



UNIVERSITÀ POLITECNICA DELLE MARCHE

DIPARTIMENTO SCIENZE DELLA VITA E DELL'AMBIENTE

Adattamenti evolutivi nel genoma del Grande Squalo Bianco

Evolutionary adaptations in Great White Shark's genome

Candidata:

Lisa Valentini

Relatore:

Prof. Marco Barucca

Biologia del Grande Squalo Bianco

- *Carcharodon carcharias*, dal greco «càrkharos» (seghettato) e «odòn» (dente)
- Durata di vita stimata a circa 70 anni
- Dimorfismo sessuale, con femmine che arrivano ad una dimensione fino a 5-6 m e ad un peso che varia dai 700 kg ad oltre i 3.000 kg
- Specie ovovivipara, con un comportamento di oofagia. Maturità sessuale tardiva con periodo di gestazione nelle femmine stimato a 1 anno con un numero di piccoli non elevato



Ecologia del Grande Squalo Bianco

- Considerato apex predator, se non predato occasionalmente dalle orche
- Alimentazione molto varia
- Predatore cosmopolita e grande migratore che vive in acqua temperate-fredde
- Presente con popolazioni in poche aree del mondo
- È attualmente considerato specie vulnerabile



Sequenziamento del genoma

Genoma 2N con 84 cromosomi e una taglia pari a 4.63 Gpb.

Alto contenuto di sequenze ripetute pari a 58.55%, di cui il 29,84% di soli elementi LINEs.

Contenuto di sequenze GC pari a 43.95%.

Successivamente, attraverso analisi comparative con genomi di altri Elasmobranchi, si sono concentrati sull'andare ad analizzare i geni alla base di:

- stabilità genomica
- guarigione delle ferite
- olfatto sviluppato



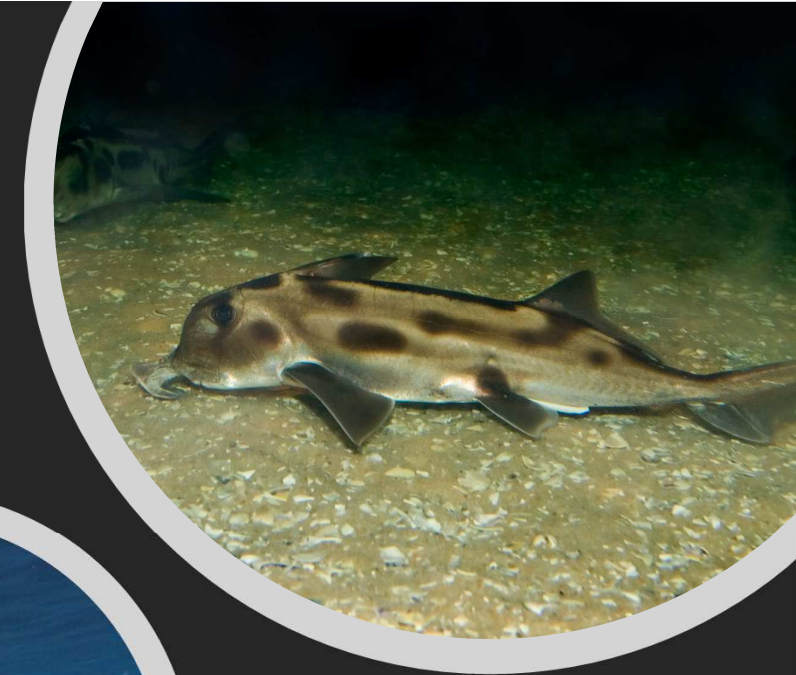
Mantenimento della stabilità genomica

Nello squalo bianco, 67 geni hanno subito una selezione positiva, di questi:

- 1/3 sono geni che hanno un ruolo diretto nella stabilità genomica
- 5 geni si occupano di ubiquitinazione

Sono presenti anche arricchimenti del contenuto genico per quanto riguarda:

- Organizzazione della cromatina
- Modificazione della cromatina: acetilazione in particolari siti degli istoni H3 e H4, con una funzione di riparazione del DNA

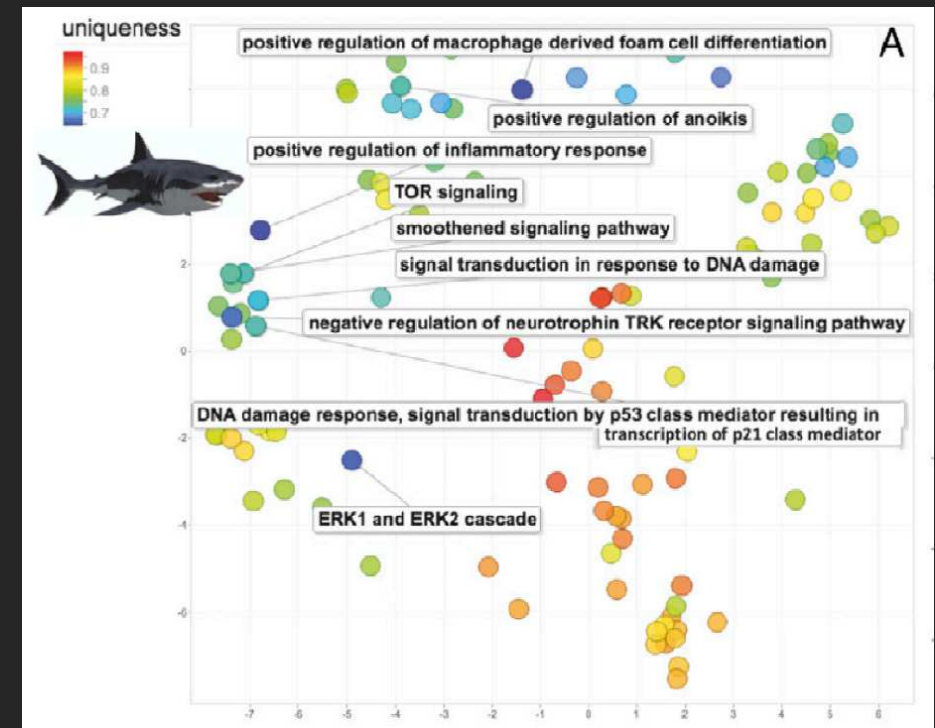


Mantenimento della stabilità genomica

Andando ad analizzare i 67 geni posti sotto selezione positiva con il sistema REVIGO, notiamo che i geni riferiti alla stabilità genomica hanno la migliore somiglianza (colore azzurro e turchese).

Tra questi ritroviamo anche:

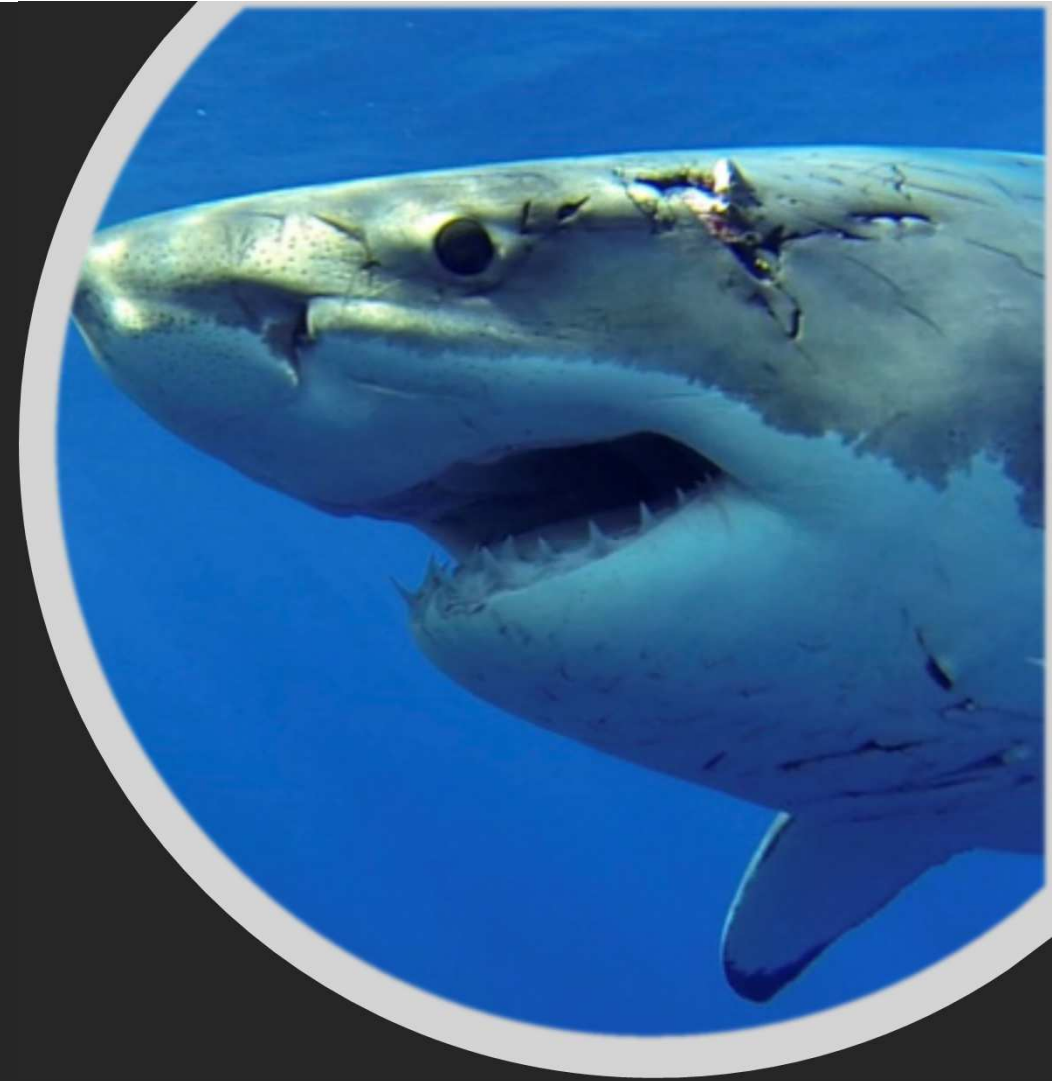
- Cascata dei segnali indotta da ERK1/ERK2
- Segnalazione cellulare per il target della rapamicina (TOR signaling)
- Cascata di segnali indotta da Sonic hedgehog



Guarigione delle ferite

In termini di selezione positiva,
sono stati riscontrati loci per i geni:

- FG3 → catena γ del fibrinogeno
- KRT18 → citocheratina di tipo 1



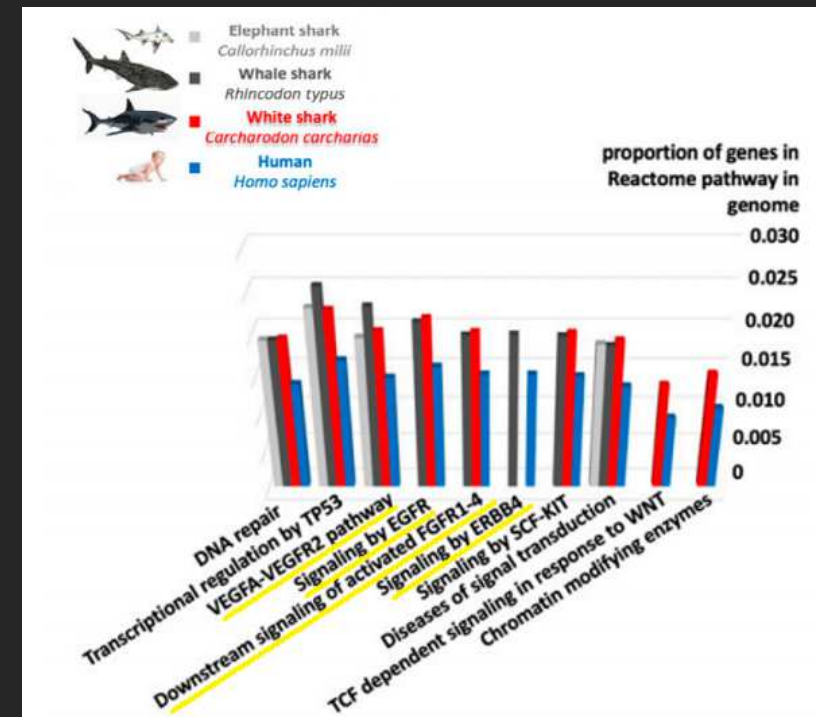
Guarigione dalle ferite

Andando a comparare con il genoma umano, sono stati evidenziati anche degli arricchimenti del contenuto genico per segnalazioni a cascata fondamentali per la guarigione delle ferite, in particolare:

- EGFR → recettore per il fattore di crescita epidermico
- FGFR → recettore per il fattore di crescita dei fibroblasti
- VEGFA-VEGFR2 → cascata di segnali per l'angiogenesi

Ad esclusione del gene:

- ERBB4 → recettore tirosin-chinasico che fa parte della famiglia degli EGFR (esclusivo dello Squalo Balena)



Olfatto

- Sono stati riscontrati solo 2 geni che codificano per i recettori olfattivi (OR)
- È stato trovato un unico gene per un TAAR nello Squalo Bianco
- Sono stati riscontrati 14 geni che codificano per i recettori vomeronasali
- Selezione positiva del gene della Sindrome di Bardet-Biedl, che, se mutato, porta ad una di una proteina del complesso proteico deputato alla genesi delle ciglia
- Selezione positiva del gene I5T52, implicato nella formazione e mantenimento delle ciglia.



Conclusioni

A seguito di queste analisi comparative, si può affermare che l'aumento in dimensioni del genoma dello Squalo Bianco, ha reso necessario un aumento della stabilità genomica che si è tradotto in una selezione positiva di geni implicati nella riparazione del DNA e nella regolazione della crescita e soppressione dei tumori.

Inoltre queste indagini genetiche hanno permesso di supportare le evidenze sulla guarigione delle ferite, processo di cui prima si avevano solo prove sperimentali.

In aggiunta, le informazioni sulla guarigione delle ferite potrebbero essere sfruttate nel progetto di foto-identificazione delle pinne dorsali dello Squalo Bianco.



Bibliografia

- Nicholas J. Marra, Michael J. Stanhope, Nathaniel K. Jue, Minghui Wang , Qi Sun , Paulina Pavinski Bitar, Vincent P. Richards, Aleksey Komissarov, Mike Rayko, Sergey Kliver, Bryce J. Stanhope, Chuck Winkler, Stephen J. O'Brien, Agostinho Antunes, Salvador Jorgensen, and Mahmood S. Shivji – White shark genome reveals ancient elasmobranch adaptations associated with wound healing and the maintenance of genome stability, 2019, PNAS, vol.116, no. 10
- Primo Micarelli, Il Messaggio del Grande Squalo Bianco, 2015, ISBN 9781515320715
- www.kpbs.org

Riassunto

Il grande squalo bianco è un pesce cartilagineo che possiede una serie di caratteristiche fisiche e fisiologiche che lo rendono un interessante oggetto di studio.

Solo nel 2019 è stato sequenziato interamente il suo genoma e successivamente sono stati fatti degli studi comparativi con altri genomi di Elasmobranchi precedentemente sequenziati.

Questi studi hanno evidenziato un maggior numero di geni, rispetto agli altri Elasmobranchi, che hanno subito una selezione positiva; sono geni implicati principalmente nella stabilità genomica che codificano per proteine che intervengono nella riparazione ai danni del DNA.

Sono stati inoltre trovati degli arricchimenti del contenuto genico riferiti all'organizzazione e alla modificazione della cromatina.

Altri geni che hanno subito la selezione positiva sono quelli riferiti ai processi di guarigione delle ferite; geni che sono implicati nella sintesi di tessuti e nell'angiogenesi.

Gli squali, pur avendo un olfatto fortemente sviluppato, al contrario di ciò che si potrebbe pensare, non possiedono molti geni per i recettori olfattivi, ma quello che potrebbe avere una importanza rilevante sono i geni per i recettori vomeronasali uniti alla selezione positiva del gene per la sindrome di Bardet-Biedl e del gene I5T52.