

Filogenesi dei bovini attraverso l'analisi della variabilità del DNA mitocondriale (mtDNA) e del cromosoma Y

Variabilità del mtDNA dei bovini

La domesticazione dei *Bos primigenius* (gli antichi uri) - avvenuta ~10,000 anni fa - rappresentò una delle principali innovazioni della "rivoluzione" Neolitica con ripercussioni significative in campo sia culturale che socio-economico per le popolazioni del Vecchio Mondo che, in tempi diversi, adottarono l'allevamento. Negli ultimi abbiamo analizzato quasi 2000 bovini di razze taurine Europee, Mediorientali e Africani a livello di regione di controllo del mtDNA e abbiamo prodotto più di 100 sequenze complete di mtDNA.

Abbiamo identificato, in campioni taurini moderni, genomi mitocondriali di *B. primigenius* europeo appartenenti a due distinti aplogruppi (P e Q) con distribuzione geografica alquanto diversa, in accordo con dati da DNA antico e più recentemente genomi mitocondriali di un aplogruppo finora mai descritto, R, che sembra specifico di razze italiane. Questa scoperta ci ha portati a ipotizzare che in Italia, in epoca storica, sia potuta avvenire una domesticazione indipendente di *B. primigenius*, in accordo con recenti ipotesi fatte per altre specie di eventi multifocali di addomesticamento successivi a quelli originali.

I nostri dati, confermati da altri autori, dimostrano che linee di mtDNA di *B. primigenius*, di cui finora si ignorava l'esistenza, sono tuttora presenti nei bovini moderni, magari in razze autoctone non altamente selezionate e a rischio. Grazie al crescente numero di sequenze complete di mtDNA disponibili sia di campioni moderni che antichi, sarà possibile studiare sempre più accuratamente la variazione dell'mtDNA degli antichi uri attraverso l'analisi delle linee mitocondriali entrate e mantenute nelle moderne razze taurine.

Ricerca di marcatori biallelici del cromosoma Y bovino e studio della sua variazione

Abbiamo avviato un progetto che ha come obiettivo lo sviluppo di un set di SNPs Y-specifici, ottenuti con un approccio bioinformatico a partire dalle sequenze disponibili del cromosoma Y bovino. Tutte le regioni disponibili del cromosoma Y sono state analizzate in modo da filtrare le sequenze ripetitive, quindi sono state suddivise in frammenti amplificabili mediante PCR e nello stesso tempo confrontate nuovamente in banca dati per scartare quelle condivise con il cromosoma X. Gli ampliconi (STS) ottenuti sono quindi analizzati alla ricerca di SNP, e verificati mediante sequenziamento. I marcatori identificati consentiranno di costruire la prima filogenesi del cromosoma Y di questa specie che, oltre ad essere utile per comprenderne l'addomesticamento di questa specie e l'origine delle varie razze, potrà fornire informazioni anche sugli spostamenti dei gruppi umani. Tra i primi risultati ottenuti, abbiamo identificato un STS che consente una rapida tipizzazione degli aplogruppi Y1 e Y2 mediante una semplice PCR e una serie di STS che permettono di suddividere l'aplogruppo Y2 in due sottoaplogruppi, Y2A e Y2B.