

Bridging the Phylogenetic Gap: The Small-Spotted Catshark as a Key Model Organism in Evolutionary Developmental Biology



Elio Escamilla-Vega

URN: urn:nbn:de:gbv:8:3-2026-00276-8

Escamilla-Vega, Elio. 2025. Bridging the Phylogenetic Gap: The Small-Spotted Catshark as a Key Model Organism in Evolutionary Developmental Biology. Dissertation, Christian Albrechts University of Kiel.

Cover illustration by Nerea Felices Garrido

Bridging the Phylogenetic Gap: The Small-Spotted Catshark as a Key Model Organism in Evolutionary Developmental Biology

Dissertation

in fulfillment of the requirements for the degree
Doctor rerum naturalium
of the Faculty of Mathematics and Natural Sciences
at the Christian Albrechts University of Kiel

within the graduate program
International Max Planck Research School for Evolutionary Biology

Submitted by
Elio Escamilla-Vega

Research Group Evolutionary Developmental Dynamics
Max Planck Institute for Evolutionary Biology
Germany, Plön
November 2025

Thesis Examination Committee

Advisor: Dr. Markéta Kaucká
Reviewer: Prof. Dr. Christine Böhmer
Chair: Prof. Dr. Olivia Roth
Examiners: Dr. Nathalie Feiner
PD Dr. habil. Alexander Klimovich

Date of oral examination: 26th of January 2026

Abstract

The evolution and diversification of vertebrates is largely associated with changes in their developmental programs. In order to reconstruct the evolution of developmental programs, species from different phylogenetic lineages are typically compared. Despite the expansion of available species in the recent years, current research remains biased towards bony vertebrates (Osteichthyes), which includes the classical model organisms: mouse, chicken, clawed frogs, and zebrafish. As a consequence, a key vertebrate lineage remains comparatively understudied: Chondrichthyes (cartilaginous fishes). In this thesis, I reintroduce the small-spotted catshark (*Scyliorhinus canicula*) as a powerful chondrichthyan model organism in evolutionary developmental biology (evo-devo) with the aim to bridge the gap between the emerging field of lamprey research and the vast information gathered from osteichthyan model organisms. In the first part of my work, I generate a comprehensive morphological dataset using synchrotron radiation micro-computed tomography (SR μ CT), a state-of-the-art non-destructive three-dimensional imaging technique that allows the visualization of internal and external structures at cellular resolution (Chapter 1). I reconstruct the development of numerous embryonic structures across several developmental stages and integrate it with gene expression mapping using 3D confocal laser microscopy, producing a high-resolution atlas of the developing small-spotted catshark (Chapter 2). Subsequently, I focus on cranial neural crest cells (CNCCs), an evolutionarily significant and highly versatile cell population that fuels craniofacial evolution. Combining the SR μ CT, gene expression mapping, and single-cell transcriptomics, I characterize the developmental dynamics of CNCCs as well as facial morphogenesis (Chapter 3). Collectively, I identify heterochronic and heterotopic changes in developmental programs, as well as providing novel insights into chondrichthyan development. In the second part, I study the evolution of the *MNI* gene, and uncover its role in retinoic acid-mediated hindbrain patterning (Chapter 4). Finally, I characterize the *cis*-regulatory landscape of the *MNI* gene and link it to non-syndromic human congenital disorders (Chapter 5). Overall, this work expands the evolutionary developmental framework by integrating morphological and molecular data from an underrepresented vertebrate lineage. It demonstrates the feasibility of applying cutting-edge methodologies to non-model organisms, and establishes a foundation for future comparative studies. The resources generated here will be made publicly available, offering valuable tools for the scientific community and aiding in the broader inclusion of Chondrichthyes into evo-devo research.

Zusammenfassung

Die Evolution und Diversifizierung von Wirbeltieren hängt weitgehend mit Veränderungen in ihren Entwicklungsprogrammen zusammen. Um die Evolution von Entwicklungsprogrammen zu rekonstruieren, werden in der Regel verschiedene phylogenetische Linien miteinander verglichen. Trotz der erhöhten Verfügbarkeit verschiedener Spezies in den letzten Jahren konzentriert sich die aktuelle Forschung weiterhin auf Knochenfische, zu denen die klassischen Modellorganismen Maus, Huhn, Krallenfrösche und Zebrafisch gehören. Infolgedessen bleibt eine wichtige Wirbeltierlinie vergleichsweise wenig erforscht: die Knorpelfische. In dieser Arbeit stelle ich den Kleinfleckigen Katzenhai (*Scyliorhinus canicula*) als geeigneten Modellorganismus aus der Gruppe der Knorpelfische in der evolutionären Entwicklungsbiologie (Evo-Devo) vor, mit dem Ziel, die Lücke zwischen dem aufstrebenden Forschungsgebiet der Neunaugenforschung und den umfangreichen Informationen aus Modellorganismen aus der Gruppe der Knochenfische zu schließen. Im ersten Teil meiner Arbeit erstelle ich einen umfassenden morphologischen Datensatz unter Verwendung der Synchrotronstrahlungs-Mikro-Computertomographie (SR μ CT), einer hochmodernen zerstörungsfreien dreidimensionalen Bildgebungstechnik, die die Visualisierung innerer und äußerer Strukturen mit zellulärer Auflösung ermöglicht (Kapitel 1). Ich rekonstruiere die Entwicklung zahlreicher embryonaler Strukturen über mehrere Entwicklungsstadien hinweg und integriere sie mithilfe von 3D-Konfokalmikroskopie in die Kartierung der Genexpression, um einen hochauflösenden Atlas der Entwicklung des Kleinfleckigen Katzenhais zu erstellen (Kapitel 2). Anschließend konzentriere ich mich auf kraniale Neuralleistenzellen (CNCCs), eine evolutionär bedeutende und äußerst vielseitige Zellpopulation, die die kraniofaziale Evolution vorantreibt. Durch die Kombination von SR μ CT, Genexpressionskartierung und Einzelzell-Transkriptomik charakterisiere ich die Entwicklungsdynamik von CNCCs sowie die Morphogenese des Gesichts (Kapitel 3). Zusammenfassend identifiziere ich heterochrone und heterotope Veränderungen in Entwicklungsprogrammen und liefere neue Erkenntnisse über die Entwicklung von Knorpelfischen. Im zweiten Teil untersuche ich die Evolution des *MNI*-Gens und dessen Rolle bei der Retinsäure-vermittelten Hinterhirn-Musterbildung aufzudecken (Kapitel 4). Abschließend charakterisiere ich die *cis*-regulatorische Landschaft des *MNI*-Gens und verknüpfe sie mit nicht-syndromalen angeborenen Fehlbildungen beim Menschen (Kapitel 5). Diese Arbeit erweitert den Rahmen der evolutionären Entwicklungsbiologie, indem sie morphologische und molekulare Daten aus einer unterrepräsentierten Wirbeltierlinie integriert. Sie zeigt, dass es möglich ist, modernste Methoden auf Nicht-Modellorganismen anzuwenden, und schafft eine Grundlage für zukünftige vergleichende Studien. Die hier generierten Ressourcen werden öffentlich zugänglich gemacht und bieten der wissenschaftlichen Gemeinschaft wertvolle Werkzeuge, die dazu beitragen, Knorpelfische stärker in die Evo-Devo-Forschung einzubeziehen.