

Le date dell'evoluzione

Dal confronto del DNA una nuova tecnica per risalire agli antenati comuni

I contorni dell'albero dell'evoluzione si fanno meno sfumati, grazie agli studi di un gruppo di ricercatori guidati da Emmanuel Douzery, dell'Università di Montpellier. Basandosi sull'analisi comparata degli amminoacidi di più di 100 proteine appartenenti a 36 specie viventi fra animali, funghi e piante, e utilizzando un particolare approccio statistico, Douzery e colleghi hanno sti-

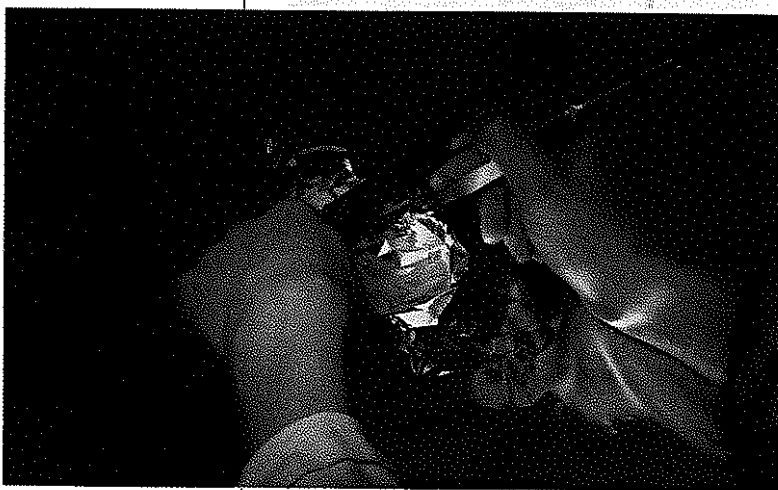
quel caso, la datazione delle rocce in cui sono intrappolati i resti o la misurazione della percentuale di carbonio-14 rende possibile una rozza stima dell'età dei reperti.

Con l'avvento della biologia molecolare, è stato proposto un altro approccio: se i geni accumulano mutazioni a ritmo costante nel tempo, allora dalla misura delle differenze tra i DNA di due specie viventi si può risalire al periodo in cui si sono separate. Questo «orologio molecolare» è stato quindi prima calibrato per alcuni taxa con una ricca documentazione fossile, come i vertebrati, e poi usato per stimare i punti di divergenza di altre specie. Spesso, però, le conclusioni non sono state soddisfacenti: molti phyla sembrano essere apparsi centinaia di milioni di anni prima rispetto a quanto indicato dalla paleontologia, perché il tasso dell'evoluzione è differente per diversi gruppi di organismi.

Douzery e colleghi hanno analizzato 129 proteine di 36 specie viventi essenziali per la vita che hanno la caratteristica di presentare sequenze di amminoacidi rimaste quasi costanti durante l'evoluzione e, dalle piccole differenze tra le specie sopravvenute nel corso del tempo, hanno stimato per ogni gruppo il tasso di mutazione. Poi hanno creato un albero evolutivo dei principali taxa che incorpora i differenti tassi di mutazione stimati per ogni gruppo e che concorda con i dati ben conosciuti di sei fossili di antiche specie.

Il fatto che le specie appaiano quasi ovunque nell'albero prima che nella documentazione fossile segna un punto a favore del nuovo metodo. Ma il vantaggio più rilevante è che non è necessario ipotizzare un tasso costante per l'evoluzione di protozoi, piante e animali.

LUCA SCIORTINO



James King-Holmes/SPL/Grazia Neri

PREPARAZIONE DI UN CAMPIONE per l'analisi al radiocarbonio, una tecnica di datazione non sempre soddisfacente. I nuovi metodi basti sul DNA potrebbero offrire un'interessante alternativa.

mato la data di alcuni episodi chiave dell'evoluzione, offrendo così un nuovo metodo per risalire al periodo in cui è vissuto il progenitore comune di due specie distinte.

Determinare la data in cui inizia la divergenza tra due rami evolutivi è un compito arduo. Per eventi recenti e per animali abbastanza grandi la soluzione è stata spesso il ritrovamento di fossili dell'ultimo progenitore comune di due specie. In

Come nascono i falsi ricordi

I falsi ricordi sono un argomento scottante nelle neuroscienze, e sono spesso oggetto di controversie tra gli studiosi. Ora una ricerca pubblicata su «Psychological Science» aggiunge altri elementi alla discussione, offrendo nuove prove della loro esistenza e suggerendo un meccanismo cerebrale che ne spiegherebbe la formazione.

«Sappiamo tutti che la memoria è imperfetta, perché dimentichiamo continuamente qualcosa», spiega Ken Pallar, uno degli autori dello studio. «Tendiamo però a trascurare l'aspetto opposto, e cioè il fatto che possiamo ricordare come accaduti eventi solo immaginati». Eppure è un aspetto fondamentale, in base al quale alcuni studiosi contestano la credibilità dei racconti di testimoni oculari o delle cosiddette

memorie «represe», che emergono anche a molti anni di distanza da un evento traumatico.

Pallar e colleghi, della Northwestern University di Chicago, hanno analizzato le basi neurali della formazione dei falsi ricordi con uno studio suddiviso in due fasi. Nella prima veniva monitorata con risonanza magnetica l'attività cerebrale di persone alle quali erano mostrati dei nomi di oggetti su uno schermo. In alcuni casi il nome era accompagnato da una foto dell'oggetto, in altri i partecipanti dovevano immaginarlo.

Nella seconda fase, svoltasi dopo una ventina di minuti, i partecipanti dovevano indicare quali oggetti avevano visto in fotografia e quali avevano solo immaginato. Due le possibilità di errore: classificare come visti oggetti solo immaginati oppure