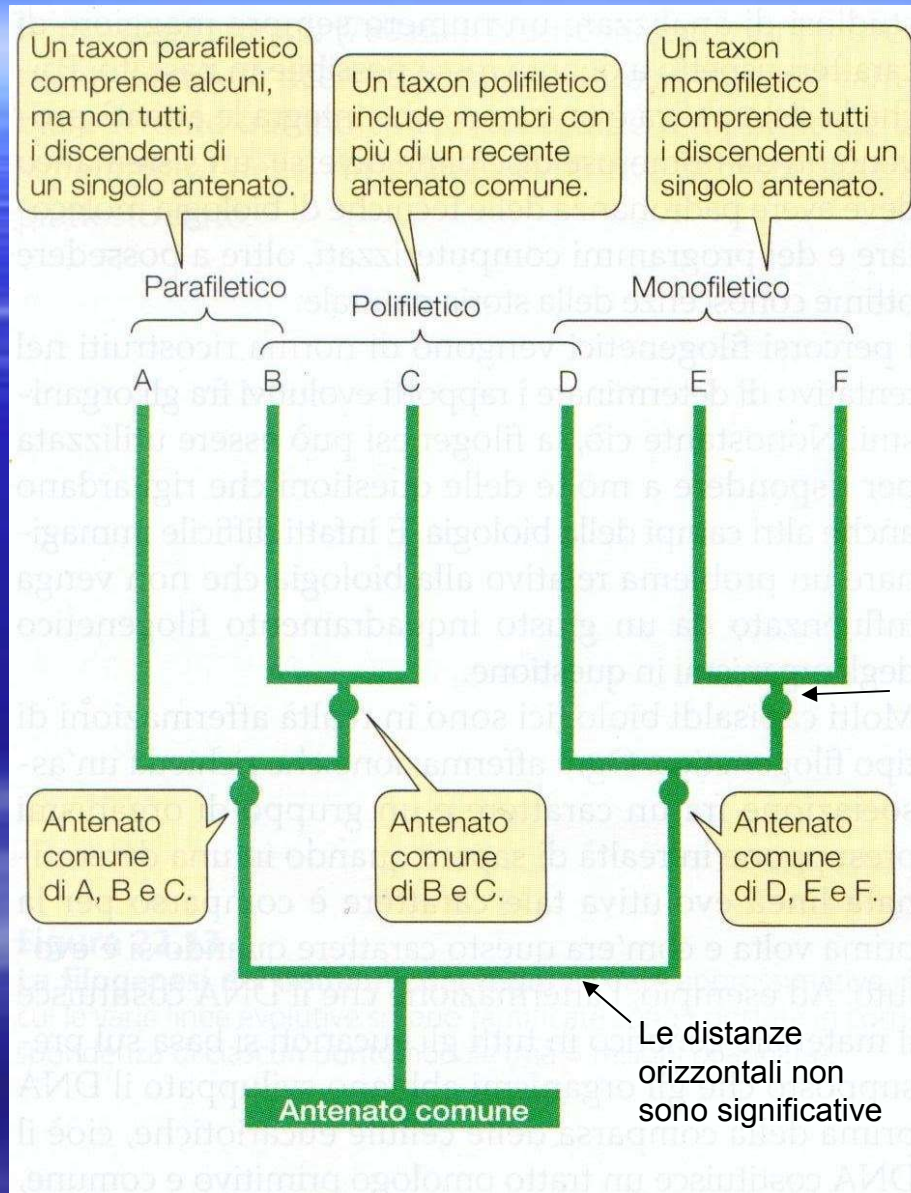
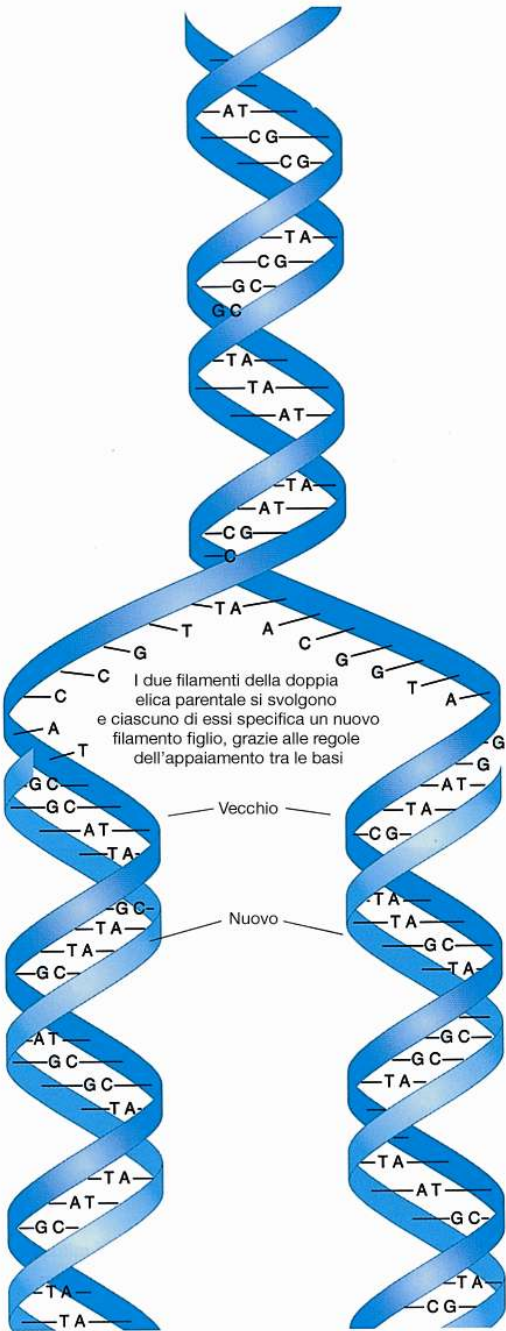


Figura per gentile concessione di Zanichelli Editore





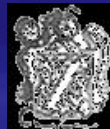


La sequenza del DNA è ideale per determinare affinità tra organismi.

Gli organismi possono essere confrontati allineando le loro sequenze. Ogni posizione nella sequenza può essere considerata una caratteristica che si può presentare in quattro forme, A, C, G, T.

Quando si osserva variabilità fra individui per la sequenza del DNA si può applicare il principio della massima parsimonia per stabilire le loro affinità.

Figura per gentile concessione di Zanichelli Editore



In questo esempio sono riportate le sequenze ipotetiche del medesimo tratto di DNA in 4 individui.

C'è variabilità nelle posizioni 5, 12, e 13.

La posizione 5 suddivide i soggetti in due gruppi con almeno 2 osservazioni ciascuno. È utile per massimizzare la parsimonia.

Le posizioni 12 e 13 identificano un soggetto ciascuna: contribuiscono a differenziare i soggetti ma non sono influenti per la parsimonia.

Sequence Data Explorer

Data Display Highlight Statistics Help

Color C V Pi S 0 2 4 UUC Phe

✓ Francesca	C	A	T	C	G	C	T	C	T	A	G	C
✓ Tamara	C	C	A	T	C	G	C	T	C	T	A	A
✓ Antonio	C	C	A	T	T	G	C	T	C	T	A	A
✓ Andrea	C	C	A	T	T	G	C	T	C	T	A	A

Dati originali

Sequence Data Explorer

Data Display Highlight Statistics Help

Color C V Pi S 0 2 4 UUC Phe

	C	C	A	T	C	G	C	T	C	T	A	G	C
✓ Francesca	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
✓ Tamara	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.
✓ Antonio	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.
✓ Andrea	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	T

Posizioni variabili

Sequence Data Explorer

Data Display Highlight Statistics Help

Color C V Pi S 0 2 4 UUC Phe

	C	C	A	T	C	G	C	T	C	T	A	G	C
✓ Francesca	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
✓ Tamara	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.
✓ Antonio	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.
✓ Andrea	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	T

Posizioni informative per la parsimonia

Sequence Data Explorer

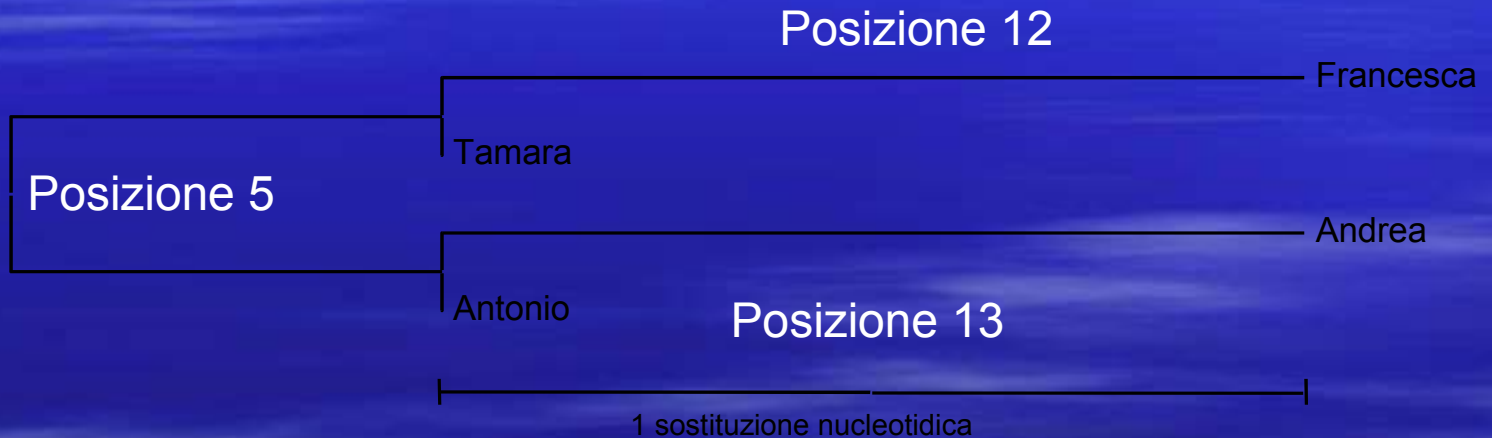
Data Display Highlight Statistics Help

Color C V Pi S 0 2 4 UUC Phe

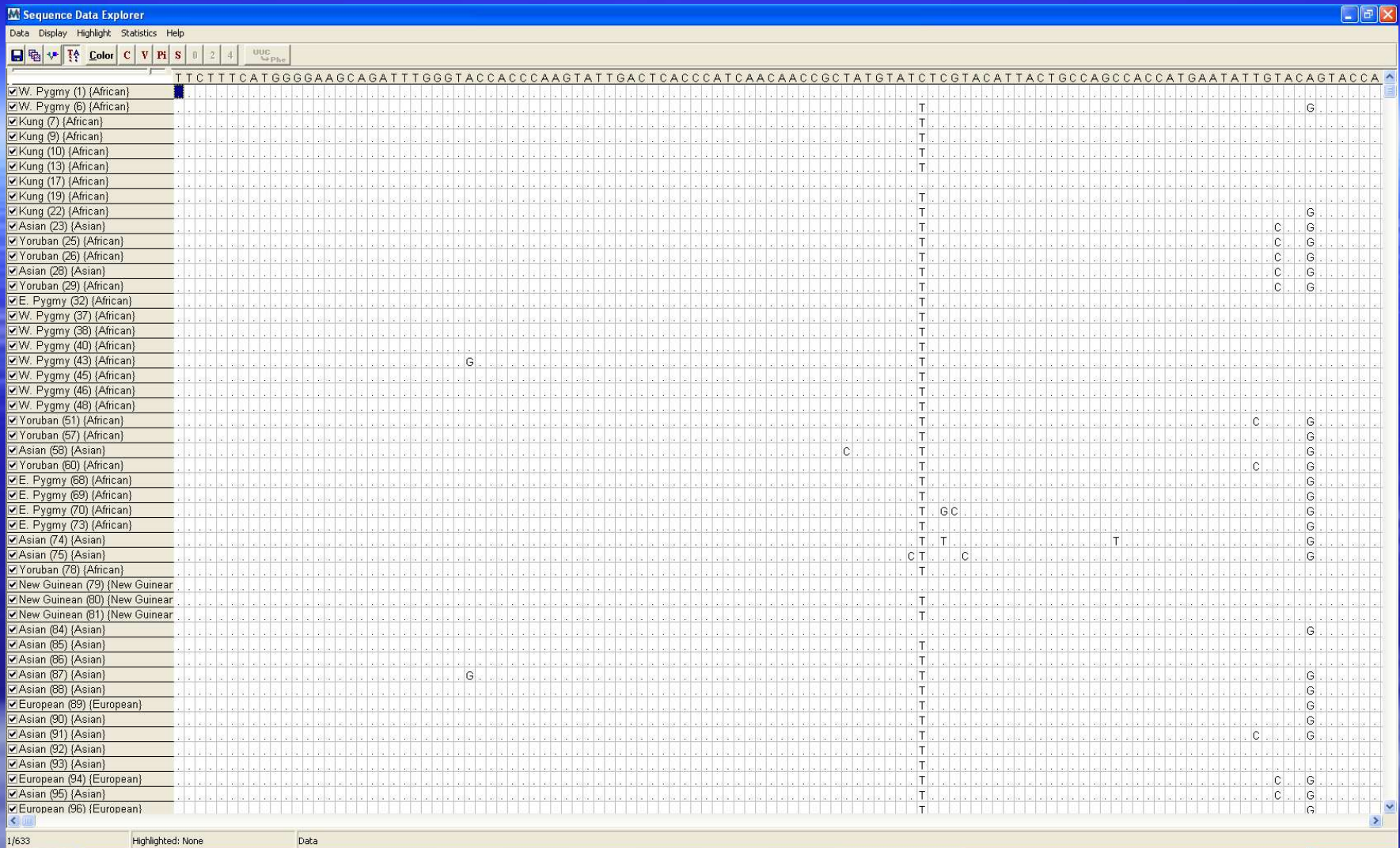
	C	C	A	T	C	G	C	T	C	T	Marks singleton sites	
✓ Francesca	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
✓ Tamara	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.
✓ Antonio	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	A	.
✓ Andrea	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	A	T

Posizioni con variazioni uniche (singleton)

Il risultato di un allineamento è direttamente analizzabile tramite un programma per la costruzione di alberi evolutivi che sfrutti il principio della parsimonia.

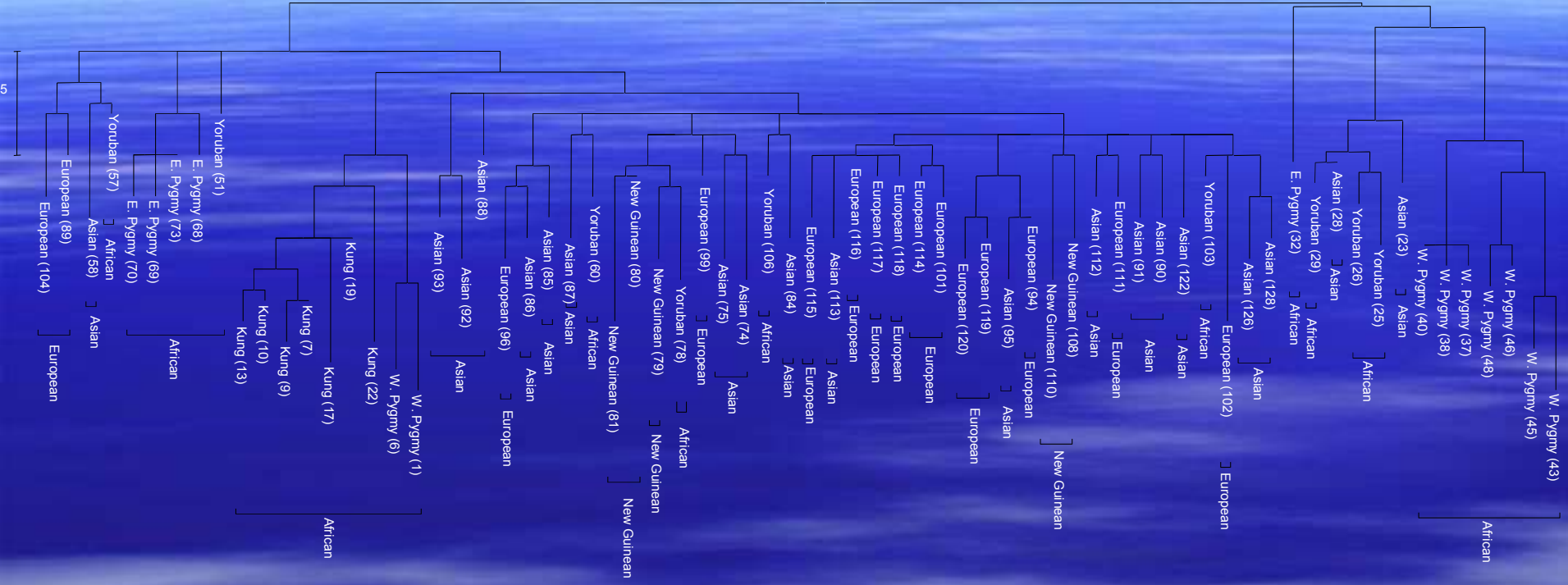






Questi dati si riferiscono ad un particolare frammento di DNA analizzato in una vasta gamma di soggetti appartenenti ai 5 continenti. Applicando i metodi prima esposti è possibile ricavarne un diagramma che ne descriva le relazioni filogenetiche.

# Radice



Conclusione: esiste un clade molto antico rappresentato quasi esclusivamente in Africa. Tutte le altre sequenze sono il frutto di ramificazioni molto ravvicinate e si trovano sia in Africa che negli altri continenti. Si conclude che le sequenze che si trovano fuori dall'Africa sono solo un sottinsieme di quelle presenti in Africa.

Quindi il popolamento degli altri continenti è da attribuire ad una sotto popolazione africana che ha abbandonato il continente ed ha colonizzato l'Eurasia.