



UNIVERSITÀ  
POLITECNICA  
DELLE MARCHE

SCIENZE  
DISVA - DIPARTIMENTO DI  
SCIENZE DELLA VITA E DELL'AMBIENTE



*Corso di Laurea Triennale in Scienze Biologiche*

## **IMPLICAZIONI EVOLUTIVE E STRUTTURALI DEL GENOMA MITOCONDRIALE DEI SERPENTI**

### **EVOLUTIONARY MECHANISMS RESPONSIBLE FOR MITOGENOME REARRANGEMENTS IN SNAKES**

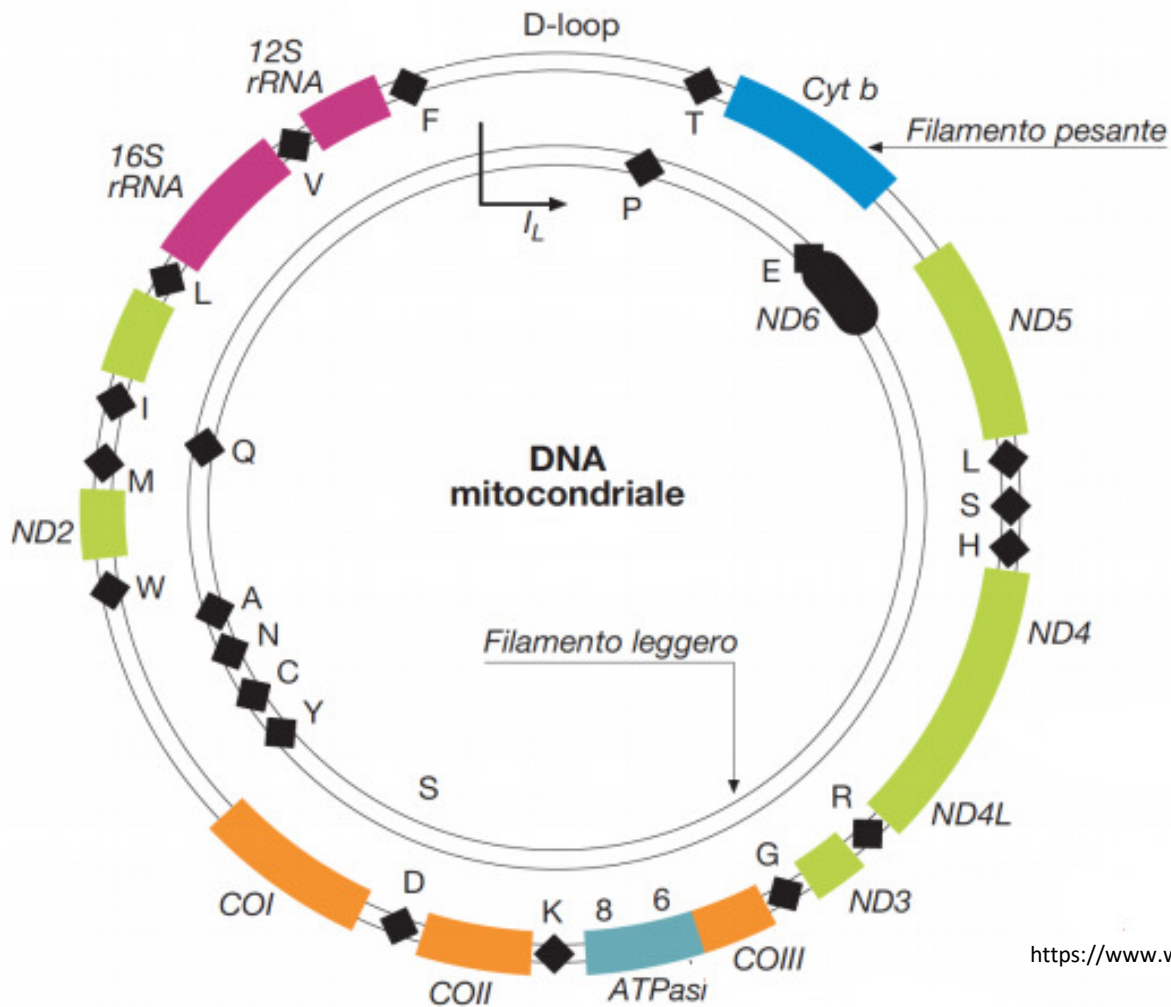
Tesi di Laurea di:  
Ignazi Martina

Docente Referente:  
Prof. Marco Barucca

Sessione Estiva  
Anno Accademico 2018/2019



# GENOMA MITOCONDRIALE



➤ Il mtDNA è lungo 16- 18 Kb

➤ Presenta 37 geni :

- 2 rRNA (12S - 16S)

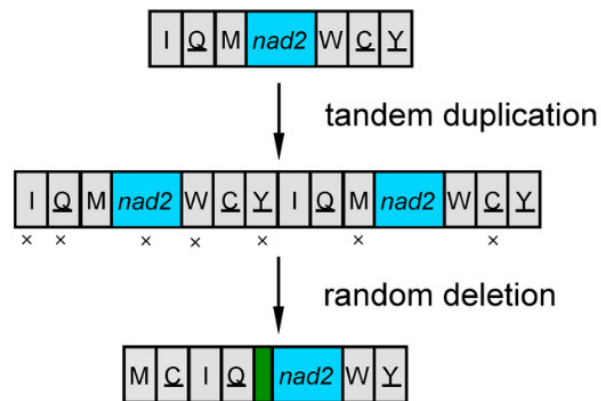
- 22 tRNA

- 13 geni codificanti proteine

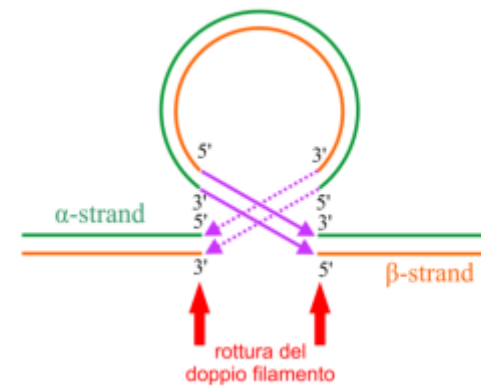


# MUTAZIONI NEI mtDNA

## TANDEM DUPLICATION-RANDOM LOSS



## MODELLO DI RICOMBINAZIONE

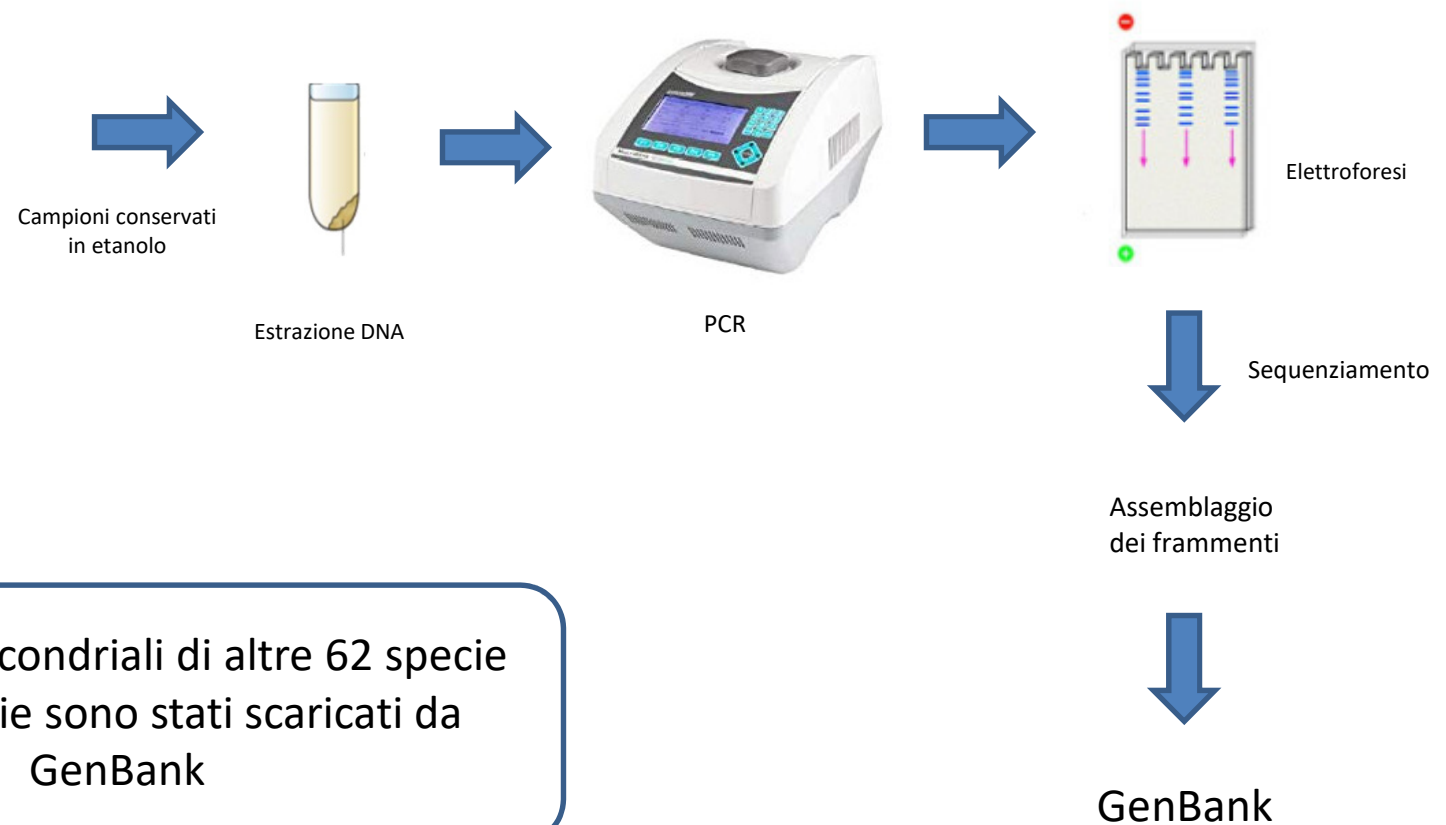




## METODI E CAMPIONI



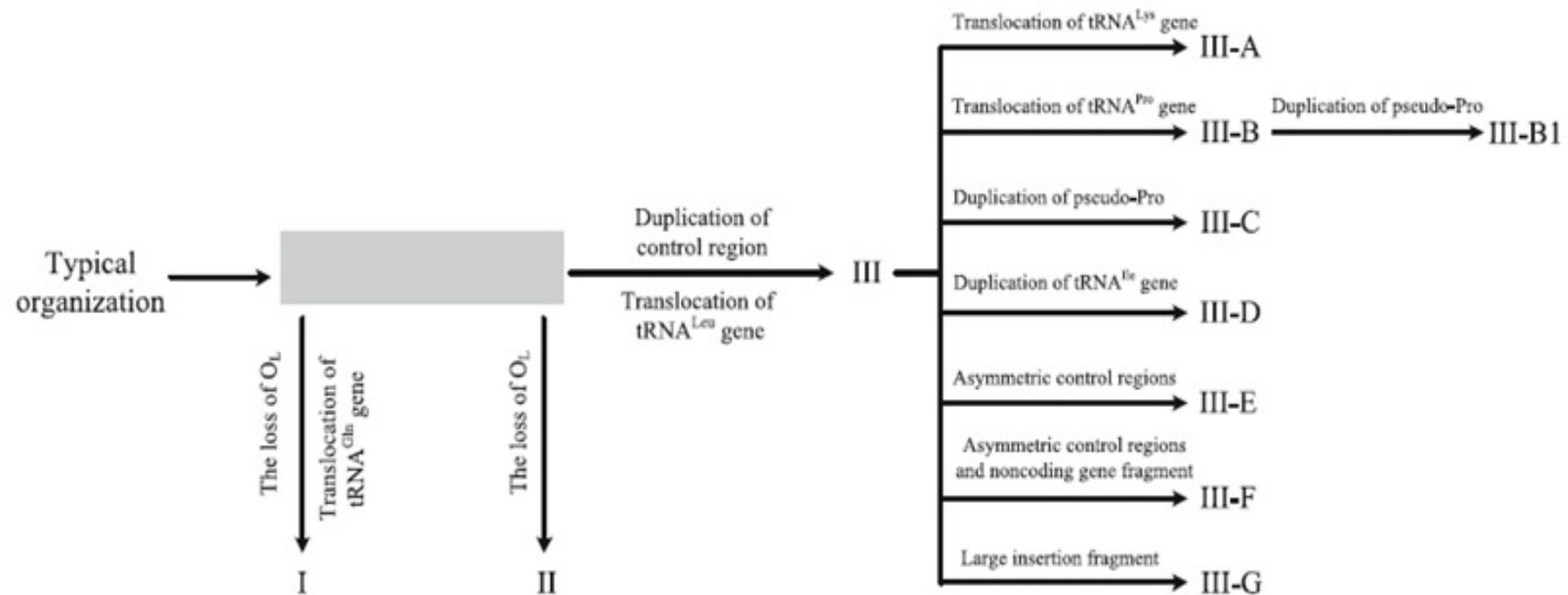
Campioni di tessuto  
di 3 specie di serpenti



I genomi mitocondriali di altre 62 specie di 14 famiglie sono stati scaricati da GenBank

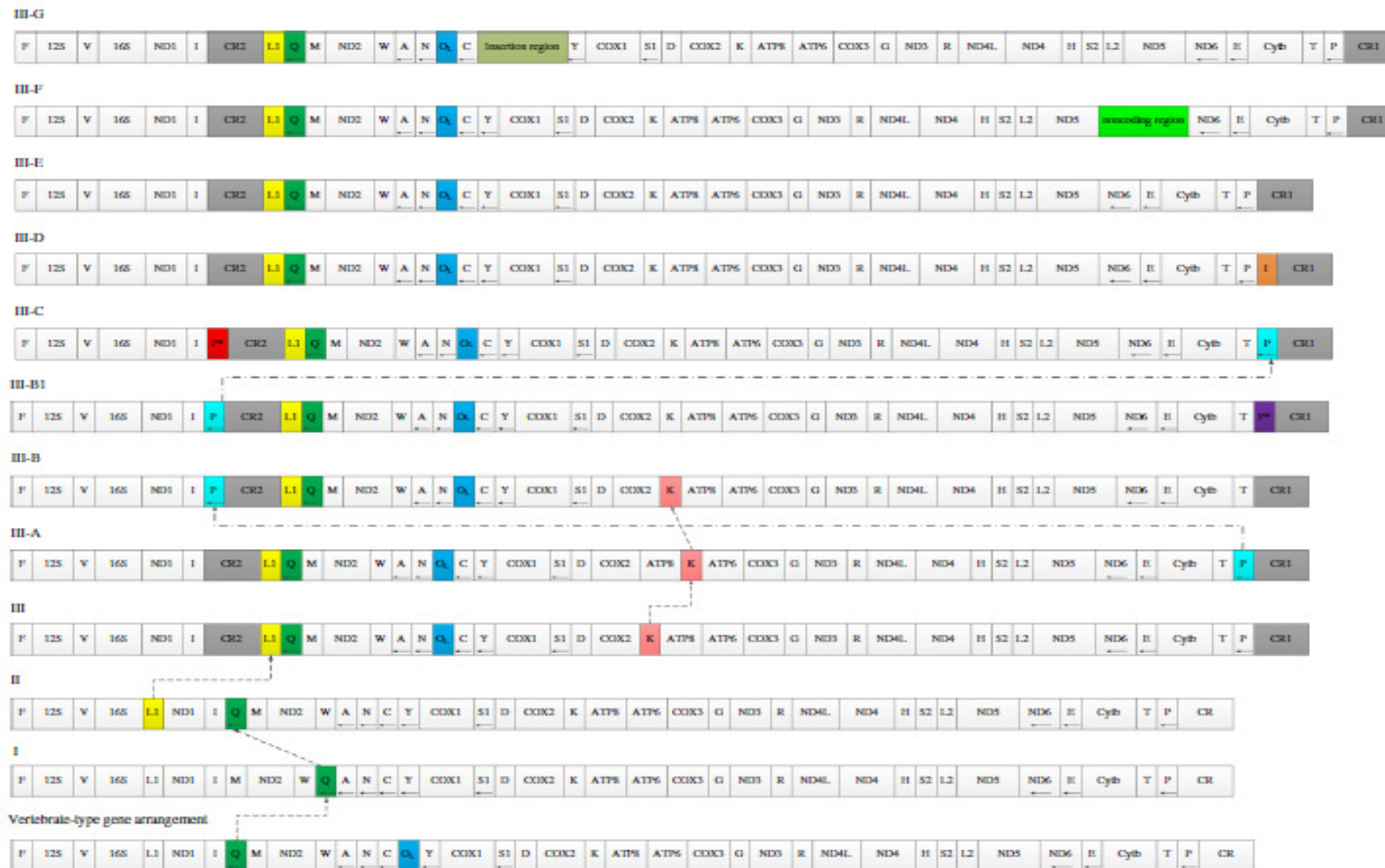


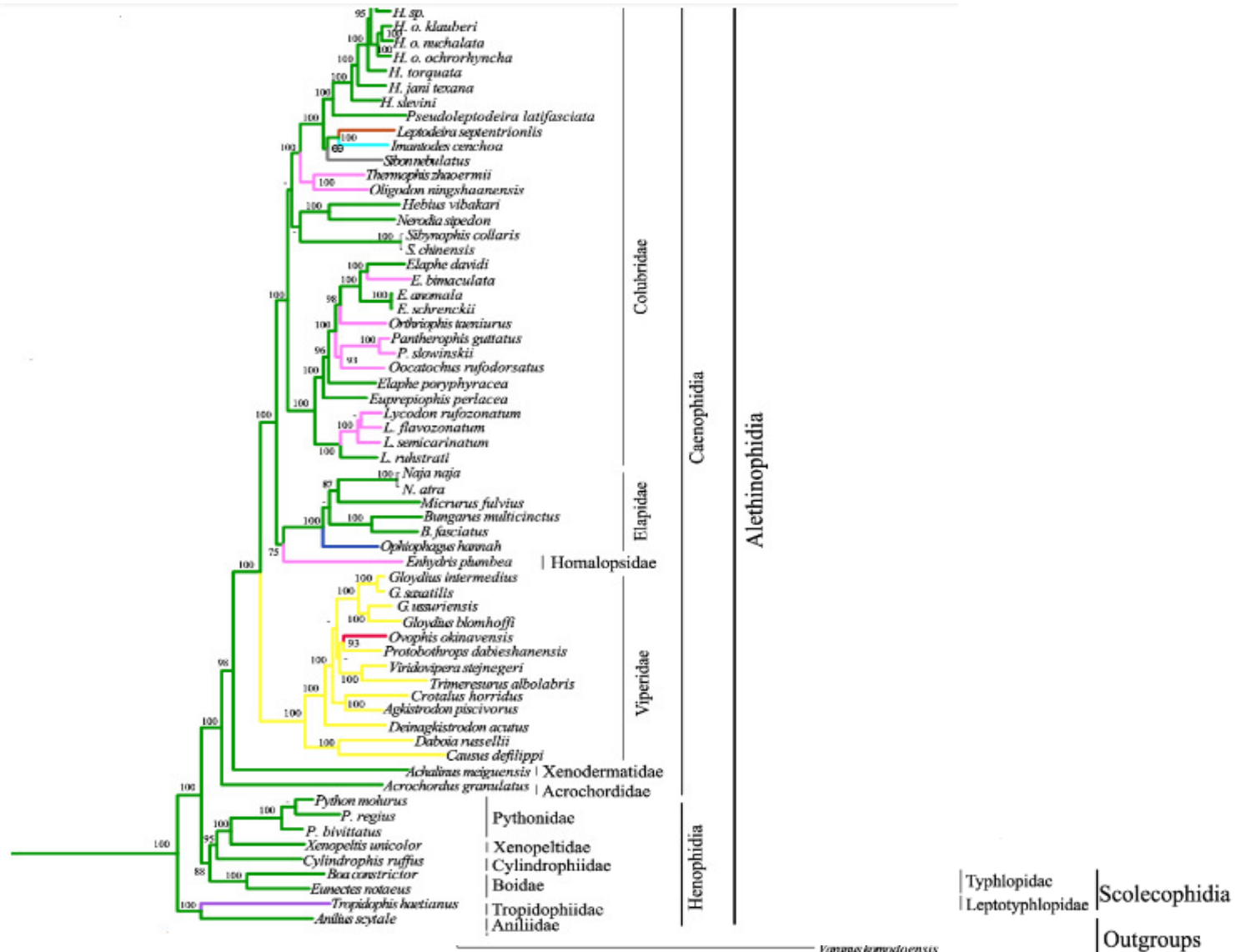
# ORGANIZZAZIONE DEI mtDNA





# DISPOSIZIONE DEI mtDNA







# CONCLUSIONI



Cluster WANCY

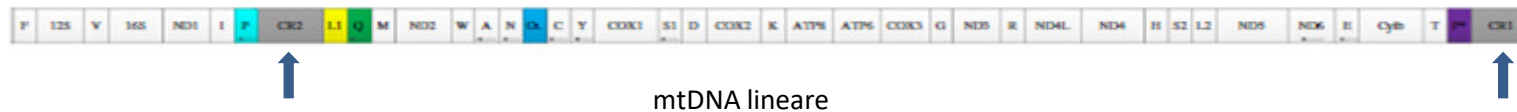
Yun Xia et al. BMC Genomics (2016)  
<https://doi.org/10.1186/s12864-3309-7>

- ✓ Nel serpente cieco (*L. Dulcis*) il gene che codifica per tRNA<sup>Gln</sup> è stato traslocato dal cluster IQM al WANCY dando origine ad un unico cluster genico: WQANCY.
- ✓ In *S.Nebulatus* la presenza di una sequenza di inserzione (5702 bp) con ripetizioni in tandem è stata osservata tra tRNA<sup>Cys</sup> e tRNA<sup>Tyr</sup>.
- ✓ In *Scolecophidia* l'O<sub>L</sub> è stato perso, mentre persiste in tutte le specie di *Alethinophidia* (plesiomorfia).





# CONCLUSIONI



Qian et al. BMC Genomics (2018) 19:354  
<https://doi.org/10.1186/s12864-018-4717-7>

Nei vari riarrangiamenti genici è stata osservata:

**La duplicazione delle regioni di controllo e delle sequenze adiacenti .**

**Asimmetria delle regioni di controllo**

**Presenza di pseudogeni ( P\* )**

Duplicazione del gene funzionale

↓  
Delezione

Parziale duplicazione del gene

↓  
Inserzione



Il DNA mitocondriale, da tempo, viene utilizzato nell'analisi filogenetica. Nel presente studio sono stati presi in esame i genomi mitocondriali di 65 specie di serpenti per investigare le implicazioni evolutive e i possibili meccanismi di riorganizzazione del mtDNA. Dall'analisi sono stati rilevati undici modelli di disposizione dei geni mitocondriali (tipo I, II, III, III-A, III-B, III-B1, III-C, III-D, III-E, III-F, III-G). I riarrangiamenti del mtDNA del serpente implicano tre processi: perdita di geni, traslocazione e duplicazione.

In particolare, in questo studio si è visto che:

la regione  $O_L$  è stata persa nelle specie di Typhlopidae e Leptotyphlopidae, ma persiste come plesiomorfia in Alethinophidia.

La presenza di duplicati  $P^*$  è emersa in sette diversi lignaggi.

Aletinofidi presenta due caratteristiche degne di nota: duplicazione delle regioni di controllo e traslocazione del gene  $tRNA^{Leu}$