

Descrizione del Progetto e del piano formativo della Borsa di Studio

SharkHeritage. Diversità specifica di squali pelagici e demersali dei musei naturalistici italiani: campionamento e sequenziamento del DNA antico.

Obiettivo

L'obiettivo del progetto di borsa di studio di SharkHeritage è misurare i cambiamenti della diversità organismica mediante analisi del DNA antico mitocondriale di alcuni grandi squali predatori del Mediterraneo negli ultimi 200-300 anni utilizzando il patrimonio culturale naturalistico posseduto dai musei italiani. Le specie target di SharkHeritage sono specie iconiche di squali il cui stato di vulnerabilità nel Mediterraneo e nei mari Italiani risulta elevato e quindi con un forte stato e sentimento di preoccupazione per la loro conservazione: gli squali volpe *Alopias vulpinus* e *A. superciliosus*, il mako *Isurus oxyrinchus* e gli squali angelo (*Squatina squatina*), grandi squali predatori degli ecosistemi marini epipelagici e di fondo.

Disegno sperimentale

I musei naturalistici universitari dell'amministrazione pubblica e privati, la costante e incessante attività scientifica di raccolta, identificazione e conservazione di reperti e dati svolta dai collezionatori e curatori, insieme alla disponibilità di collezioni scheletriche e tassidermizzate e quindi di tessuti biologici oggi idonei per analisi e tecnologie moderne per la ricostruzione delle caratteristiche genetiche delle specie e delle popolazioni marine, costituiscono un campionamento storico già svolto negli ultimi 200-300 anni. Il campionamento in situ di tessuto scheletrico cartilagineo (utilizzando tecniche già ottimizzate, Leone et al. 2019; Manuzzi et al. 2022) idoneo quali-quantitativamente per le successive analisi biomolecolari che sarà svolto da SharkHeritage consentirà di "resuscitare" individui/popolazioni/specie campionate e le loro caratteristiche genetiche ed ecologiche. Il Borsista potrà quindi formarsi sull'origine e conservazione delle collezioni museali nonché sulle tecnologie di prelievo tissutale invasivo ma non deteriorante i reperti museali.

Non essendo disponibili cataloghi online delle collezioni di reperti di queste specie target, verrà utilizzato un approccio empirico per la "cattura" degli individui: il Borsista di SharkHeritage si recherà, previa accordi con i direttori/curatori, presso i singoli musei per campionare i reperti presenti, li catalogherà attraverso ricerche documentali e archivistiche acquisendo capacità di lavoro in gruppo e organizzativo-logistiche per svolgere il campionamento nei vari musei seguendo le indicazioni dei curatori/direttori.

L'analisi genetica basata su reperti considera dunque l'utilizzo di DNA antico mitocondriale e quindi la possibilità che sia degradato o frammentato. Si procederà all'identificazione specifica delle specie attraverso l'amplificazione genica, sequenziamento Sanger con primer gruppo-specifici e interrogazione dei repository pubblici di sequenze al fine di attribuire al reperto museale la corretta o mancante identificazione tassonomica. Le analisi saranno svolte sia presso il Laboratorio GenoDREAM del BiGeA sia presso il Laboratorio del DNA antico del DBC, entrambi operativi presso le strutture del campus di Ravenna dell'UNIBO.

Bibliografia

- Leone, A., Puncher, G. N., Ferretti, F., Sperone, E., Tripepi, S., Micarelli, P., ... & Tinti, F. (2020). Pliocene colonization of the Mediterranean by Great White Shark inferred from fossil records, historical jaws, phylogeographic and divergence time analyses. *Journal of Biogeography*, 47(5), 1119-1129.
- Manuzzi, Alice et al. 2022. "Retrospective Genomics Highlights Changes in Genetic Composition of Tiger Sharks (*Galeocerdo Cuvier*) and Potential Loss of a South-Eastern Australia Population." *Scientific Reports* 12(1): 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-10529-w>.