

Padova, 23 marzo 2023

IL GENOMA “IMMENSO” DEL KRILL

Sequenziato il genoma del krill antartico: è 15 volte quello umano ed è il più grande di tutto il mondo animale mai sequenziato fino ad ora. Su «Cell» lo studio internazionale firmato anche da un team di ricercatori dell’Università di Padova che aiuta a comprendere meglio gli effetti del riscaldamento globale

Il krill antartico (*Euphausia superba*) è l’organismo animale più abbondante sul pianeta, con una



biomassa totale compresa tra i 300 e i 500 milioni di tonnellate. Questo piccolo gamberetto riveste un ruolo vitale per l’ecosistema antartico poiché rappresenta il principale collegamento tra i produttori primari che compongono il fitoplancton e i livelli più alti della catena alimentare come uccelli marini, foche, pinguini e balene. Grazie alla sua enorme biomassa, il krill incide in modo significativo su fondamentali processi biogeochimici globali quali i cicli del carbonio e il riciclo del ferro: studiarne la

biologia e comprenderne le potenzialità di adattamento a un ambiente in continua evoluzione a causa degli effetti del riscaldamento globale risulta, quindi, fondamentale. Fino ad ora, l’impossibilità di ricostruire la sequenza del genoma di krill – ben 15 volte più grande di quello umano – ha rappresentato un ostacolo tecnico insormontabile per l’approfondimento degli aspetti fisiologici, molecolari e genetici del krill.

Nella ricerca dal titolo *The enormous repetitive Antarctic krill genome reveals environmental adaptations and population insights*, pubblicata su «Cell» e firmata da Changwei Shao del Yellow Sea Fisheries Research Institute di Qingdao in collaborazione con un team di ricercatori del Dipartimento di Biologia dell’Università di Padova – composto da Cristiano De Pittà, Gabriele Sales e Alberto Biscontin (ora all’Università di Udine) –, grazie alle più innovative tecnologie di sequenziamento e ai più aggiornati metodi di analisi **è stato possibile ricostruire per la prima volta l’intero genoma di krill che risulta essere il più grande di tutto il mondo animale mai sequenziato fino ad ora.**



Cristiano De Pittà

Le sue enormi dimensioni sembrano essere il risultato della duplicazione e spostamento di numerosi segmenti di DNA – gli elementi trasponibili – in posizioni diverse del genoma, e non di

duplicazioni dell'intero genoma, come osservato in altre specie. In particolare, sono stati identificati due eventi recenti di accumulo degli elementi trasponibili, collegati entrambi a cambiamenti climatici, che potrebbero essere responsabili delle attuali grandi dimensioni del genoma.

«Il krill si estende dal circolo polare antartico fino alle coste meridionali dell'America latina e dell'Australia: questi ambienti sono caratterizzati da condizioni ambientali molto diverse, soprattutto in termini di temperatura, fotoperiodo e disponibilità di cibo. Questa elevata distribuzione geografica è dovuta alle grandi capacità adattative che il krill ha sviluppato per vivere in un ecosistema, quello antartico, soggetto a variazioni estreme nel corso dell'anno; si pensi ad esempio al ciclo stagionale della banchisa o alla notte polare» spiega **Cristiano De Pittà**, co-autore dello studio dell'Università di Padova.



Alberto Biscontin

«In tal senso, un ruolo fondamentale è svolto dall'orologio circadiano che controlla a livello molecolare l'espressione ritmica giornaliera e stagionale di numerosi geni – continua, co-autore dello studio e ricercatore dell'Università di Padova al momento della ricerca –. Il sequenziamento del genoma ha permesso di identificare 625 geni la cui espressione risulta essere sotto il controllo diretto dell'orologio endogeno e potrebbero, quindi, rappresentare il fulcro del processo di adattamento fisiologico e comportamentale di questo organismo alle estreme variazioni stagionali a cui è sottoposto».

La presenza della corrente circumpolare antartica (ACC), inoltre, è responsabile di altissimi livelli di connettività tra le diverse aree geografiche. Per anni la popolazione di krill antartico è stata ritenuta geneticamente omogenea: il sequenziamento del genoma ha portato all'identificazione di milioni di nuovi marcatori genetici (*Single Nucleotide*

Polymorphisms) che hanno permesso, per la prima volta, di eseguire una completa analisi della struttura della popolazione di krill antartico mettendo in luce le tracce genetiche di quattro diverse popolazioni ancestrali ancora presenti in krill provenienti da altrettante regioni geografiche.

«Il genoma di *Euphausia superba*, oltre ad essere una sfida tecnologica vinta, riapre il dibattito sul significato biologico dei grandi genomi e rappresenta una preziosissima risorsa che fornirà nuovi e importanti elementi per una comprensione sempre maggiore della biologia e del ruolo ecologico di questa specie» conclude **Gabriele Sales**, anche lui co-autore dello studio dell'ateneo patavino.



Gabriele Sales

Link alla ricerca: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0092867423001071>

Titolo: *The enormous repetitive Antarctic krill genome reveals environmental adaptations and population insights* – «Cell» – 2023

Autori: Changwei Shao, Shuai Sun, Kaiqiang Liu, Jiahao Wang, Shuo Li, Qun Liu, Bruce E. Deagle, Inge Seim, Alberto Biscontin, Qian Wang, Xin Liu, So Kawaguchi, Yalin Liu, Simon Jarman, Yue Wang, Hong-Yan Wang, Guodong Huang, Jiang Hu, Bo Feng, Cristiano De Pittà, Shanshan Liu, Rui Wang, Kailong Ma, Yiping Ying, Gabriele Sales, Tao Sun, Xinliang Wang, Yaolei Zhang, Yunxia Zhao, Shanshan Pan, Xiancai Hao, Yang Wang, Jiakun Xu, Bowen Yue, Yanxu Sun, He Zhang, Mengyang Xu, Yuyan Liu, Xiaodong Jia, Jiancheng Zhu, Shufang Liu, Jue Ruan, Guojie Zhang, Huanming Yang, Xun Xu, Jun Wang, Xianyong Zhao, Bettina Meyer, Guangyi Fan