

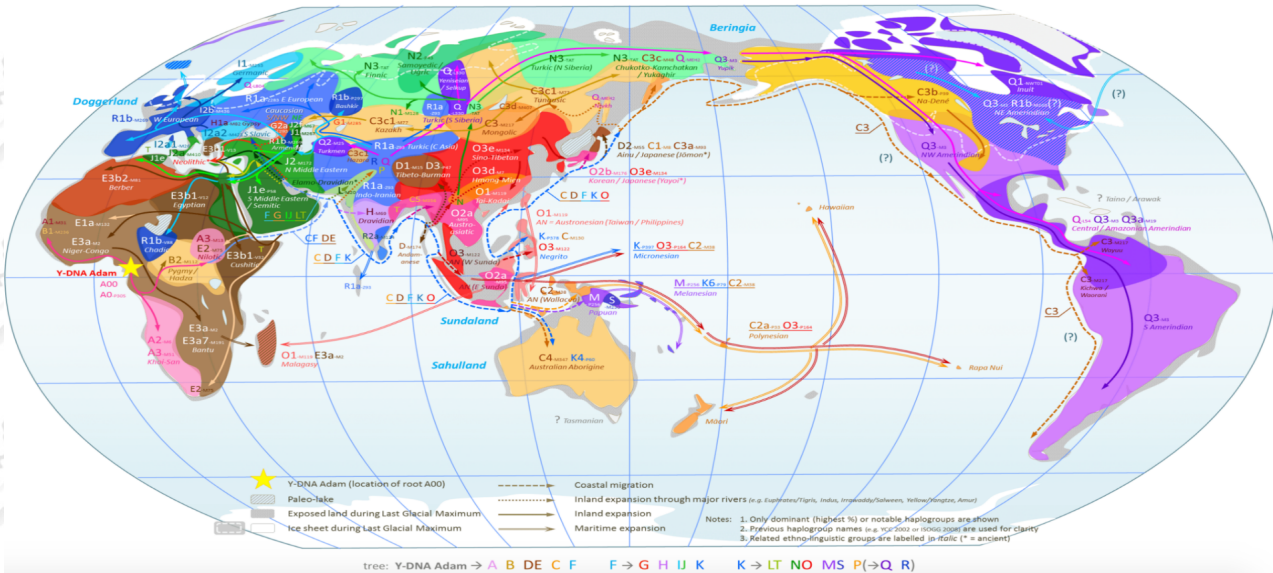
Alla ricerca di Adamo

Y-nvestigation: applicazione per analisi geografica della variabilità del cromosoma Y

D. Petricone¹, A. Novelleto¹, L. Vigliano²

¹ Dipartimento di Biologia, ² Dipartimento di Ingegneria dell'Impresa – Università Tor Vergata, Roma

World Map of Y-DNA Haplogroups
Dominant Haplogroups in Native Populations
with Possible Migration Routes



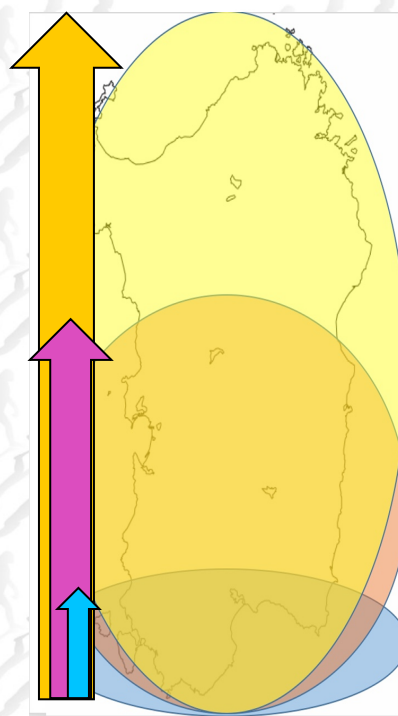
La maggioranza delle informazioni che ogni individuo maschile porta sul proprio cromosoma Y sono ereditate per via patrilineare e rappresentano la somma delle mutazioni avvenute nel corso dell'evoluzione durante le generazioni che si sono susseguite. Tali informazioni si trovano sulla regione non ricombinante del cromosoma Y denominata NRY (Non-Recombining Y-chromosome) e sono, nello specifico, dei marcatori polimorfici utilizzati proprio per la caratterizzazione del cromosoma stesso. I marcatori sono i polimorfismi microsatelliti o STR (Y-STR, short tandem repeat) e i polimorfismi a singolo nucleotide SNP (single nucleotide polymorphism). Il nostro lavoro è stato quello di raccogliere informazioni geografiche e relative ai marker suddetti di soggetti appartenenti alle popolazioni eurasiatiche, direttamente dalla letteratura o da laboratori privati, e farne una banca dati.

La combinazione delle informazioni sul genoma con le informazioni geografiche consente di individuare le regioni nel mondo dove la frequenza di marcatori, o combinazioni di marcatori, è più alta, ovvero di attribuire una o più regioni più probabili come origini del cromosoma Y del soggetto o della traccia.

Abbiamo quindi sviluppato un'applicazione web per l'interrogazione di tale base di dati, con l'obiettivo specifico di consentire l'analisi geografica della variabilità spaziale del cromosoma Y al fine di ripercorrere il tracciato territoriale o geografico a ritroso del «cammino percorso dai nostri avi» e di conseguenza cercare di capire da dove viene il nostro comune progenitore maschile: **Il nostro Adamo**.



L'applicazione web sviluppata, chiamata Y-nvestigation, permette, tramite la costruzione di apposite banche dati, di raccogliere informazioni di tipo biologico su tale cromosoma, combinare tali informazioni sul genoma con i relativi dati geografici, esplorare infine la variazione genetica e la distribuzione geografica dei tipi di cromosomi Y tramite la visualizzazione di mappe. Sono anche possibili ricerche specifiche per YSTR, SNP e Popolazioni.



Il confronto di un qualsiasi SNP o STR in una piccola realtà geografica e l'area immediatamente adiacente più grande è di enorme utilità per la comprensione delle migrazioni umane. L'uso dell'applicazione web, nelle sue sezioni, sulla popolazione della Sardegna meridionale, ha mostrato una maggiore presenza di SNP M269, M201 e M26 rispetto agli altri. La sezione «Analizza» dell'applicazione, attraverso la modifica della finestra geografica su tutta la Sardegna, ci ha portato a concludere che gli SNP più presenti in questa regione sono sempre gli stessi del sud della Sardegna, ma questa volta con una percentuale più alta per lo SNP M26. **Mostrando un possibile percorso d'individui con questo Aplotipo dal sud al nord della Sardegna.**