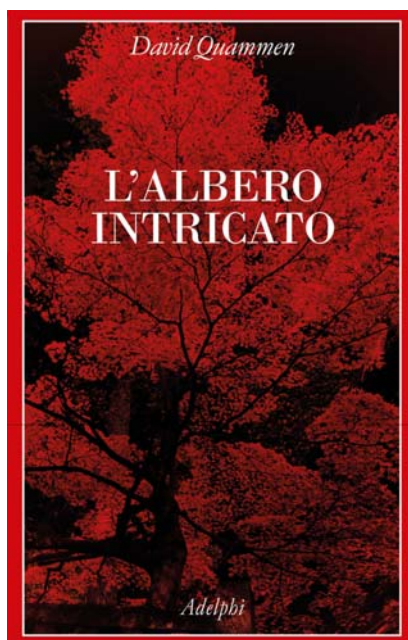


David Quammen. **L'albero intricato**. Una nuova e radicale storia della vita. Adelphi Edizioni, Milano, 2020, 544 pp.

Tratto in inganno dal titolo di copertina (L'albero intricato) che omette il sottotitolo (Una nuova e radicale storia della vita), ho acquistato il libro, insieme a un'altra trentina, nell'intento di trarne spunti per le mie schede divulgative sulle piante ornamentali. Mai errore fu così fecondo: fin dalle prime pagine, assodato che l'albero di cui si parla è quello della vita sulla Terra (basato sulla filogenetica molecolare), avverto scosse telluriche che fanno vacillare le mie certezze giovanili acquisite nei corsi universitari. In particolare, percepisco che vacilla la stessa idea darwiniana di evoluzione graduale basata sulla continua produzione di piccole variazioni e sulla affermazione, nella discendenza, di quelle più adatte, grazie alla selezione naturale.

A lettura conclusa le mie convinzioni su questo meccanismo esplicativo dell'evoluzione –che, nella sua semplicità (e negli avvincenti testi di Stephen J. Gould sulla struttura della teoria dell'evoluzione), ho sempre trovato mirabilmente coerente, elegante e convincente– restano valide per quanto riguarda il ruolo della selezione naturale, ma sono profondamente cambiate per quanto riguarda l'individuazione della fonte delle variazioni.

In particolare, la principale fonte di variazione genetica che dà luogo all'innovazione evolutiva non sarebbero le minuscole mutazioni graduali indicate dai neodarwinisti, ma l'acquisizione di interi genomi (per endosimbiosi o per altra via) o di loro parti. Il meccanismo delle variazioni graduali –pur mantenendo un suo ruolo e potere esplicativo– appare oggi



decisamente semplicistico, del tutto inadeguato a spiegare gli innumerevoli “salti” evolutivi osservati e le evidenze emerse dal sequenziamento genomico.

Radicali punti di divergenza che hanno creato nuovi gruppi tassonomici di livello elevato sono, ad esempio, quelli conseguenti all'endosimbiosi di batteri che, incorporati in cellule ameboidi di Archei (un Dominio antichissimo –di oltre 3 miliardi di anni fa– di cui però fino a pochi decenni fa non si sospettava nemmeno l'esistenza), anziché essere uccisi, sono stati integrati nel citoplasma dell'ospite, divenendone organuli specializzati in funzioni essenziali. Con l'incorporazione endosimbiontica di organismi appartenenti addirittura a un dominio diverso sono comparsi non solo mitocondri e cloroplasti ma anche (da batteri simili a spirochete) flagelli, ciglia e centrioli. Ma, soprattutto, è comparso il nuovo dominio degli Eucarioti i cui appartenenti sono dunque organismi “compositi” nelle cui cellule sono assemblati e integrati (sotto forma di organuli) individui di specie filogeneticamente molto lontane.

Ma le “intrusioni” all'interno della cellula non si limitano a quelle –di antichissima data– di microrganismi che, catturati nella cellula come prede (o penetrati in essa come invasori), vi si “sistemano” (o vengono “addomesticati”) come organuli.

Nuove inaspettate e insospettabili evidenze vengono dalle tecniche di sequenziamento molecolare, prima dell'mRNA, poi del DNA (oggi eseguibile automaticamente e rapidamente sull'intero genoma di una specie) che permisero non solo di dimostrare in maniera inequivocabile fenomeni fino ad allora inspiegabili o, al più, solo sospettati: la *trasformazione* del ceppo blando di pneumococco in virulento (grazie alla miscelazione del ceppo blando vivo con quello virulento morto); la *coniugazione* (in *E. coli*), che implicava uno scambio genetico tra batteri, sebbene si pensasse che si riproducessero unicamente per semplice scissione; la *trasduzione* di geni tra ceppi mutanti di *Salmonella typhimurium* (mediata da virus).

Dopo questi primi indizi, la consapevolezza del ruolo giocato dal trasferimento genico orizzontale (HGT–*horizontal gene transfer*) crebbe di colpo in maniera esplosiva negli anni '60 sulla spinta delle preoccupazioni (oggi ancor più pressanti) suscitate dalla comparsa della resistenza multipla agli antibiotici e dalla constatazione che essa si trasmetteva rapidamente *orizzontalmente* –cioè da una specie batterica a un'altra– grazie al trasferimento di un “episoma” (oggi plasmide). Questi trasferimenti di blocchi di geni tra specie diverse cominciavano a scuotere sia l'idea delle mutazioni graduali che quella della barriera genetica tra una specie e l'altra: pur partendo da un diverso ambito di ricerca, una parte della teoria darwiniana scricchiolava. Scric-

chiolii che diventano fracasso se si considera che i plasmidi saltano continuamente da una specie all'altra, tanto che alcuni ipotizzano che tutti i batteri della Terra costituiscano un'unica entità interconnessa.

Altri colpi vennero dalla scoperta del HGT da *E. coli* al lievito di birra (ancora un microrganismo, ma pur sempre un eucariote!). Un'altra sorpresa recente (2008) venne dal sequenziamento del genoma di rotiferi bdelloidei che ha mostrato geni provenienti (via HGT) da batteri, funghi e, addirittura, da una pianta (quindi addirittura da regni diversi)! Eventi che si ritenevano impossibili, a maggior ragione in specie che si riproducono asessualmente (unicamente per partenogenesi).

Così come si riteneva impossibile l'HGT da batteri a insetti: una convinzione crollata nel 2007 a seguito di studi di biologia computazionale che dimostrarono la capacità di batteri parassiti intracellulari (*Wolbackia*) di superare la "barriera di Weismann" penetrando così all'interno della linea germinale di insetti e altri invertebrati (pidocchi, crostacei, nematodi) e integrando il proprio genoma in quello nucleare dell'ospite: l'intero genoma di *Wolbackia* fu trovato nel genoma del moscerino *Drosophila ananassae*. Porzioni

di DNA batterico (*Acinetobacter*, *Pseudomonas*, *Helicobacter*) furono poi trovate nel genoma umano, con frequenza molto più elevata in cellule tumorali (non germinali) rispetto a quelle sane.

L'insieme delle conoscenze acquisite scuote anche l'albero (filogenetico) della vita e la sua raffigurazione grafica di una progressiva ramificazione dei taxa (con i più antichi progenitori presso la radice e i ramoscelli dei discendenti divergenti verso l'alto). Il completo sequenziamento del genoma di un membro degli Archaea (*Methanococcus jannaschii*), costituito da oltre 1700 geni (oltre la metà dei quali totalmente sconosciuti, senza alcun equivalente in altre forme di vita), non solo confermò che gli archei erano davvero un dominio separato, ma scosse profondamente l'idea dell'albero della vita. La comparazione dell'intero genoma dell'archo con quello di batteri e di un eucariote (nematode) mostrò in quest'ultimo una sconcertante mescolanza di geni batterici e di archei.

Altri studi, basandosi su 66 proteine essenziali per tutte le forme di vita e le loro varianti, appartenenti a un'ampia varietà di archei, batteri e eucarioti, costruirono un albero genealogico indipendente per ogni proteina. Ne emerse un risultato eloquente: i 66

alberi non corrispondevano; molti di essi erano incongruenti tra loro (con rami diversi che spuntavano in punti diversi). La conclusione logica fu che i geni hanno delle loro linee di discendenza individuali, non corrispondenti alla linea dell'organismo in cui sono attualmente presenti: mentre le specie si riproducono in linea verticale, i loro geni (a volte) si spostano da una specie all'altra. Insomma, ogni gene ha la sua storia. Com'era possibile? La risposta sta nel trasferimento genico orizzontale, da una specie a un'altra (anche molto distante).

In poche parole (soprattutto –ma non solo– nelle prime fasi della vita sulla Terra), la filogenesi delle specie non assomiglia più a un albero ma piuttosto a una rete; i rami dell'albero sarebbero collegati e intersecati come in una ragnatela; l'evoluzione sarebbe "reticolata", oltre che "ramificata". Le future ricerche chiariranno molti interrogativi.

Grazie Quammen: il tuo volume, vero antidoto alla pigrizia intellettuale, mi ha impedito di cullarmi nelle mie presunte certezze ma, soprattutto, ha fatto riesplodere quella curiosità scientifica che mi ha entusiasmato negli anni giovanili e non si è mai sopita del tutto.

**Giuseppe Sansoni**