## I geni raccontano la storia dei popoli: gli Inuit di Ammassaliq-Tasiilaq (Groenlandia orientale)

Donata Luiselli

Dipartimento di Biologia e.s., Lab. Di Antropologia molecolare, Università di Bologna

Quando ci siamo visti la prima volta non potevo immaginare quanto entusiasmo, interesse e instancabilità nell'esplorare mi avrebbe trasmesso Gianluca in questi due anni attraverso i racconti dei sui viaggi in giro per il mondo.

Il mio è un lavoro poco conosciuto, ma molto affascinante; sono un'antropologa "molecolare" o "antropologa genetista" ossia mi servo degli strumenti usati dai genetisti per studiare l'evoluzione e la diversità biologica dell'uomo, le affinità, le differenze, il grado di mescolamento tra le popolazioni, ma anche l'adattamento genetico ai diversi ambienti.

Prima di iniziare a parlare della ricerca sulla popolazione Inuit di Tasiilaq che grazie a Gianluca, Davide e a tutti i loro collaboratori sono riuscita a realizzare, è necessario fare una piccola introduzione di ordine generale.

Nel nostro genoma abbiamo due piccole "porzioni" molto informative per tracciare la storia delle popolazioni, una di origine paterna, presente solo nei maschi (cromosoma Y) e una di origine materna (genoma mitocondriale).

Tali porzioni contengono solo una minima parte delle informazioni presenti nel nostro patrimonio genetico, ma possono essere divisi in "*gruppi genealogici*" (o linee) che condividono un antenato comune, chiamati aplogruppi, distribuiti in modo diverso nel mondo (Fig. 1a,1b).

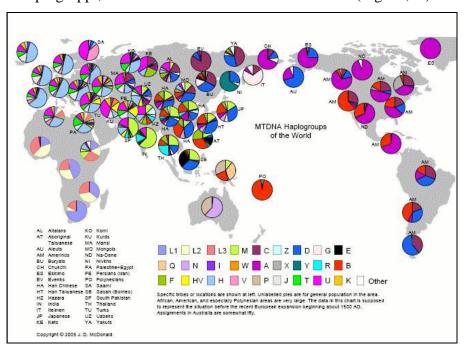


Fig. 1a- Distribuzione dei singoli aplogruppi mitocondriali (indicati con differenti colori) nel mondo

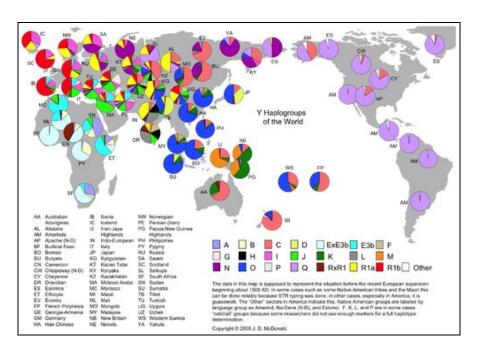


Fig. 1b- Distribuzione dei singoli aplogruppi del cromosoma Y (indicati con differenti colori) nel mondo

Il cromosoma Y viene trasmesso, come il cognome, attraverso la linea paterna, mentre il DNA mitocondriale attraverso quella materna e, salvo piccole variazioni, nel corso delle generazioni rimangono più o meno gli stessi. Tutto ciò significa che è possibile per i ricercatori ricostruire l'ancestralità paterna e materna di una popolazione studiando una serie di variazioni sul cromosoma Y e sul genoma mitocondriale. Dal momento che popolazioni di differenti aree geografiche nel mondo hanno differenti variazioni o mutazioni, i ricercatori sono in grado di identificare la località geografica dalla quale proviene un individuo.

Il metodo di analisi genetica può essere utilizzato anche su frammenti ossei e capelli ottenuti da reperti museali oltre che da reperti congelati o sepolti nel permafrost.

Nel febbraio di quest'anno, per la prima volta, un gruppo di ricercatori è riuscito a ricostruire in dettaglio il genoma di un essere umano estinto, analizzando una ciocca di capelli appartenuta a un uomo della cultura di Saqqaq, che occupava le regioni nord-occidentali della Groenlandia 4000 anni fa (Rasmussen et al., 2010).

Grazie alle sequenze genomiche ottenute, il gruppo di ricercatori è riuscito anche a ricostruire le fattezze di "Inuk", che significa "uomo" in lingua groenlandese, che possedeva occhi castani, pelle di colore scuro e incisivi sporgenti, oltre ad essere di gruppo sanguigno A+ e geneticamente adattato alle basse temperature.

L'importanza del reperto è dovuta in particolare al fatto che a parte questi quattro frammenti di osso e ai resti di capelli, non sono noti altri reperti umani delle popolazioni che colonizzarono le regioni

artiche del Nuovo Mondo. I risultati dello studio suggeriscono che gli antenati di Inuk arrivarono dalla Siberia nordorientale circa 5500 anni fa , in un'ondata migratoria indipendente sia da quella da cui ebbero origine i Nativi Americani sia da quella da cui derivarono gli antenati degli attuali Inuit che abitano l'Artico (Fig. 2).



Fig. 2 - Rotta migratoria dalla Siberia alla Groenlandia

(from M. Rasmussen et al. Nature 2010, adapted by A. Nandy)

Durante la spedizione in Groenlandia orientale, nell'ambito del progetto "I geni raccontano la storia dei popoli", gli amici Gianluca Frinchillucci, Davide Peluzzi e Luca Natali hanno raccolto un campione di cellule di mucosa buccale di 36 abitanti dei villaggi di Isortoq (nella piccola isola omonima ad una cinquantina di chilometri da Tasiilaq, nel Distretto di Ammassalik) e Tiniteqilaaq. Attualmente vi risiedono 102 individui, di cui 54 maschi e 48 femmine, distribuiti in 28 unità abitative. Il Progetto è svolto in collaborazione con il laboratorio di Antropologia molecolare in cui lavoro e con il laboratorio di Biologia ed Ecologia Umana del Dipartimento di Biologia evoluzionistica sperimentale dell'Università di Bologna. Tra gli scopi della ricerca c'era quello di di cercare di ricostruire mediante analisi genetiche la provenienza di questa popolazione del sud-est della Groenlandia rimasta isolata per millenni. Gli Inuit della Groenlandia Orientale sono stati contattati solo nel 1884, mentre il villaggio di Tiniteqilaaq è stato contattato solamente durante la seconda guerra mondiale.



Una bimba del villaggio

Come era da attendersi, dato l'elevato grado di isolamento di questa zona, la popolazione Inuit ha evidenziato una scarsa variabilità di linee sia materne (DNA mitocondriale) che paterne (cromosoma Y), in particolare due sottolinee dell'aplogruppo mitocondriale A2 osservate già in popolazioni Inuit della Groenlandia (Gilbert et al., 2008), ma anche in popolazioni Siberiane, in particolare nei Chucki.

In fig. 3 sono riportate le frequenze delle linee mitocondriali osservate, la più diffusa delle quali (40%) è presente in 15 individui.

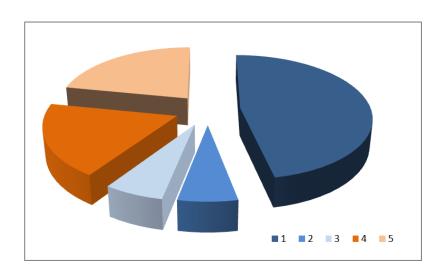


Fig. 3- Distribuzione di frequenza delle linee materne osservate (in blue e gradazioni A2b1, in arancio e gradazioni A2a1).

Le linee osservate suportano le evidenze archeologiche che suggeriscono che la cultura Thule si sia originata in Alaska irca 1000 anni fa e sia dispersa rapidamente con le migrazioni di popoli

cacciatori di balene che si spostarono insieme alle loro prede nei successivi 200 anni attraverso il nord Canada e la Groenlandia (Fig. 4).

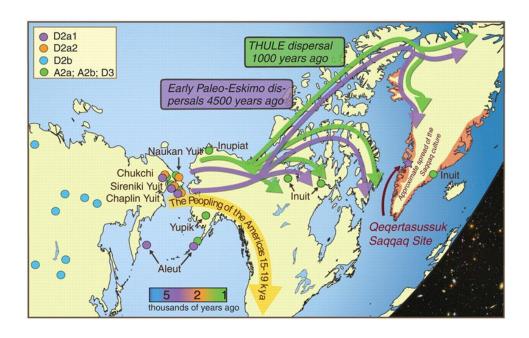
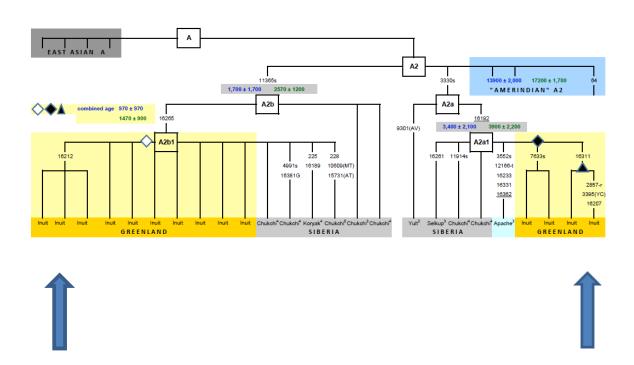


Fig.4. Ipotesi di dispersione di linee mitocondiali in differenti periodi (da Gilbert et al., 2008)



Come si può vedere dalla figura su riportata (Gilbert et al., 2008) i due alogruppi osservati nella popolazione analizzata appartengono a due rami distinti dell'albero filogenetico. La suddivisione di tali due branche subartiche, condivise tra Inuit e Siberiani la A2b e tra Siberiani Init e Na Denè la A2a, è dovuta probabilmente all'espansione secondaria dell'aplogruppo A2 dalla Beringia subito dopo la fine del massimo periodo glaciale (LGM).

Per quanto riguarda la linea ancestrale paterna (analisi del cromosoma Y) tutti gli individui studiati appartengono all'aplogruppo Q uno delle due linee più comuni tra Siberiani del nord est, Aleutini e Inuit della Groenlandia. Tuttavia, l'analisi sul cromosoma Y di 17 posizioni polimorfiche che vengono ereditate in blocco, ha permessoo di evidenziare che all'interno della stessa linea esistono due gruppi diversi (Fig. 5).

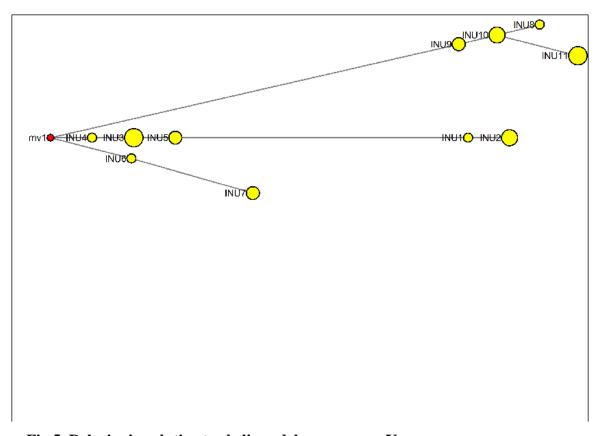


Fig.5. Relazioni evolutive tra le linee del cromosoma Y

La figura rappresenta le relazioni tra le linee del cromosoma Y (maschili) osservate nel campione Inuit. In particolare in rosso è riportata una linea, non osservata nel campione, ma dalla quale avrebbero avuto origine le altre. La dimensione dei cerchi rappresenta la frequenza osservata e la lunghezza dei rami il tempo intercorso .

Il nostro DNA racchiude molte storie e quella che finora abbiamo indagato non è che un piccolo frammento parziale e incompleto della storia di questo popolo affascinante che vorrei tanto andare a conoscere.

Un ringraziamento particolare va non solo a Gianluca e Davide, ma soprattutto a voi amici Inuit che avete permesso, credendoci, che questa ricerca si realizzasse.

## Bibiografia

Gibert et al., 2008. Paleo-Eskimo mtDNA Genome Reveals Matrilineal Discontinuity in Greenland, Science Vol. 320. no. 5884, pp. 1787 – 1789.

Rasmussen et al., 2010. Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo. Nature, 463 (7282), 757-762.