

Origine del Cavolfiore (*Brassica oleracea* L. var. *botrytis* L.)

RICOSTRUZIONE STORICA ATTRAVERSO LA GENETICA MOLECOLARE

di Maria Carlotta Vocca

Glossario

Accessione: in ambito delle risorse genetiche, si intende l'entità da collezionare o collezionata. L'accessione può essere indicata con un numero, un codice, il nome dell'agricoltore, di colui che l'ha individuata, del raccoglitore, ecc., e della località di raccolta. Di fatto ogni entità presente in una banca del germoplasma è un'accessione. Una stessa varietà, nello stesso areale o in areali diversi, dove la stessa è stata diffusa, può essere rappresentata da più accessioni. Nel caso di specie propagate per seme, ogni diversa accessione di una stessa varietà locale può assumere tratti distintivi ben differenziati. Nel caso di specie propagate per via vegetativa, più accessioni della stessa varietà sono uguali, a meno che non siano intervenute mutazioni genetiche, nel qual caso può avere origine una nuova varietà. In definitiva le accessioni rappresentano il materiale vivente, prelevate da un campione di individui di specie animali, vegetali, funghi e altri microrganismi, e conservate in situ, ossia nell'ambiente originario secondo i meccanismi naturali di riproduzione, o ex situ, in apposite strutture che permettono la conservazione nel lungo periodo, denominate banche genetiche o banche del germoplasma. Nel loro insieme le accessioni costituiscono le collezioni di risorse genetiche (Anon. 2020).

Citogenetica: ramo della genetica che mette in relazione i dati citologici, ricavati dall'osservazione diretta dei cromosomi, con i dati genetici, ottenuti dallo studio della manifestazione e trasmissione dei caratteri ereditari (Dizionario di Medicina 2010).

Clade: in biologia e in particolare in biologia evolutiva, un "clade" è un gruppo di organismi che discendono da un antenato comune. Questi organismi possono essere specie, sottospecie o altri livelli di classificazione tassonomica. I membri di un clade condividono caratteristiche ereditate dall'antenato comune che li distinguono dagli organismi al di fuori del clade. Un clade è definito dalla sua monofilia, il che significa che include un antenato comune e tutti i suoi discendenti, escludendo qualsiasi altro gruppo di organismi non discendenti da quell'antenato comune. Questo concetto è essenziale nella costruzione degli alberi filogenetici, che rappresentano le relazioni evolutive tra gli organismi.

CWR: Crop Wild Relative, si riferisce al parente selvatico di una specie coltivata e quindi domesticata.

Diploidia: numero diploide è il numero di cromosomi presenti nel nucleo cellulare in doppia serie ($2n$). In botanica, l'individuo le cui cellule contengono nuclei con numero diploide di cromosomi è detto *diplofita* (Treccani s.d.). Il cavolfiore è una pianta diploide con numero cromosomico 9, i.e. $2n=18$ (con la variante $n=9$), appartenente al gruppo denominato *genoma C*.

Filogenesi: così si chiamano la serie degli stadi attraverso ai quali sono passati gli organismi (o le loro singole strutture) nel corso delle epoche geologiche e la scienza (detta anche filogenia) che cerca di ricostruire tali serie (Rosa 1932).

Gruppo Corona: con crown group o gruppo corona si intende un clade delimitato da suoi membri ancora viventi e dal loro più antico antenato comune. Per farla semplice, il gruppo corona comprende il più antico antenato comune di due linee ancora viventi e tutti i suoi discendenti, sia essi estinti o no. I punti importanti sono gli estremi del gruppo, che devono essere ancora vivi (Anon., Stem Group vs Crown Group 2012)

Ibridazione: processo attraverso il quale si incrociano due piante appartenenti a genere o varietà differenti.

Introggressione: inglobamento permanente di geni e/o organuli di una specie entro un'altra specie in seguito ad estesi fenomeni ibridogeni di retro-incrocio che spesso danno origine a diversi ibridi intermedi. Può avere come conseguenze: la fusione di specie diverse, il trasferimento di materiale genetico e quindi l'aumento della diversità genetica, la formazione di nuove specie (Acta Plantarum. Dizionario botanico 2007).

Isolamento riproduttivo: l'isolamento riproduttivo è la possibilità che due specie imparentate convivano senza che si verifichi un flusso genico (Sadava, Heller, et al. 2010b).

Ma: milioni di anni fa

MSC: Messinian Salinity Crisis, ovvero la crisi di salinità del Messiniano, è stato un evento paleo-oceanografico eccezionale che ha interessato la regione mediterranea da 5,97 a 5,33 Ma. Una temporanea restrizione dello Stretto di Gibilterra e l'espansione della Calotta polare Antartica hanno indotto uno squilibrio tra l'evaporazione e la quantità di acqua marina, trasformando il Mar Mediterraneo in un gigantesco lago ipersalino e determinando la deposizione di sequenze di sali spesso chilometri (Lai 2018).

Speciazione allopatrica: la speciazione risultante da una suddivisione della popolazione dovuta a una barriera fisica. La speciazione allopatrica è considerata la modalità di speciazione più diffusa negli organismi. La barriera fisica che interrompe l'areale di distribuzione di una specie può essere un fiume o una catena montuosa per gli organismi terrestri, oppure un tratto di terra emersa per gli animali acquatici (Sadava, Heller, et al. 2010a).

Triangolo di U: è una teoria sull'evoluzione e sulle relazioni intercorrenti fra membri del genere di vegetali *Brassica*. La teoria afferma che i genomi di tre specie ancestrali di *Brassica* si sono combinati per creare tre delle specie contemporanee di vegetali (Anselmo s.d., Wu, et al. 2022) (Figura 1).

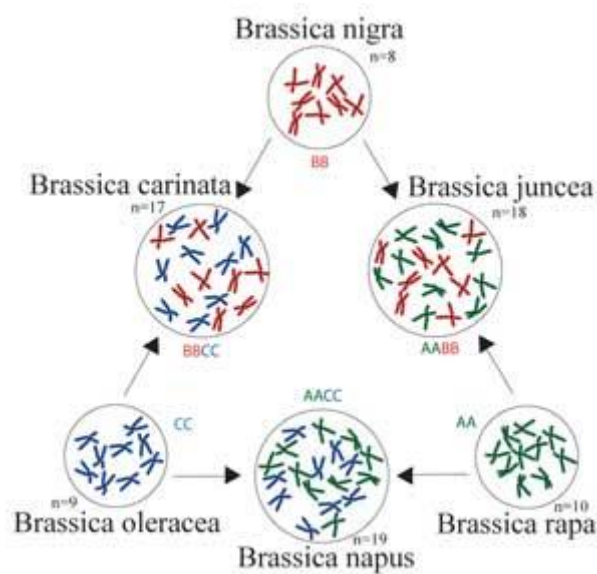


Figura 1: Triangolo di U (Anselmo s.d.).

Formazione della specie *Brassica oleracea*

La ricostruzione biogeografica e storica relativa alla distribuzione ed origine delle *Brassicaceae*, sia domestiche che selvatiche che ferali, è difficoltosa a causa di una incompleta raccolta di dati filogenetici (Arias, et al. 2014, Castañeda-Alvarez, et al. 2016, Couvreur, et al. 2010, Maggioni, von Bothmer, et al. 2018). Molte sono le proposte sul centro d'origine delle *Brassicaceae* e più in particolare del genere *oleracea*, che maggiormente interessa in questa sede per comprendere l'origine della var. *botrytis*.

Incominciamo col dare qualche accenno tassonomico, nonostante sia questo un campo piuttosto incerto e non scevro di confusione, tanto da spingere Bailey (1930) ad affermare: “Alcune di queste piante sembrano più confuse in letteratura che in natura”. Tenendo questo in mente, la tassonomia del cavolfiore può essere riassunta come segue:

Classe: *Dicotyledonae*

Ordine: *Rhoedales*

Famiglia: *Brassicaceae*

Tribù: *Brassiceae*

Genere: *Brassica*

Specie: *Brassica Oleracea*

Varietà: *Botrytis*

Anche per quanto riguarda la nomenclatura relativa al cavolfiore, alcuni autori utilizzano “varietà” (var.) (Smith e King 2000, Stansel, et al. 2018, Cai, et al. 2022), mentre altri preferiscono “subspecie” (ssp.) (Saban, et al. 2023, Lowman e Purugganan 1999). In questo contributo utilizzeremo la variante var., rimanendo in linea con la maggior parte dei riferimenti bibliografici visionati.

Il nome scientifico completo del cavolfiore è: *Brassica oleracea* L. var. *botrytis* L.

Prima di entrare nel vivo dell’argomento relativo all’origine della specie *Brassica oleracea* e dell’identificazione dell’antenato, riportiamo qui i risultati delle ricerche che si sono poste l’obiettivo di verificare la distribuzione biogeografica e tempi di diversificazione della tribù delle *Brassicaceae*, utile per la ricostruzione della storia del cavolfiore. Partiamo col ricordare che la zona Mediterranea è particolarmente difficile per la ricostruzione storica e biogeografica della flora, poiché il segnale filogenetico è disturbato dalla formazione di nuove zone di ibridazione ed introgressione. L’intersecazione dei continenti ha favorito isolamenti riproduttivi e speciazione allopatrica e sappiamo che le piante diploidi e tetraploidi del genere *Brassica* sono nate proprio grazie a questi

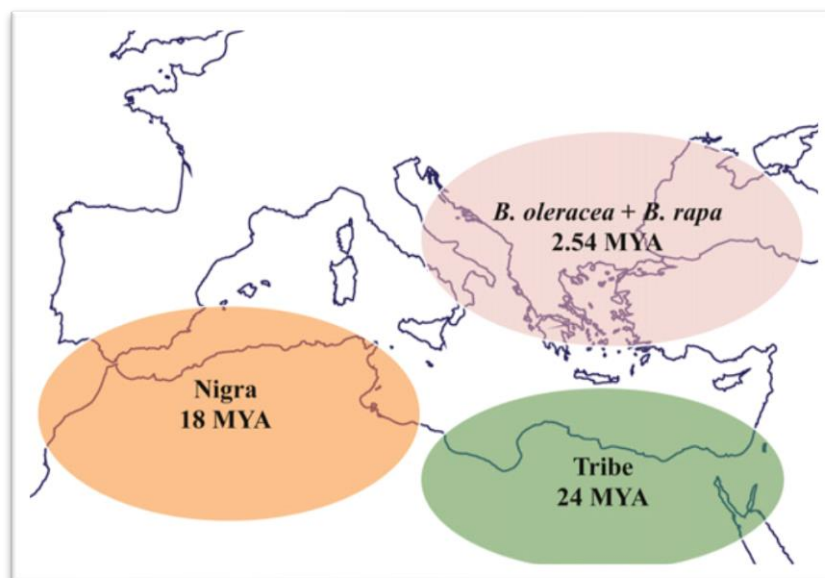


Figura 2: biogeografia e tempi di diversificazione della tribù Brassicaceae (Arias, et al. 2014, 88)

fenomeni, in seguito alla collisione delle tettoniche continentali (Arias, et al. 2014). Inoltre, c'è da aggiungere che le piante del genere *Brassica* possono ibridarsi vicendevolmente e ciò suggerisce una insufficiente divergenza genetica e un incompleto isolamento riproduttivo (Coyne e Orr 1989, Foltz 1997, Saban, et al. 2023).

Arias et al. (2014) affermano che la tribù delle *Brassicaceae* si sia originata circa 24.02 Ma e diversificata tra i 20 e i 10 Ma. Il lignaggio del clade *Nigra* che include *Brassica nigra* e i suoi CWR risale a 17.72 Ma, mentre il gruppo corona Oleracea si è diversificato intorno ai 15 Ma e colonizzato l'Europa meridionale da est intorno ai 10.65 Ma. All'interno del gruppo corona Oleracea è stato rilevato un ulteriore sottogruppo o subclade chiamato "Core Oleracea", includente le specie di *Brassica oleracea* e *Brassica rapa* e i loro rispettivi CWR. Questo clade si sarebbe originato nel tardo Miocene intorno ai 6.47 Ma. Infine, le varietà di *Brassica oleracea* e relativi CWR si sarebbero

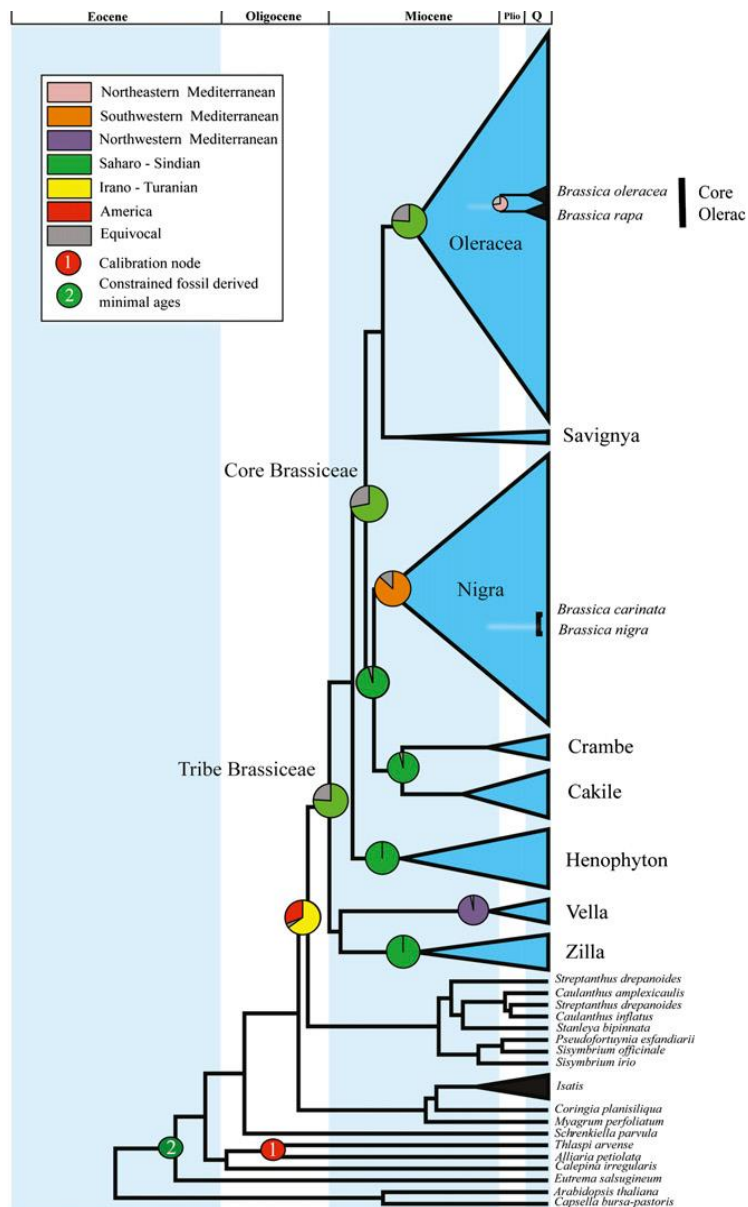


Figura 3: cronogramma della tribù delle Brassicaceae usando il programma BEAST (Arias, et al. 2014, 88)

diversificate intorno a 1.44 Ma e successivamente espanso in tutto il resto dell'Europa da est verso ovest. (Arias, et al. 2014, 88, 90) (Figura 2 e 3).

La loro analisi e relativi risultati sostengono la tesi secondo la quale il centro d'origine delle *Brassicaceae* non è il centro di diversità, andando contro ciò che è stato affermato da Gómez-Campo (1980) secondo cui il Mediterraneo sud-occidentale sarebbe sia il centro di diversità, in quanto tra l'Algeria e le coste spagnole si segnala una grande quantità di specie della tribù delle *Brassicaceae*, sia centro d'origine.

L'ipotesi di Arias et.al. (2014, 89) prevede nel dettaglio uno scenario in cui gli antenati della tribù *Brassicaceae* avrebbero abitato l'intersecazione tra le regioni saharo-sindica e irano-turanica nel tardo Oligocene, per poi espandersi colonizzando il nord-Africa mentre il Mediterraneo era in via di formazione. Infatti, la crisi di salinità del Messiniano, i.e. MSC: Messinian Salinity Crisis, è avvenuta tra i 5.96 e i 5.33 Ma, periodo di emergenza e diversificazione delle specie incluse nel gruppo Core Oleracea (*Brassica oleracea* e *Brassica rapa* e loro CWR). La crisi di salinità del Messiniano si verificò quando il Mar Mediterraneo fu circoscritto in seguito all'avvicinamento di Africa ed Eurasia, causando un abbassamento delle acque e alta precipitazione salina. Questi eventi furono responsabili del quasi totale prosciugamento delle acque fluviali e marine, mentre l'aumento dell'aridità e la formazione di vie di colonizzazione su terraferma avrebbero favorito nuove occasioni di diversificazione (Arias, et al. 2014, Crespo, et al. 2000, J. Thompson 2005).

Diversamente da Arias et.al. (2014), altri autori hanno cercato di ricostruire la storia della famiglia delle *Brassicaceae*. Couvreur et al. (2010), ad esempio, sostengono che la famiglia delle *Brassicaceae* si sarebbe originata intorno ai 37 Ma, avrebbe presentato un aumento del processo di diversificazione intorno ai 32 Ma e una diminuzione dello stesso intorno ai 22 Ma.

Dal punto di vista biogeografico, Couvreur et al. (2010) sembrano aderire all'ipotesi di Hedge (1976) secondo cui le *Brassicaceae* si sarebbero originate nella regione irano-turanica dove l'*Aethiomena*, sorella delle *Brassicaceae*, presenta la più alta variabilità di specie, eleggendo la Turchia quale centro di diversificazione (Al-Shehbaz, Beilstein e Kellogg 2006).

Per ciò che concerne la risposta biologica delle *Brassicaceae* al cambiamento climatico, la loro origine (ca. 37 Ma) coinciderebbe con l'espansione globale (Zachos, et al. 2001), e locale i.e. in Turchia (Akgün, Akay e Erdouan 2002), delle foreste tropicali del periodo dell'Eocene. Queste foreste tropicali colonizzarono anche l'Europa (Morley 2000, 2003), per cui si deduce che le *Brassicaceae* fossero originariamente piante tropicali, come le famiglie sorelle delle *Cleomaceae* e *Capparaceae*. A differenza di queste ultime, le *Brassicaceae* hanno avuto una evoluzione di carattere genetico che

ha permesso loro di sopravvivere anche in ambienti freddo-aridi (Couvreur, et al. 2010). Questa evoluzione potrebbe aver avuto principio durante il “Big Chill” o evento di raffreddamento dell’Eocene terminale c.a. 33 Ma (*ibidem*), quando questo periodo di raffreddamento provocò la formazione della calotta polare antartica (Zachos, et al. 2001) e l’estinzione di piante prettamente tropicali (Morley 2000, 2003). Come Couvreur et. al. (2010, 65) fanno notare, questo evento climatico -e relativa spinta evolutiva- è avvenuto proprio in corrispondenza del periodo di maggiore diversificazione delle *Brassicaceae*, ovvero c.a.32 Ma.

In che cosa consiste questa evoluzione di carattere genetico? Secondo Couvreur et. al. (2010, 66), uno degli eventi che ha potuto evitare l’estinzione delle *Brassicaceae* è il WGD, Whole Genome Duplication o duplicazione genomica totale. Il WGD è un fenomeno in cui l’intero genoma di un organismo subisce una duplicazione. Questo significa che tutti i suoi cromosomi, e quindi tutti i suoi geni, vengono duplicati in una singola volta. Questo processo porta a un raddoppio del contenuto genetico dell’organismo. La duplicazione genomica totale è un fenomeno importante nell’evoluzione e può avere conseguenze significative per gli organismi che ne sono colpiti. Può portare a un aumento della diversità genetica, fornendo nuovi geni e combinazioni di geni che possano servire da materiale per l’evoluzione di nuove caratteristiche e adattamenti (Ha, Kim e Chen 2009). Infine, può anche contribuire alla speciazione, poiché i due insiemi di cromosomi duplicati possono accumulare mutazioni e divergere geneticamente nel corso del tempo, portando alla formazione di nuove specie.

Identificazione dell’antenato del cavolfiore

Basandosi su studi citogenetici precedenti, ricercatori quali Mizushima (1980) e Prakash e Hinata (1980) hanno ipotizzato che le tre piante diploidi del triangolo di U (vedi e.g. Wu, et al. 2022), tra cui *Brassica oleracea*, i.e. genoma C con numero cromosomico $n=9$ o $2n=18$, si siano evolute ingrandendo il numero cromosomico da un antenato con $n=6$. Questa ipotesi venne scartata da Song et al. (1988b, 1988a) avallando invece la tesi di Snogerup (1980) secondo cui l’antenato delle varietà di *Brassica oleracea* sarebbe la subspecie *Brassica oleracea* selvatica (syn. *Brassica sylvestris* o *Brassica oleracea* ssp. *oleracea*) con numero cromosomico $n=9$. Quest’ultima a sua volta avrebbe generato una primitiva forma di *Brassica oleracea* poi domesticata, identificata con il cavolo Thousand heads o cavolo dalle mille teste. Questa specie è oggi considerata una specie landrace autoctona dell’Inghilterra a foglie sciolte (convar. *acephala*) da fruire come verdura.

Due anni dopo, Song, Osborn e Williams (1990) condussero un’analisi più approfondita che smentì in parte la tesi precedente. I nuovi risultati mostrarono che i morfotipi coltivati costituiscono un

gruppo monofiletico, ovvero provengono da un unico antenato, e che cavolfiori e broccoli si riuniscono in un solo cluster, il che significa che sono geneticamente più simili tra loro rispetto alle altre accessioni. Seguendo la loro tesi, Song, Osborn e Williams (1990) proposero che una primitiva forma di *Brassica oleracea* si sarebbe originata dallo stesso antenato della *Brassica rapa* e che successivamente diverse forme selvatiche si sarebbero evolute da questa forma primitiva. Questo comune antenato sarebbe stato simile alla *Brassica oleracea* selvatica e *Brassica alboglabra*, un tipo a foglie poi disseminato per tutta l'Europa (da notare l'assenza di chiari riferimenti biogeografici).

Forme specializzate si sarebbero poi evolute in aree diverse attraverso i processi di selezione, ibridazione ed introgressione e si sarebbero adattate anche a situazioni climatiche differenti. Per esempio, i broccoli antichi potrebbero derivare da un cavolo a foglie autoctono dell'Italia per poi geneticamente divergere e specializzarsi sul destino delle infiorescenze. Song et al. (1990) proseguirono asserendo che i cavolfiori si sarebbero evoluti dai broccoli e di conseguenza, anche per i cavolfiori il centro di origine sarebbe da ricercarsi in Italia. Tra le accessioni selvatiche, dunque, *Brassica oleracea* e *Brassica alboglabra* sembrano essere le forme più vicine a quelle coltivate e di conseguenza le considerarono gli antenati più prossimi alle varietà di *Brassica oleracea* domestiche.

Dello stesso parere di Song, Osborn e Williams (1990) sono Smyth (1995) e Thompson (1976, citato da Smyth 1995), i quali identificano la *Brassica oleracea* selvatica delle coste rocciose dell'Europa e Mediterraneo nord-occidentali, come antenato delle varietà coltivate di *Brassica oleracea*, tra cui il cavolfiore. Secondo queste teorie, le forme selvatiche a foglie di *Brassica oleracea* sarebbero state coltivate sulle coste dell'Inghilterra e della Francia nord-occidentale, trasportate attraverso le rotte commerciali dello stagno, in Medioriente, nel XI secolo a.C., per poi essere reintrodotte in Europa successivamente (vedi Cai, et al. 2022, Gomez-Campo 1999, Hodgkin 1995).

Già negli anni 70', Mitchell (1976) notò che le popolazioni di *Brassica oleracea* selvatica si distribuivano ai confini di città portuali e villaggi costieri e ciò lo indusse a pensare che in realtà si trattasse di piante ferali e non selvatiche. Le piante ferali sono piante che hanno rifuggito i campi coltivati e si sono rinaturalizzate; in questo caso si parla di piante endoferali, ovvero che si sono rinselvaticate senza l'aiuto di introgressione/ibridazione (Mabry, et al. 2021, Gering, et al. 2019, citato da Mabry et al. 2021) e hanno perso i loro tratti domesticati (Maggioni 2015). A sostenere la tesi che la *Brassica oleracea* selvatica non sia il progenitore dei morfotipi coltivati sono Mabry et al. (2021). Questi ricercatori hanno analizzato il genoma di diversi individui sia selvatici che domesticati per ricavarne un albero genealogico. In base ai loro risultati, si può affermare che per le *Brassica oleracea* il flusso genico con relativi CWR e l'introgressione con specie selvatiche o ferali appartenenti allo stesso genere, è molto agevole (Saban, et al. 2023, Mei, et al. 2010). Pertanto, così

si spiega perché la *Brassica oleracea* selvatica è geneticamente molto simile ai morfotipi coltivati e formano un unico cluster.

Da Maggioni (2015) apprendiamo che mentre in presenza di ibridi tra individui del genere *Brassica* si può perdere il fenotipo determinato dai tratti recessivi omozigoti di uno dei genitori, non si spiega con altrettanta facilità perché un cavolo reimmessosi nel selvatico preferisca ritornare al suo stato di pianta a foglie invece di generare nella sua progenie altri cavoli. Una delle possibili risposte che troviamo in Maggioni (2015) è quella relativa alla capacità di adattamento delle piante appartenenti al genere *Brassica*, ovvero che in presenza di stress idrico e mancanza di nutrienti, la selezione punta in favore di quei tratti selvatici che meglio si adattano ad un ambiente naturale, soprattutto se c'è materiale genetico da acquisire da altre piante selvatiche.

Mabry et al. (2021) e Maggioni (2015) trovano forte riscontro nella tesi che *Brassica cretica* e *Brassica incana* siano i parenti selvatici più prossimi alle forme coltivate, nonostante entrambi mostrino segni parziali di domesticazione e feralizzazione rispettivamente. In conclusione, Mabry et al. (2021, Kioukis, et al. 2020) puntano alla *Brassica cretica* e la fascia costiero- insulare della Grecia e Cipro quali antenato e centro d'origine delle varietà di *Brassica oleracea* coltivate, mentre Maggioni (2015) suggerisce di svolgere analisi più approfondite per verificare il legame parentale esistente tra le forme coltivate e *Brassica incana* puntando al centro- sud Italia come centro d'origine.

Restringendo progressivamente la ricerca sull'origine del cavolfiore, si possono menzionare Smith e King (Smith e King 2000), i quali hanno condotto delle ricerche genetiche per verificare lo sviluppo e domesticazione del cavolfiore. Secondo la loro tesi, che riconcilia i dati ottenuti da Song et al. (1990), Crisp (1982), il cavolfiore sarebbe nato in Italia meridionale da un broccolo calabrese attraverso l'intermediazione del cavolo viola siciliano. Stansel et al. (2018), d'altro canto, aggiunge che, in base alle analisi genetiche effettuate, il cavolfiore perfezionato è geneticamente più simile al cavolo broccolo rispetto al cavolfiore landrace e che i broccoli landrace condividono una grande componente della struttura con i cavolfiori perfezionati. Il tutto porta a pensare che i broccoli siano stati domesticati prima del cavolfiore e che si siano verificati eventi di introgressione dal broccolo durante la formazione del moderno cavolfiore (Stansel, et al. 2018).

Inoltre, sappiamo che il corimbo è composto da apici meristemati che non si sono sviluppati in fiori, e che il fenotipo a corimbo è sotto il controllo genetico in più di un locus (Crisp 1982, citato da Smith e King 2000). L'ontologia delle *Brassicaceae* nel suo insieme può essere vista come un aumento della severità nel controllo del passaggio dalla crescita vegetativa alla fioritura, ed i cavolfiori rappresentano il fenotipo più estremo di arresto precoce (Smith e King 2000, 604). Un livello

intermedio di arresto si osserva nell'infiorescenza del cavolo viola siciliano in cui il corimbo sviluppa primordia floreali prima del loro arresto. Invece, un livello ritardato di arresto è osservabile nel cavolo calabrese, caratterizzato da un'infiorescenza mista di numerose spighe floreali arrestate e la proliferazione di boccioli floreali quasi totalmente sviluppati. Questi, insieme, formano una struttura compatta ad ampia cupola, differentemente dal resto dei broccoli i quali presentano un'infiorescenza avanzata in cui le spighe floreali si sviluppano in una collezione di boccioli floreali maturi (*ivi*) (Figura 4).

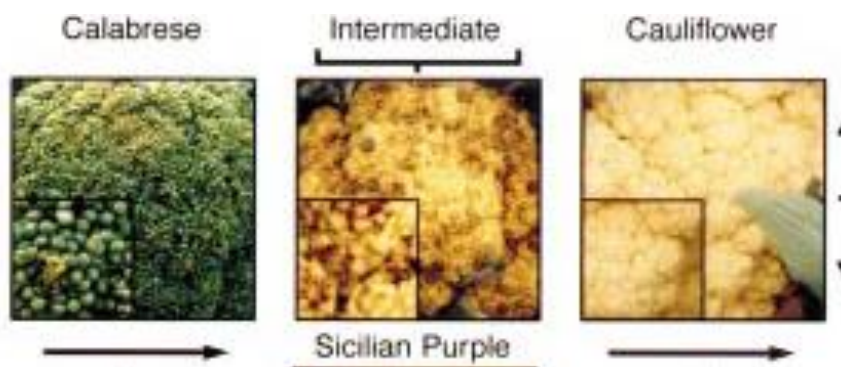


Figura 4: Fasi intermedie nella formazione del corimbo (Smith e King 2000, 605)

La ricostruzione storica di Smith e King (2000) prevede che i cavolfiori primitivi fossero stati generati involontariamente all'interno del pool genetico dei broccoli capitati da una mutazione degli alleli *BoCAL-a* o *BoAPI-a*. Un arresto più precoce nello sviluppo delle infiorescenze sarebbe sorto dopo l'introduzione di una copia mutante nel secondo locus, risultante nello sviluppo completo del corimbo. Crisp (1982) aggiunge, infine, che la selezione e ritenzione del cavolfiore deve essere stata frutto di una scelta antropica, poiché le piante con corimbo resistono meno all'ambiente naturale rispetto ai broccoli.

Una prossimità genetica tra i broccoli e i cavolfiori si nota in alcuni contributi, e.g. Purugganan et al. (2000, 859) e Mabry et al. (2021). Anche in questo caso ulteriori indagini sono richieste per chiarire i legami parentali esistenti tra queste due varietà.

Disanima

Lo scenario che deriva dalla bibliografia sopracitata, mostra una storia iniziata 37 Ma nella regione irano-turanica, quando si ebbe la formazione della famiglia delle *Brassicaceae*. La colonizzazione da est verso ovest degli individui appartenenti a questa famiglia fu dovuta ad una espansione delle foreste tropicali verso l'Europa. Infatti, le *Brassicaceae* si originarono come piante tropicali.

Intorno ai 32 Ma, si verificò un picco nella diversificazione delle specie della famiglia delle *Brassicaceae*, al fine di adattarsi probabilmente all'evento del Big Chill, un periodo di raffreddamento avvenuto nell'Eocene terminale.

Un altro evento significativo nella storia del cavolfiore, è costituito dall'origine della sua tribù, ovvero la formazione delle *Brassicaceae* intorno ai 24 Ma, nell'intersecazione tra la regione irano-turanica e quella saharo-sindica. Intorno ai 18 Ma, si verificò la formazione della specie *Brassica nigra*, la quale colonizzò il nord-Africa, mentre gli individui appartenenti alla specie *Brassica oleracea* si originarono nel Mediterraneo centro-orientale, intorno ai 6.47 Ma.

Questo evento coincide con la crisi di salinità del Messiniano, ovvero la formazione del Mediterraneo per via dell'avvicinamento dei due Continenti, Africano ed Euroasiatico. Ciò provocò un cambiamento climatico che ebbe conseguenze profonde sulla geomorfologia del territorio, anche dal punto di vista della flora. Prosciugandosi le acque, le piante ebbero modo di colonizzare nuovi ambienti precedentemente isolati.

Ciò ha dato l'opportunità a nuove specie di formarsi ed evolversi.

Da qui in poi non ci sono chiari riferimenti cronologici seguendo esclusivamente i dati di genetica molecolare. Il supporto potrà avvenire con l'acquisizione di informazioni da altri campi del sapere come gli studi linguistico-letterari (Maggioni 2015, Maggioni, von Bothmer, et al. 2018), ed archeologici (vedi Evershed, et al. 1992, Schmidl e Oeggl 2005, Kaniewski, et al. 2011).

Sappiamo che le varietà coltivate della specie *Brassica oleracea* sono molto diverse morfologicamente tra loro, ma, nonostante questa eterogeneità, si è scoperto che provengono tutte da un unico progenitore. La *Brassica oleracea* selvatica dell'Europa nord-occidentale non è del tutto convincente come antenato, dal momento in cui si è scoperto essere ferale e, in più, provenire da un centro d'origine diverso rispetto a quello ricostruito da Arias et al. (2014). Le due scelte possibili, pertanto, ricadono sulla: *Brassica cretica* con centro d'origine la Grecia e Cipro; oppure la *Brassica incana* proveniente dall'Italia centro-meridionale.

Infine, sappiamo che in molti contributi i broccoli e i cavolfiori costituiscono un unico gruppo e che i broccoli sono più vicini geneticamente all'antenato comune rispetto ai cavolfiori. Ciò implica due possibili scenari in cui il cavolfiore: deriverebbe dal broccolo calabrese con intermediazione del cavolo viola siciliano; oppure si sarebbe formato indipendentemente e poi evoluto con l'introggressione dal broccolo.

In ogni caso, il cavolfiore difficilmente sopravvive senza cure per cui la selezione verso una pianta a corimbo deve essere stata dovuta ad una scelta antropica.

Suggerimenti conclusive

Le conclusioni sulla formazione della specie *Brassica oleracea* offrono un quadro complesso e sfaccettato della sua storia evolutiva e domestica. Dai dati presentati emerge un'immagine di una pianta che ha attraversato molte trasformazioni nel corso del tempo, influenzata da eventi geografici, climatici e interazioni umane.

La ricostruzione biogeografica e filogenetica della famiglia *Brassicaceae*, sebbene complessa a causa della mancanza di dati completi, offre indicazioni cruciali sull'origine e la diversificazione delle piante del genere *Brassica*. L'analisi genetica suggerisce che il centro di origine delle Brassicaceae non coincida necessariamente con il centro di diversità, ponendo interrogativi sulle ipotesi tradizionali.

L'origine della specie *Brassica oleracea* è stata contestata nel corso degli anni, con varie teorie che propongono diversi antenati e centri di origine. Mentre alcuni studi indicano la *Brassica oleracea* selvatica come progenitrice, altri suggeriscono specie più vicine come la *Brassica cretica* o la *Brassica incana*. Anche la relazione tra cavolfiore e broccoli è oggetto di dibattito, con alcune prove che suggeriscono un'origine comune e altre che indicano un'evoluzione separata con eventi di introgressione.

È evidente che la formazione del cavolfiore moderno è stata influenzata dalla selezione antropica, con l'accento su caratteristiche come il corimbo, che rappresenta un adattamento per la crescita vegetativa e la fioritura. Questa selezione ha portato alla diversificazione delle varietà coltivate, nonostante derivino da un singolo antenato comune.

Infine, la comprensione completa dell'evoluzione del cavolfiore richiederà l'integrazione di dati da diverse discipline, come linguistica, letteratura e archeologia, per fornire un quadro più completo e dettagliato della sua storia. In definitiva, la formazione della specie *Brassica oleracea* rappresenta un interessante esempio di adattamento evolutivo ai cambiamenti climatici e geomorfologici e interazione umana nel mondo vegetale.

Riferimenti bibliografici

- Salvai, Giuliano, e Giovanni Dose, . *Acta Plantarum. Dizionario botanico.* 2007.
https://www.actaplantarum.org/glossario/glossario_view.php?id=1937 (consultato il giorno 03 13, 2024).
- Akgün, F., E. Akay, e B. Erdouan. «Tertiary terrestrial to shallow marine deposition in central Anatolia: a palynological approach.» *Turk J Earth Sci*, n. 11 (2002): 127-160.
- Al-Shehbaz, I. A., M. A. Beilstein, e E. A. Kellogg. «Systematics and phylogeny of the Brassicaceae (Cruciferae): an overview.» *Plant Syst Evol*, n. 259 (2006): 89-120.
- Anon. *Stem Group vs Crown Group.* 2012. <https://paleostories.blogspot.com/2012/10/stem-group-vs-crown-group-una-questione.html> (consultato il giorno 04 03, 2024).
- . *Un mondo ecosostenibile dentro i codici della Natura. Glossario ecologico: accessione.* 30 01 2020. <https://antropocene.it/2020/01/30/accessione/> (consultato il giorno 03 11, 2024).
- Anselmo, Valerio. *U Jang-chun, genio della botanica.* s.d. <http://www.corea.it/botanico.htm> (consultato il giorno 03 08, 2024).
- Arias, T., M. A. Beilstein, J. C. Pires, M. Tang, e M. R. McKain. «Diversification times among Brassica (Brassicaceae) crops suggest hybrid formation after 20 milion years of divergence .» *American journal of Botany* 10, n. 1 (2014): 86-91.
- Athenaeus. «I Deipnosofisti.» Vol. II. n. VI-XI. Traduzione di R. Cherubina. Roma: Salerno Editrice, 2001.
- . «The Deipnosophists.» Vol. 9. n. 9. Traduzione di Charles Burton Gulick. London: Harvard University Press, 1927.
- Bailey, L. H. «The cultivated Brassicas second paper.» *Gentes Herbarum* 2, n. 5 (1930): 209-2067.
- Cai, C., J. Bucher, F. T. Bakker , e G. Bonnema. «Evidence for two domestication lineages supporting a Middle-Eastern origin for Brassica oleracea crops from diversified kale populations.» *Horticultural Research* (Oxford University Press), n. 9 (2022): 1-15.
- Castañeda-Alvarez, N.P., et al. «Global conservation prioritirs for crop wild relatives.» *Nat Plants* 2, n. 4 (2016): 1-6.

- Couvreur, T. L. P., Andreas Franzke, I. A. Al-Shehbaz, F.T. Bakker, M. A. Koch, e K. Mummenhoff. «Molecular phylogenetics, temporal diversificazione, and principles of evolution in the Mustard Family (Brassicaceae).» *Molecular Biology and Evolution* 21, n. 1 (2010): 55-71.
- Coyne, J. A., e H. A. Orr. «Patterns of speciation.» *Drosophila Evolution*, n. 43 (1989): 362-381.
- Crespo, M. B., M. D. Lledó, M. F. Fay, e M. W. Chase. «Subtribe Vellinae (Brassicaceae, Brassicaceae): a combined analysis of ITS nrDNA sequences and morphological data.» *Annals of Botany*, 2000: 53-62.
- Crisp, P. «The use of an evolutionary scheme for cauliflower in the screening of genetic resources.» *Euphytica*, n. 31 (1982): 725-734.
- Evershed, R.P., C. Heron, S. Charters, e L.J. Goad. «The survival of food residues: new methods of analysis, interpretation and application.» *Proceedings of the British Academy* (Oxford University Press) 77, n. 2 (1992): 187-208.
- Foltz, D. W. «Hybridization frequency is negatively correlated with divergence time of mitochondrial DNA haplotypes in a sea star (*Leptasterias* spp.) species complex.» *Evolution*, n. 51 (1997): 283-288.
- Gering, E., D. Inorvaia, R. Hertiksen, J. Conner, T. Getty, e D. Wright. «Getting back to nature: feralization in animals and plants.» *Trends Ecol Evol* 34, n. 12 (2019): 1137-1151.
- Gómez-Campo, C. «Morphology and morpho-taxonomy of the tribe Brassicaceae.» In *Brassica crops and the wild allies: biology and breeding*, di S. Tsunoda, K. Hinata e C. Gómez-Campo, 3-31. Tokyo: Japan Scientific Society Press, 1980.
- Gomez-Campo, C. «Taxonomy.» In *Biology of Brassica Coenospecies*, di C. Gomez-Campo, 3-32. Amsterdam: Elsevier, 1999.
- Ha, M., E. D. Kim, e Z. J. Chen. «Duplicate genes increase expression diversity in closely related species and allopolyploids.» *Proc Natl Acad Sci USA*, n. 106 (2009): 2295-2300.
- Hedge, I. C. «A systematic and geographical survey of the Old World Cruciferae.» In *The biology and chemistry of the Cruciferae*, di J. G. Vaughan, A. J. Macleod e B. M. G. Jones, 1-45. London: Academic Press, 1976.
- Hodgkin, T. «Cabbages, kales, etc.» In *Evolution of crop plants*, di J. Smartt e N.W. Simmonds, 76-82. London: Longman, 1995.

- Kaniewski, David, et al. «The sea people, from cuneiform tablets to carbon dating.» *PLoS ONE* 6, n. 6 (June 2011).
- Kioukis, A., et al. «Intraspecific diversification of the crop wild relative *Brassica cretica* Lam. using demographic model selection.» *BMC Genetics* 21, n. 1 (2020): 48.
- Lai, Riccardo. *Nuove prove dell'alluvione Zancleana nel Bacino del Mediterraneo*. 2018.
<https://geoscienze.blogspot.com/2018/04/nuove-prove-dellalluvione-zancleana-nel.html>
(consultato il giorno 08 03, 2024).
- Lowman, A. C., e M. D. Purrugganan. «Duplication of the B.O. APETALA1 floral homeotic gene and the evolution of domesticated cauliflower.» *The American Genetic Association*, n. 90 (1999): 514-520.
- Mabry, M.E., et al. «The evolutionary history of wild, domesticated, and feral *Brassica oleracea* (Brassicaceae).» *Mol Biol Evol* 38, n. 10 (2021): 4419-4434.
- Maggioni, L. «Domestication of *Brassica oleracea* L.» *PhD thesis: Acta Universitatis Agriculturae Sueciae*, 2015.
- Maggioni, L., R. von Bothmer, G. Poulsen , e E. Lipman. «Domestication diversity and use of *Brassica oleracea* L., based on ancient Greek and Latin texts .» *Genet Resour Crop Evol* 65, n. 1 (2018): 137-159.
- Mei, J., et al. «Genomic relationships between wild and cultivated *Brassica oleracea* L. with emphasis on the origination of cultivated crops.» *Genet Resour Crop Evol*, n. 57 (2010): 687-692.
- Mitchell , N.D. «The Status of *Brassica oleracea* L. subsp. *oleracea* (wild cabbage) in the British Isles.» *Watsonia* 11 (1976): 97-103.
- Mizushima, V. «Genome analysis in *Brassica* and allied genera.» In *Brassica crops and wild allies*, di S. Tsunoda, K. Hinata e C. Gomez-Campo, 89-105. Tokyo: Jpn Sci Soc Press, 1980.
- Morley, R. J. «Interplate disperlas paths for megathermal angiosperms.» *Perspect Plant Ecol Evol Syst*, n. 6 (2003): 5-20.
- . *Origin and evolution of tropical rain forest*. New York: John Wiley & Sons, 2000.
- Prakash, S., e K. Hinats. «Taxonomy, cytogenetics and origin of crop *Brassica*, a review.» *Opera Bot*, n. 55 (1980): 1-57.

- Purugganan, M. D., A. L. Boyles, e J. I. Suddith. «Variation and selection at the Cauliflower floral homeotic gene accompanying the evolution of domesticated *Brassica oleracea*.» *Genetics Society of America*, n. 155 (June) (2000): 855-862.
- Rosa, Daniele. *Treccani Enciclopedia italiana*. 1932.
[https://www.treccani.it/enciclopedia/filogenesi_\(Enciclopedia-Italiana\)/](https://www.treccani.it/enciclopedia/filogenesi_(Enciclopedia-Italiana)/) (consultato il giorno 03 18, 2024).
- Saban, J.M., A.J. Romero, T.H.G. Ezard, e M.A. Shapman. «Extensive crop-wild hybridization during *Brassica* evolution and selection during the domestication and diversification of *Brassica* crops.» *Genetics* 223, n. 4 (2023): 1-15.
- Sadava, David, H. Craig Heller, Gordon H. Orians, William K. Purves, e David M. Hillis. *Biologia. La scienza della vita*. 2010b. <http://ebook.scuola.zanichelli.it/sadavabiologia/la-speciazione-richiede-l-isolamento-riproduttivo#:~:text=L%27%20isolamento%20riproduttivo%20%2C%20cioè%20la,barriere%20riproduttive%20prezigotiche%20e%20quelle> (consultato il giorno 03 08, 2024).
- . «Biologia. La scienza della vita.» [www.zanichelli.it](http://ebook.scuola.zanichelli.it/sadavabiologia/section-10/la-speciazione-allopatrica-richiede-un-isolamento-genetico-completo#). 2010a. <http://ebook.scuola.zanichelli.it/sadavabiologia/section-10/la-speciazione-allopatrica-richiede-un-isolamento-genetico-completo#> (consultato il giorno 03 08, 2024).
- Schmidl, Alexandra, e Klaus Oeggl. «Subsistence strategies of two Bronze Age hill-top settlements in the eastern Alps-Friaga/Bartholomaberg (Vorarlberg, Austria) and Ganglegg/Schluderns (South Tyrol, Italy).» *Veget Hist Archaeobot*, n. 14 (2005): 303-312.
- Smith, L.B., e G.J. King. «The distribution of BoCAL-a alleles in *Brassica oleracea* is consistent with a genetic model for curd development and domestication of the cauliflower.» *Molecular Breeding*, n. 6 (2000): 603-613.
- Smyth, D.R. «Origin of the cauliflower.» *Current Biology* 5, n. 4 (1995): 361-363.
- Snogerup, S. «The wild forms of the *Brassica oleracea* group (2n=18) and their possible relations to the cultivated ones.» In *Brassica crop and wild allied*, di S. Tsunoda, K. Hinata e C. Gomez-Campo, 121-132. Tokyo: Jpn Sci Soc Press, 1980.
- Song, K.M., T.C. Osborn, e P.H. Williams. «*Brassica* taxonomy based on nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). 2. Preliminary analysis of subspecies within *B. rapa* (syn. *campestris*) and *B. oleracea*.» *Theor Appl Genet*, n. 76 (1988b): 593-600.

- Song, K.M., T.C. Osborn, e P.H. Williams. «Brassica taxonomy based on nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). 3. Genome relationships in Brassica ad related genera and the origin of *B. oleracea* and *B. rapa* (syn. *campestris*).» *Theor Appl Genet* 79, n. 4 (1990): 497-506.
- Song, K.M., T.C. Osborn, e P.H. Williams. «Brassica taxonomy based on nuclear restriction grafment length polymorphisms (RFLPs). 1. Genome evolution of diploid and amphidiploid species.» *Theor Appl Genet*, n. 75 (1988a): 784-794.
- Stansel, Z., et al. «Genotyping-by-sequencing of Brassica oleracea vegetablesreals unique phylogenetic patterns, population structure and domestication footprints.» *Horticultural Research*, n. 38 (2018): 1-10.
- Thompson, J.D. *Plant evolution in the Mediterranean*. 2 . Oxford: Oxford University Press, 2005.
- Thompson, K.F. «Cabbages, kales ect. Brassica oleracea (Cruciferae).» In *Evolution of crop plants*, di N.W. Simmonds, 49-52. London: Longman, 1976.
- Treccani. *Treccani enciclopedia*. s.d. <https://www.treccani.it/enciclopedia/diploidia/> (consultato il giorno 03 08, 2024).
- Wu, J., et al. «Investigation of Brassica and its relative genomes in the post-genomics era.» *Horticultural Research*, n. 9 (2022): 1-13.
- Zachos, J., M. Pagani, L. Sloan , Thomas E., e K. Billups . «Trends, rhythms, and aberrations in global climate 65 Ma to present.» *Science* , n. 292 (2001): 686-693.