LIFE Science Hub
JOURNAL OF SCIENCE
EXPANDING KNOWLEDGE ABOUT NUTRITION AND HEALTH

ORIGINAL RESEARCH
ISSN 2845-7269

Domesticazione del sorgo e selezione genomica della biosintesi dell'amido di riserva

M. Moscati[1]

1 Revisore scientifico, Italy

1. ABSTRACT

Lo studio analizzato ha esaminato come la domesticazione abbia modificato i geni coinvolti nella produzione dell'amido di riserva nel sorgo, un cereale coltivato. Attraverso dati di sequenziamento genomico e analisi della diversità genetica, gli autori hanno confrontato varietà tradizionali coltivate con linee selvatiche o infestanti. Molti geni della principale via di sintesi dell'amido hanno mostrato una minore variabilità genetica nelle varietà coltivate, un segnale compatibile con pressioni selettive avvenute durante la domesticazione.Nel paragrafo de "La scelta di Vivere in Salute o in Malattia" del Dott. A. Colonnese e R. Panzironi, la pubblicazione contribuisce alla narrazione secondo cui le principali colture agricole hanno un ruolo alimentare strettamente legato al loro contenuto di amido. Studi indipendenti su mais, sorgo e riso confermano che geni della via dell'amido possono conservare segnali di selezione associati alla domesticazione. Tuttavia, le evidenze non dimostrano che la selezione abbia sempre aumentato direttamente la quantità di amido, né che questa spiegazione valga in modo identico per ogni coltura. La conferma è quindi indiretta e riguarda soprattutto il rapporto tra domesticazione, cereali e geni dell'amido.

ONLINE ARTICLE

ARTICLE INFORMATION

Published: November 10, 2026
Updated: November 11, 2026

DOI 10.5281/zenodo.24140645

MISSION

LIFE Science Hub – Journal of Science nasce con l'obiettivo di rendere accessibile il sapere scientifico senza rinunciare a rigore metodologico, qualità delle fonti e autorevolezza dei contenuti. La rivista promuove la diffusione della conoscenza nelle scienze della salute, della nutrizione, della medicina e della longevità, creando un ponte tra il mondo della ricerca e la società.

Attraverso articoli, revisioni, approfondimenti e contributi di esperti, il Journal valorizza la medicina e la scienza basate sulle evidenze, favorendo una corretta interpretazione dei dati scientifici e contrastando la disinformazione. Ogni contenuto è sviluppato con l'obiettivo di tradurre la complessità della ricerca in informazioni comprensibili, utili e applicabili, mantenendo intatti i principi di accuratezza, trasparenza e indipendenza scientifica.

Libera da condizionamenti politici, industriali e commerciali, la rivista si propone come uno spazio editoriale autorevole e indipendente, dedicato alla promozione della cultura scientifica, dell'aggiornamento professionale e della crescita della consapevolezza sanitaria nella popolazione.

2. STUDIO ANALIZZATO

La domanda di ricerca era se la domesticazione del sorgo abbia lasciato tracce riconoscibili nei geni che permettono al chicco di produrre e accumulare amido. L'ipotesi era che le varietà coltivate, rispetto ai parenti selvatici o infestanti, avessero subito pressioni selettive in specifici punti della via metabolica dell'amido.La pertinenza con il paragrafo del libro riguarda un passaggio preciso: l'amido non è soltanto un componente del chicco, ma un prodotto di riserva centrale nei cereali e un carattere biologico rilevante nella storia della loro coltivazione. Lo studio non misura il consumo umano di cereali, non confronta il contenuto proteico o minerale degli alimenti e non dimostra che l'aumento dell'amido sia stato l'unico obiettivo della selezione agricola. Documenta invece segnali genetici compatibili con selezione in una rete di geni coinvolti nella sintesi dell'amido nel sorgo.

3. MATERIALI E METODI DELLO STUDIO ORIGINALE

Gli autori hanno analizzato 114 geni identificati come coinvolti nel metabolismo e nella sintesi dell'amido nel sorgo. Il confronto principale ha riguardato accessioni classificate come *Landraces*, cioè varietà tradizionali coltivate, e genotipi selvatici o infestanti. La numerosità esatta delle accessioni appartenenti a ciascun gruppo non è riportata nel materiale disponibile, poiché la relativa tabella supplementare non è inclusa nel testo fornito.I genomi erano stati sottoposti a sequenziamento di nuova generazione, con una profondità media effettiva di lettura di circa 22 volte per linea, variabile da 16 a 45 volte. Gli autori hanno inoltre analizzato l'espressione dei geni nel chicco immaturo, raccolto 16 giorni dopo la fioritura, mediante RNA-seq (tecnica che misura quali geni vengono trascritti in RNA).Per valutare la selezione hanno calcolato la diversità nucleotidica, cioè quanto differiscono le sequenze di DNA tra individui; il valore FST, un indice di differenziazione genetica tra popolazioni; il test di Tajima, che confronta il modello di variazione osservato con quello atteso in assenza di selezione; e il rapporto Ka/Ks, che confronta mutazioni capaci di modificare una proteina con mutazioni che non ne cambiano la sequenza. Un rapporto Ka/Ks inferiore a 1 è generalmente compatibile con selezione purificante, cioè con l'eliminazione delle varianti potenzialmente dannose.

4. RISULTATI

Il risultato centrale è che molti geni della via principale di sintesi dell'amido presentavano differenze tra sorgo coltivato e sorgo selvatico o infestante. Nelle varietà tradizionali coltivate, la diversità nucleotidica media dei geni della via primaria era 0,0009933, rispetto a 0,00119 nelle linee selvatiche o infestanti: una riduzione media di circa 1,4 volte. In parole semplici, nelle varietà coltivate alcune regioni genetiche erano diventate più uniformi, un andamento compatibile con un collo di bottiglia della domesticazione e, in determinati loci, con selezione.La riduzione della diversità era particolarmente ampia in alcuni geni importanti per il flusso di carbonio verso l'amido. Per esempio, la diversità è risultata ridotta del 92,4% per *SbSH2*, un gene che codifica una subunità dell'ADP-glucosio pirofosforilasi, enzima coinvolto nella formazione del precursore diretto dell'amido. Sono state osservate riduzioni anche per il trasportatore *SbBT1* e per geni delle starch synthases, enzimi che allungano le catene di glucosio dell'amido.Tra i 114 geni esaminati, 71 mostravano almeno un segnale di selezione purificante e 62 almeno un segnale di selezione bilanciante, un processo che può mantenere varianti diverse nella popolazione. Quarantatré geni avevano segnali differenti in regioni diverse della loro sequenza. Questi risultati indicano una storia evolutiva complessa: non tutti i geni dell'amido sono cambiati nello stesso modo, né un segnale genetico permette di stabilire da solo l'effetto finale sul contenuto di amido nel chicco.Nel percorso principale, le varietà tradizionali mostravano inoltre una correlazione significativa tra posizione del gene nella via metabolica e rapporto Ka/Ks, con coefficiente di Kendall pari a 0,338 e valore P pari o inferiore a 0,023. Questo dato è compatibile con una maggiore conservazione dei passaggi posti più a monte della via. La correlazione non era significativa nelle linee selvatiche o infestanti, né nelle vie secondarie considerate dagli autori.

5. INTERPRETAZIONE

Per produrre amido, il chicco trasforma gli zuccheri provenienti dalla pianta in lunghe catene di glucosio. Alcuni passaggi iniziali di questa sequenza sono

essenziali: una loro alterazione può influenzare molte funzioni successive. Lo studio indica che, nel sorgo coltivato, diversi geni di questa rete hanno conservato segnali compatibili con la domesticazione.Il segmento documentato dalla pubblicazione è quindi: coltivazione e selezione del sorgo modificazioni della variabilità genetica nei geni della sintesi dell'amido. Questo è coerente con il fatto che i cereali siano fonti alimentari nelle quali l'amido costituisce una riserva energetica importante. Tuttavia, il passaggio ulteriore "selezione genetica maggiore contenuto di amido" resta un'interpretazione plausibile ma non dimostrata direttamente da questi dati, perché gli autori non hanno misurato sistematicamente quantità di amido, resa, proteine o minerali nelle stesse piante.È inoltre necessario distinguere tra una firma di selezione e una prova funzionale. Una firma di selezione segnala che una regione genetica ha seguito un andamento non casuale nel tempo; non dimostra automaticamente quale caratteristica visibile della pianta sia cambiata, né quale pressione agricola o ambientale l'abbia determinata.

6. EVIDENZE INDIPENDENTI DI CONFERMA

Una conferma indipendente proviene dal mais, altro grande cereale coltivato. Whitt e colleghi hanno esaminato sei geni rilevanti per il metabolismo dell'amido in mais e nel suo parente selvatico, il teosinte. Hanno osservato una diversità genetica insolitamente bassa nei geni dell'amido e segnali forti di selezione. Il risultato sostiene il passaggio generale secondo cui la domesticazione può agire su geni della via dell'amido in un cereale, senza però stabilire che l'effetto sia necessariamente un aumento quantitativo dell'amido in ogni varietà [1].Un'ulteriore conferma riguarda direttamente il sorgo. In un'analisi filogeografica di cultivar provenienti da differenti aree, de Alencar Figueiredo e colleghi hanno studiato sei geni candidati per qualità del chicco, compresi *Sh2*, *Bt2* , *SssI*, *Wx* e *Ae1*. I geni *Sh2*, *Bt2* e *SssI* hanno mostrato una perdita di diversità al di fuori dell'area d'origine del sorgo, mentre altri loci hanno mantenuto o sviluppato nuove varianti dopo la domesticazione. Questa osservazione conferma che la selezione umana non agisce in modo uniforme sull'intera via dell'amido [2].Anche nel riso, Yu e colleghi hanno confrontato sei geni principali della sintesi dell'amido in 99 accessioni coltivate e 70 accessioni del progenitore selvatico *Oryza rufipogon*. Hanno rilevato segnali di selezione positiva per il gene *GBSSI* in gruppi japonica e per *GBSSI* e *SBEIIb* nel gruppo aromatico. Il dato mostra che, in un terzo cereale, specifici geni dell'amido sono stati coinvolti nella storia della domesticazione e della qualità del chicco. La conferma resta parziale perché altri geni esaminati erano compatibili con evoluzione neutrale [3].

7. EVIDENZE DISCORDANTI

Non sono state individuate evidenze direttamente discordanti sufficientemente pertinenti; ciò non dimostra l'assenza di risultati contrari.Esistono però limiti rilevanti alla generalizzazione. Nel riso, lo studio indipendente ha osservato segnali selettivi soltanto per alcuni geni e non per tutti quelli della via analizzata. Inoltre, non ha rilevato un'associazione significativa tra posizione dei geni nella via dell'amido e livelli o schemi di diversità nel progenitore selvatico. Questo ridimensiona l'idea che ogni passaggio della via segua necessariamente lo stesso modello evolutivo nei diversi cereali [3].Nel sorgo, la stessa pubblicazione oggetto della Revisione delle prove segnala che alcune varianti genetiche sono aumentate, anziché ridotte, nelle varietà coltivate. Perciò la domesticazione non equivale a una semplice perdita generalizzata di diversità né dimostra, da sola, un incremento lineare dell'amido, della resa o della qualità nutrizionale.

8. QUADRO COMPARATIVO E SINTESI DELLE EVIDENZE

La tabella distingue lo studio analizzato dalle ricerche indipendenti utilizzate per valutare la narrazione del paragrafo del libro.

Quadro comparativo

Riferimento	Tipo di studio	Popolazione o modello	Risultato principale	Direzione dell'evidenza	Forza dell'evidenza
Studio originale	Genomica di popolazione e RNA-seq	Sorgo coltivato, selvatico e infestante; 114 geni dell'amido	Molti geni della via dell'amido mostrano variazioni di diversità e segnali compatibili con selezione durante la domesticazione.	evidenza biologicamente coerente	moderata
[1]	Osservazionale genetico	Mais coltivato e teosinte; sei geni del metabolismo dell'amido	I geni dell'amido hanno mostrato bassa diversità genetica e segnali di selezione.	conferma diretta	moderata
[2]	Osservazionale genetico	194 accessioni di sorgo coltivato; sei geni candidati della qualità del chicco	Alcuni geni dell'amido hanno perso diversità, mentre altri hanno mantenuto nuove varianti post-domesticazione.	conferma diretta	moderata
[3]	Osservazionale genetico	99 accessioni di riso coltivato e 70 accessioni di riso selvatico; sei geni dell'amido	Segnali di selezione positiva in alcuni geni, ma non in tutti; nessuna relazione significativa con la posizione nella via nel progenitore selvatico.	conferma indiretta	moderata

9. SINTESI EDITORIALE E CONCLUSIONI

CONCLUSIONI

Lo studio analizzato sostiene in modo convincente che la domesticazione del sorgo ha lasciato tracce genetiche in numerosi geni coinvolti nella sintesi dell'amido. Le evidenze indipendenti mostrano un quadro coerente in mais, sorgo e riso: alcuni geni dell'amido sono stati sottoposti a selezione durante la storia delle colture.La narrazione è ben sostenuta al livello biologico ed evolutivo. È invece soltanto indirettamente sostenuta l'idea che la selezione agricola abbia sempre prodotto più amido o che ciò abbia necessariamente ridotto proteine e minerali. Per queste conclusioni sarebbero necessari studi che integrino genetica, composizione del chicco, resa e condizioni di coltivazione.

Aggiornato al 17/11/2026. Questo contenuto riflette una sintesi divulgativa delle evidenze scientifiche al momento della pubblicazione e non sostituisce il parere medico.

10. TRASPARENZA E RESPONSABILITÀ SCIENTIFICA

L'Intelligenza Artificiale è stata impiegata esclusivamente come strumento di supporto editoriale e documentale. Tutti i contenuti, le interpretazioni, le citazioni bibliografiche e le conclusioni sono stati verificati, revisionati e approvati dall'autore, che ne assume la piena responsabilità scientifica.

Il manoscritto è stato inoltre sottoposto a revisione tra pari (peer review) indipendente prima della pubblicazione.

Per garantire la massima trasparenza, la cronologia completa dell'articolo, comprensiva delle date di sottomissione, revisione, accettazione e pubblicazione, nonché delle informazioni sul processo di peer review, è disponibile nella pagina dedicata alla Storia dell'articolo.

11. RIFERIMENTI BIBLIOGRAFICI

[1] **Genetic diversity and selection in the maize starch pathway**
Whitt et al., 2002
Proceedings of the National Academy of Sciences
DOI: https://doi.org/10.1073/pnas.202476999

[2] **Phylogeographic Evidence of Crop Neodiversity in Sorghum**
de Alencar Figueiredo et al., 2008
Genetics
DOI: https://doi.org/10.1534/genetics.108.087312

[3] **Molecular Evolution of the Endosperm Starch Synthesis Pathway Genes in Rice (Oryza sativa L.) and Its Wild Ancestor, O. rufipogon L.**
Yu et al., 2011
Molecular Biology and Evolution
DOI: https://doi.org/10.1093/molbev/msq243