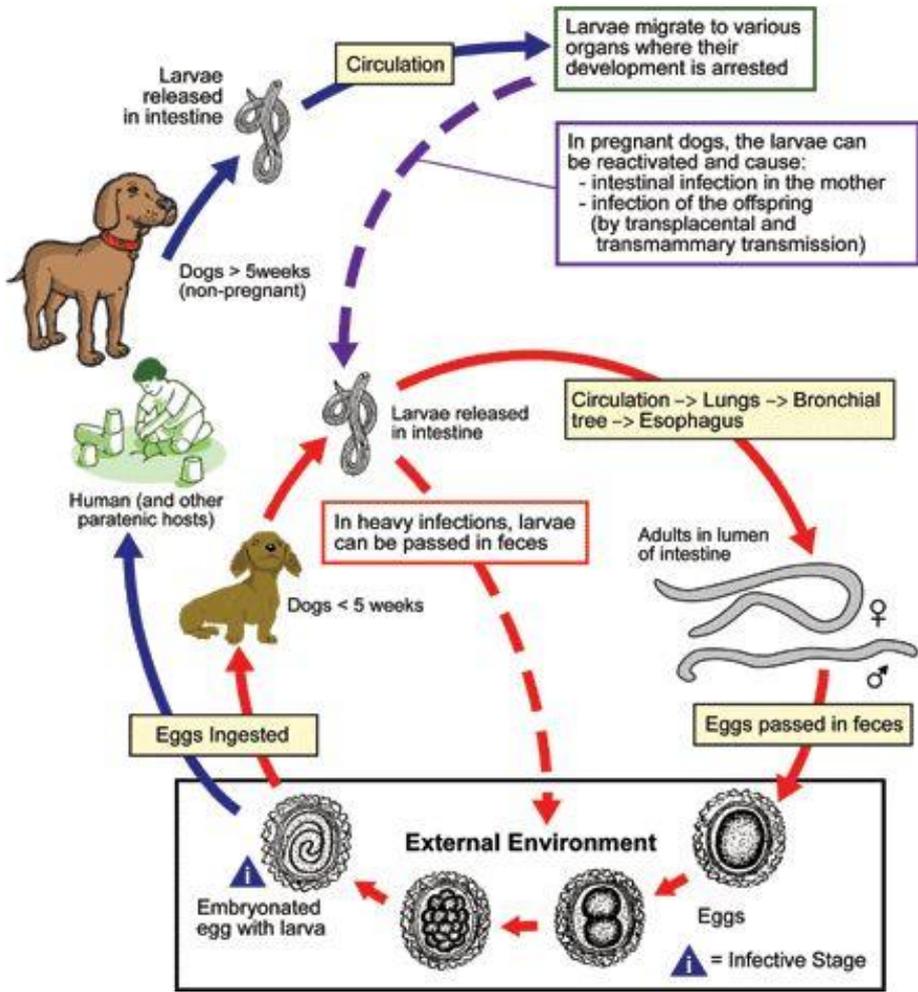




Паразиты паразитов

Юдина Мария

отдел генетики насекомых







Паразитизм

- Полный паразитизм – животное или растение проходит свое развитие на поверхности или внутри организма другого, неродственного вида (де Бари)
- чисто экологическое понятие (Браун)
- Вредоносность нельзя использовать как признак паразитизма (Филипченко)
- Паразит перекладывает частично или полностью взаимодействие с внешней средой на хозяина (Догель)

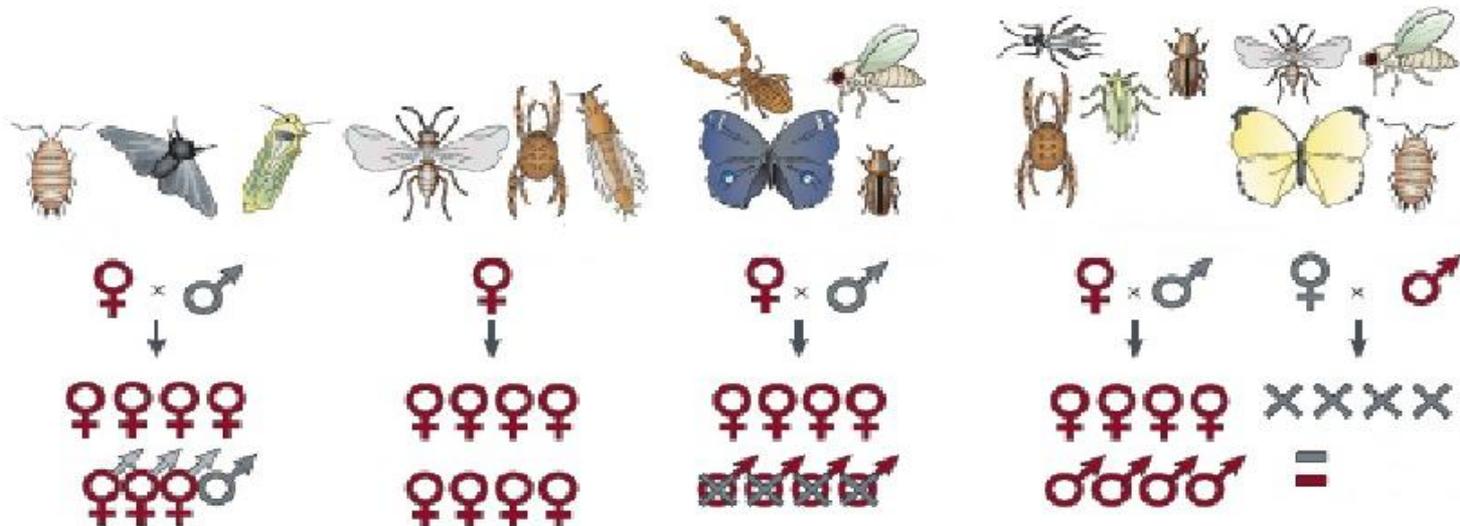
Роль симбионтов

1. Мутуалисты

- питание
- защита от патогенов

2. Репродуктивные паразиты

– аномалии репродукции хозяина



Практическое использование

- контроль численности экономически значимых животных, растений
- генетическая трансформации животных, растений, грибов, бактерий

Матерински наследуемые симбионты

- играют важную роль в приспособленности видов-хозяев
- «превращаются» в органеллы





Сокращение размера геномов симбионтов

- утрата многих генов, включая важные для симбиоза



Сокращение размера геномов симбионтов

- утрата многих генов, включая важные для симбиоза
- высокий уровень генетического дрейфа
 - эффект основателя при возникновении симбиоза
 - бутылочное горлышко при каждой репродукции хозяина



Сокращение размера геномов симбионтов

- утрата многих генов, включая важные для симбиоза
- высокий уровень генетического дрейфа
 - эффект основателя при возникновении симбиоза
 - бутылочное горлышко при каждой репродукции хозяина
- «портится качество генов»
 - увеличение AT/GC



Сокращение размера геномов симбионтов

- утрата многих генов, включая важные для симбиоза
- высокий уровень генетического дрейфа
 - эффект основателя при возникновении симбиоза
 - бутылочное горлышко при каждой репродукции хозяина
- «портится качество генов»
 - увеличение AT/GC
- сильная зависимость от белков теплового шока и условий среды
 - фолдинг белка

Редуцированные геномы



Tremblaya – 139 Kb

гамма-протеобактерия

Хозяин: мучнистые червецы

Hodgkinia – 144 Kb

альфа-протеобактерия

188 генов

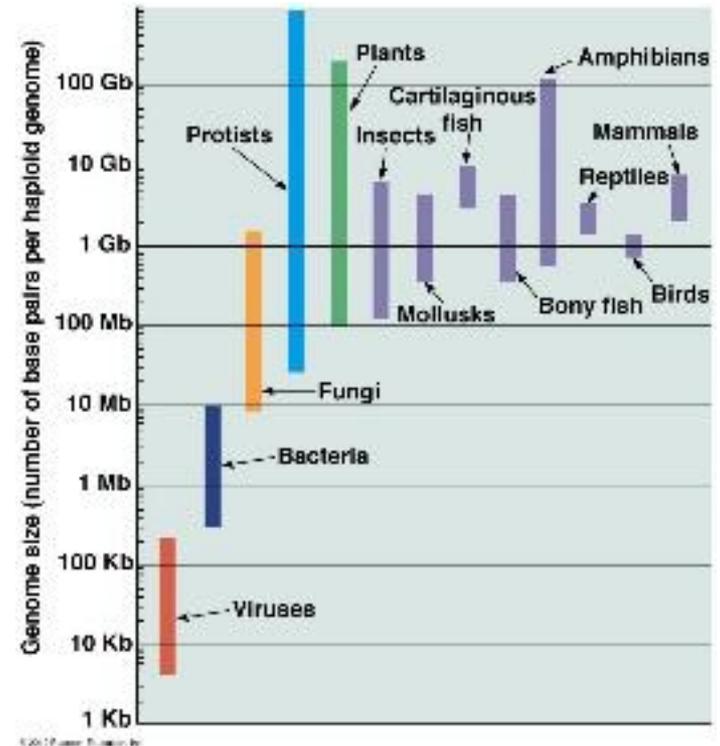
GC - 58%

Хозяин: цикады

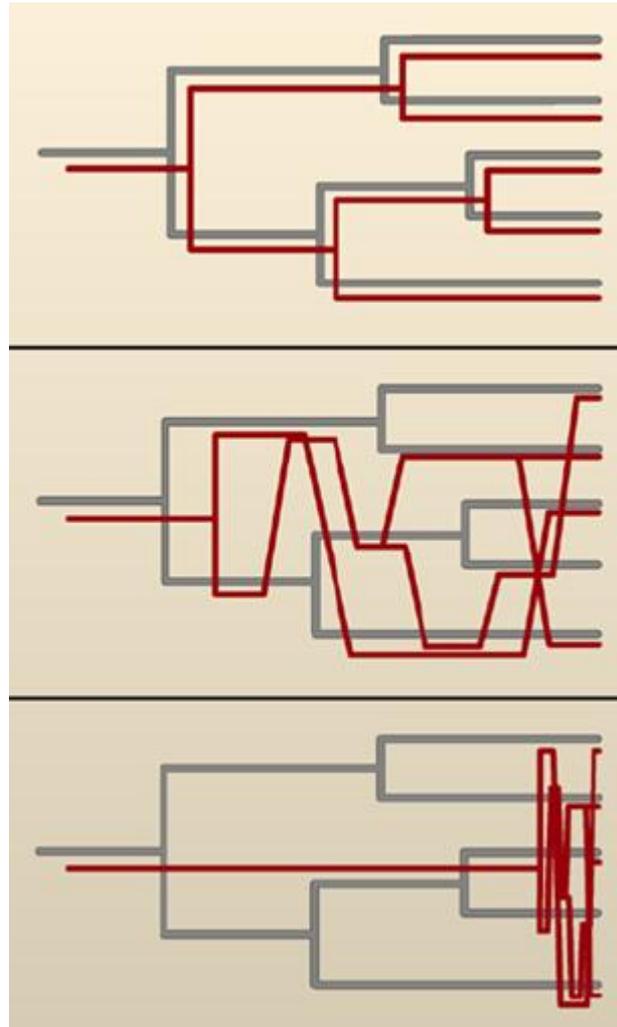
Sulcia – 245 Kb

бактероид

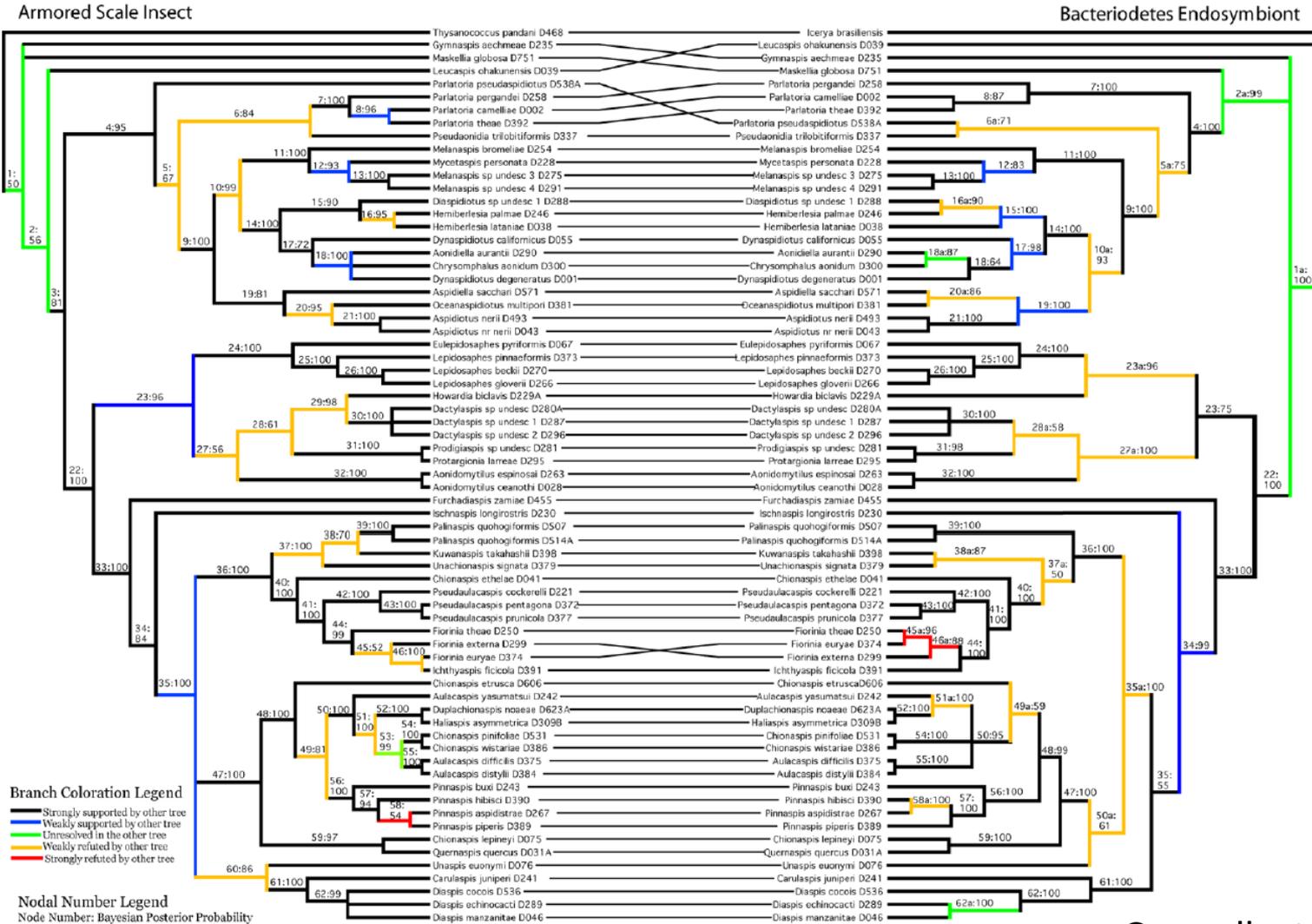
Хозяин: цикады



Филетическая история хозяина и симбионнта



Молекулярная коэволюция



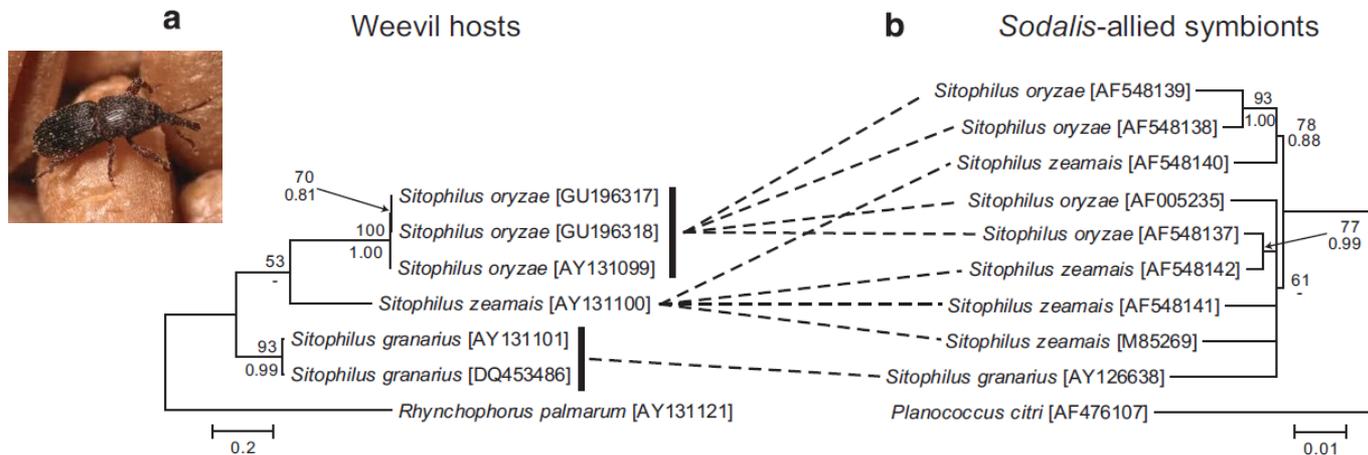
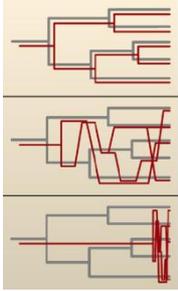
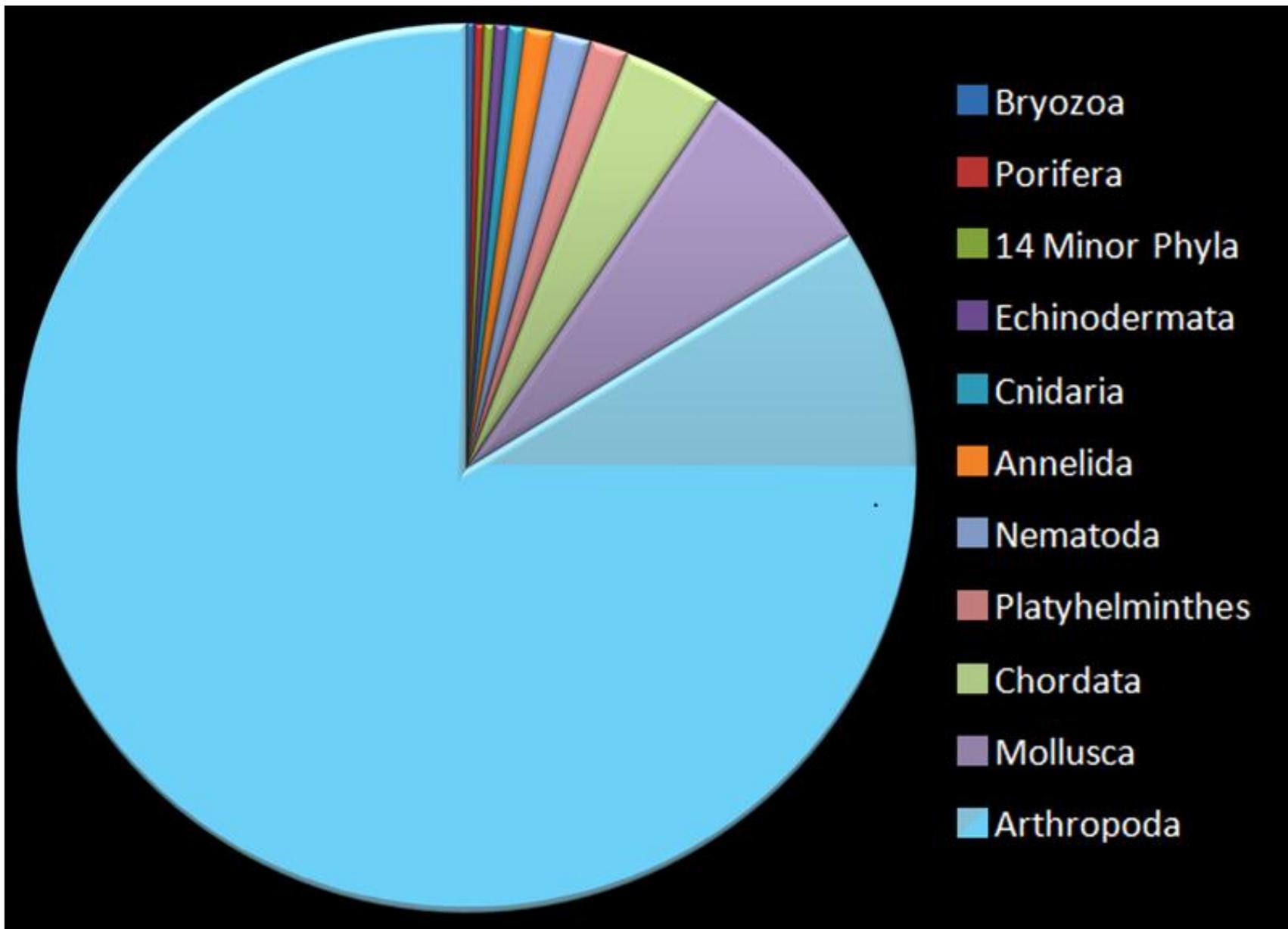


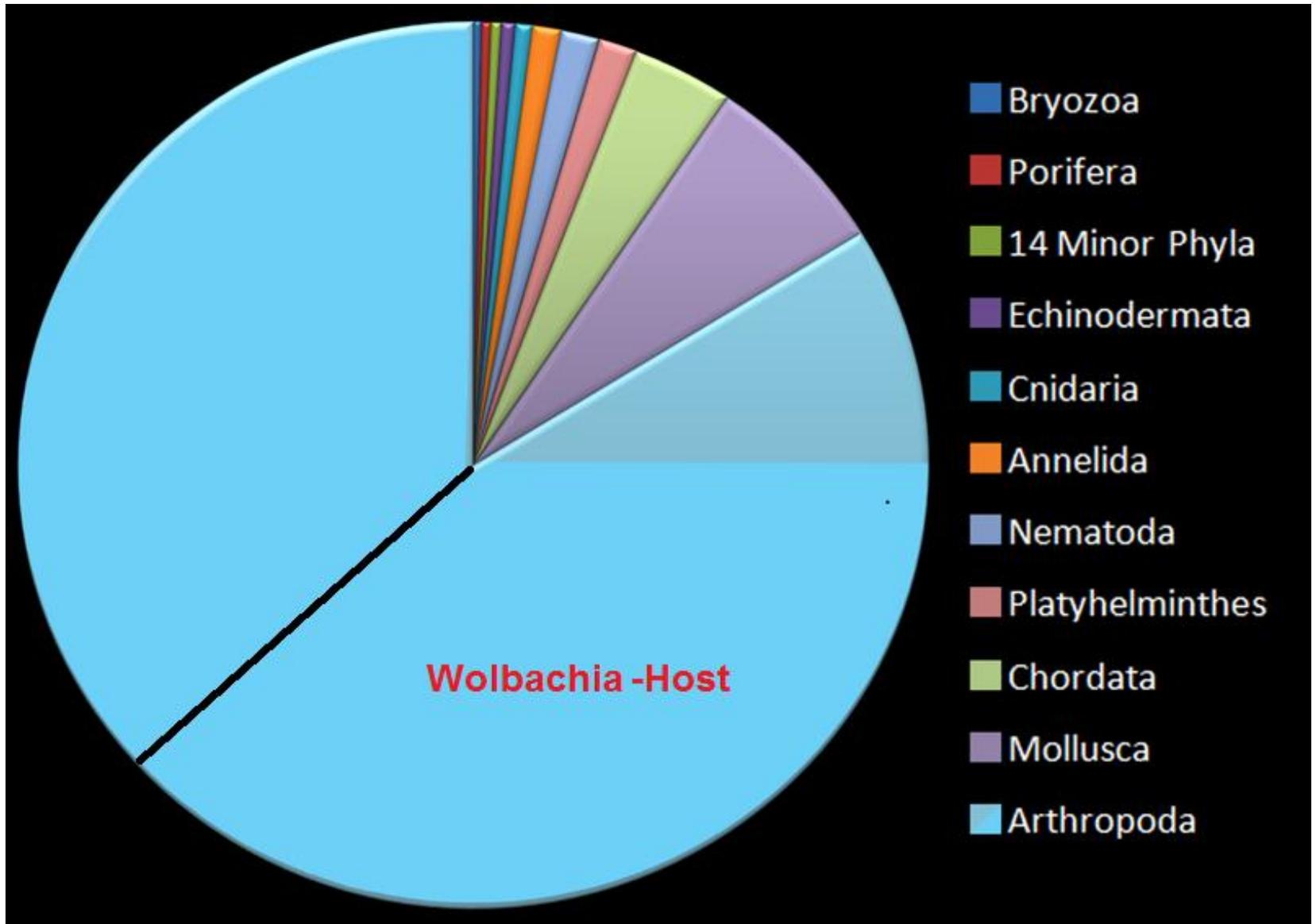
Figure 5 Phylogenetic comparison between *Sitophilus* weevil hosts and their *Sodalis*-allied symbionts. **(a)** A maximum likelihood phylogeny of six cytochrome oxidase subunit I (COI) gene sequences representing three *Sitophilus* species based on 467 unambiguously aligned nucleotide sites (J1 + G, F81 + G and TN93 + G models for the first, second and third codon positions, respectively). **(b)** A maximum likelihood phylogeny of nine 16S rRNA gene sequences from the three *Sitophilus* species based on 1281 unambiguously aligned nucleotide sites under the J1 + G model. In both trees, bootstrap values (> 50%; 100 replicates) of the maximum likelihood analysis and posterior probabilities (> 0.50) of Bayesian analysis are shown above and below each node, respectively. Host–symbiont relationships are indicated by dotted lines.

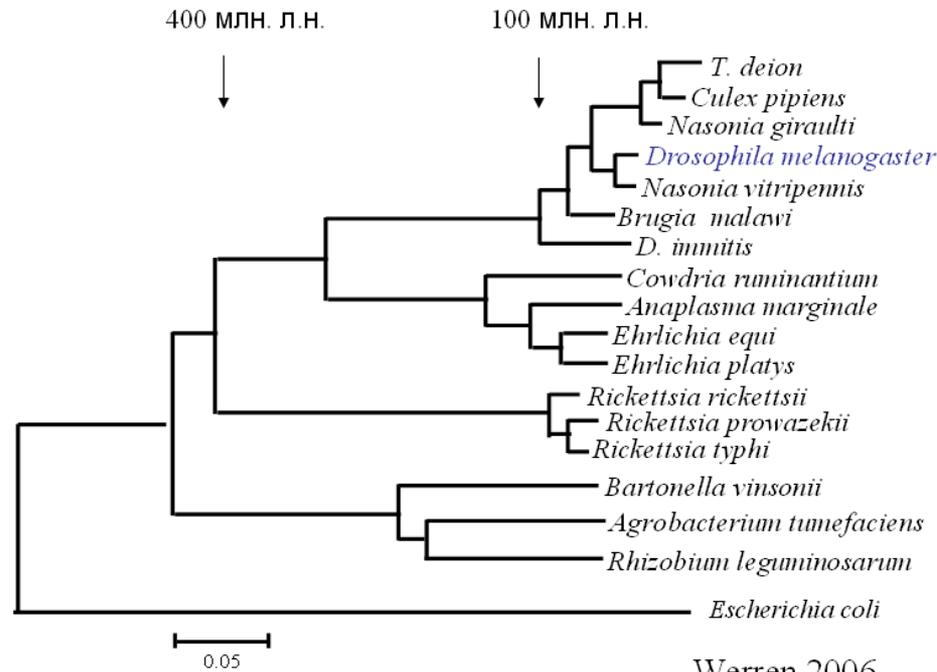
Матерински наследуемые симбионты

Род

- *Arsenophonus*
 - *Blattabacterium*
 - *Blochmannia*
 - *Buchnera*
 - *Cardinium*
 - *Carsonella*
 - *Coxiella*
 - *Hamiltonella*
 - *Hodgkinia*
 - *Ishikawaella*
 - *Nardonella*
 - *Portiera*
 - *Rickettsia*
 - *Sodalis*
 - *Spiroplasma*
 - *Sulcia*
 - *Tremblaya*
 - *Wigglesworthia*
 - *Wolbachia*
- γ -proteobacteria
 - Bacteroidetes
 - γ -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - Bacteroidetes
 - γ -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - α -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - α -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - Mollicutes
 - Bacteroidetes
 - γ -proteobacteria
 - γ -proteobacteria
 - α -proteobacteria

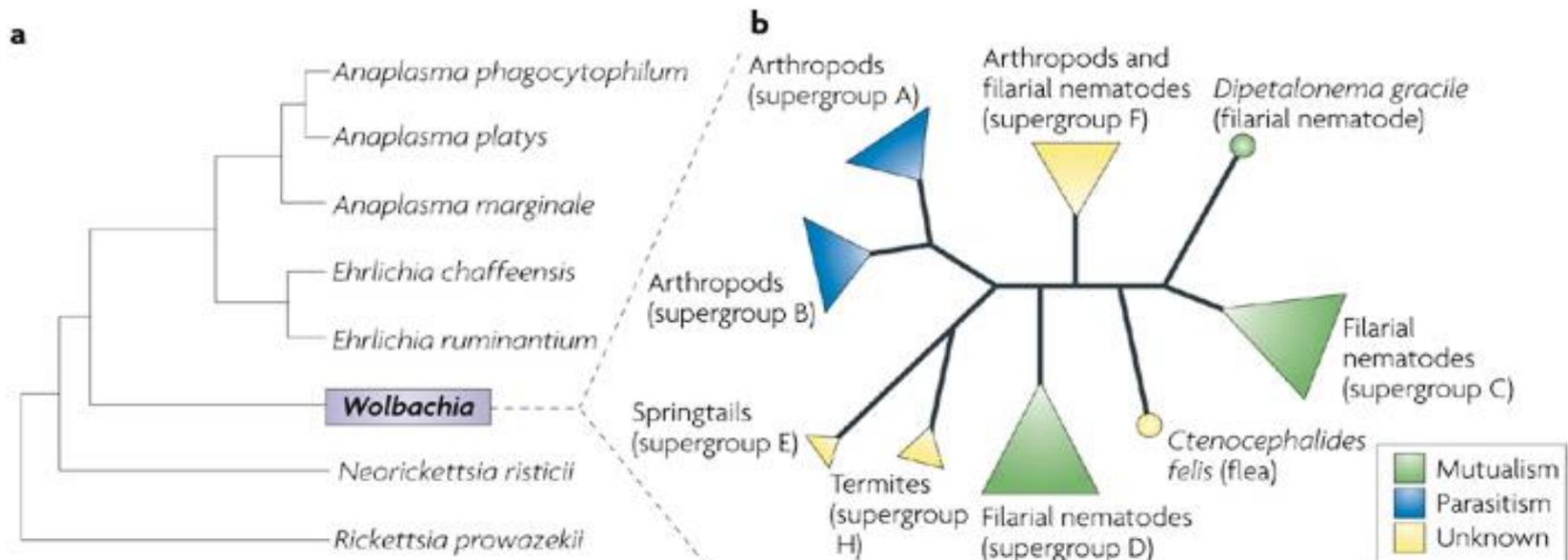






Hosts of
Wolbachia

Werren 2006



The *Wolbachia* Genome of *Brugia malayi*: Endosymbiont Evolution within a Human Pathogenic Nematode

Jeremy Foster¹, Mehul Ganatra¹, Ibrahim Kamal^{1#a}, Jennifer Ware¹, Kira Makarova², Natalia Ivanova^{3#b},



Wolbachia обеспечивает паразитическую нематоду кофакторами

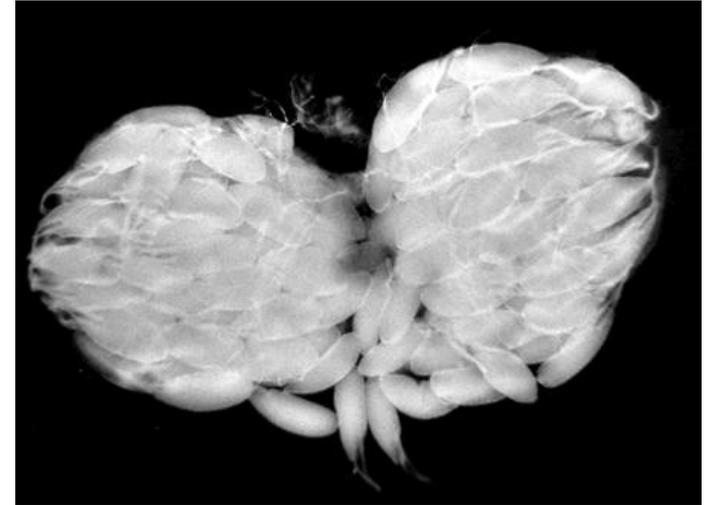
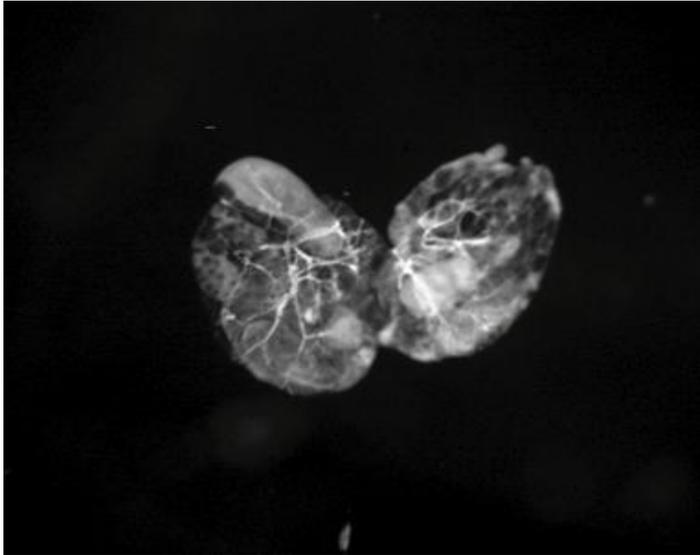
A host–parasite interaction rescues *Drosophila* oogenesis defects

Diana J. Starr & Thomas W. Cline

Department of Molecular and Cell Biology, 401 Barker Hall, University of California, Berkeley, California 94720-3204, USA

NATURE | VOL 418 | 4 JULY 2002 | www.nature.com/nature

Гонады 4-х дневной самки *D. melanogaster*, генотип Sx^{lf^4}/Sx^{lf^4} . Слева неинфицированная, справа инфицированная *Wolbachia*



The endosymbiont *Wolbachia* increases insulin/IGF-like signalling in *Drosophila*

Tomoatsu Ikeya, Susan Broughton, Nazif Alic, Richard Grandison and Linda Partridge

Proc. R. Soc. B published online 19 August 2009

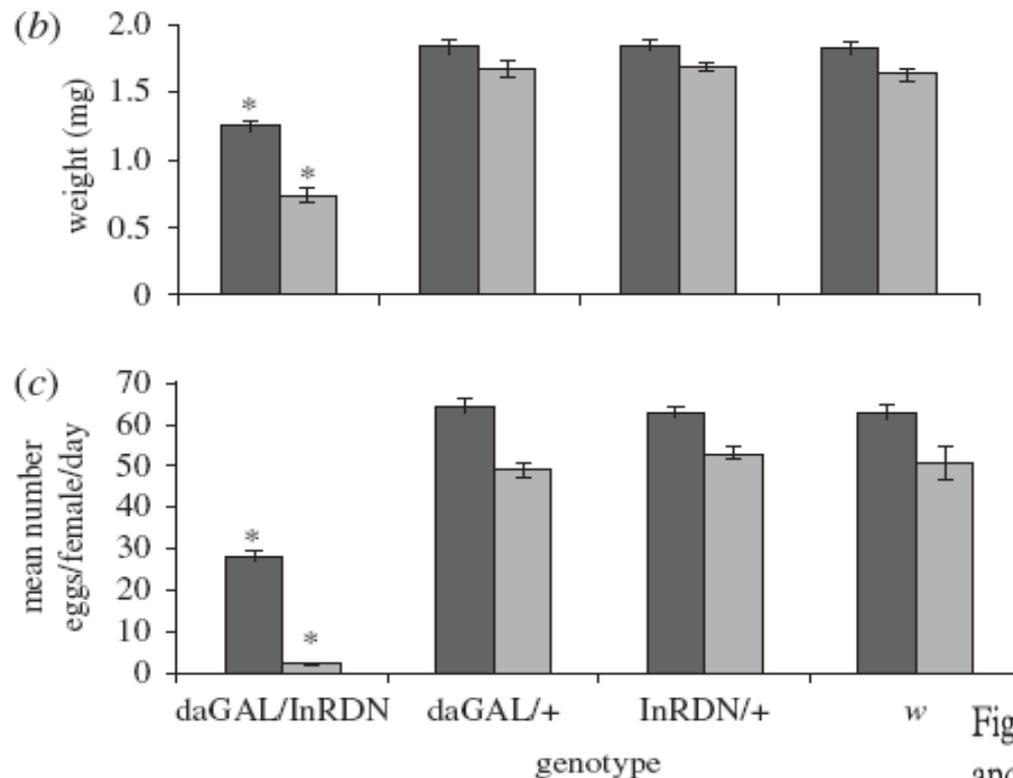
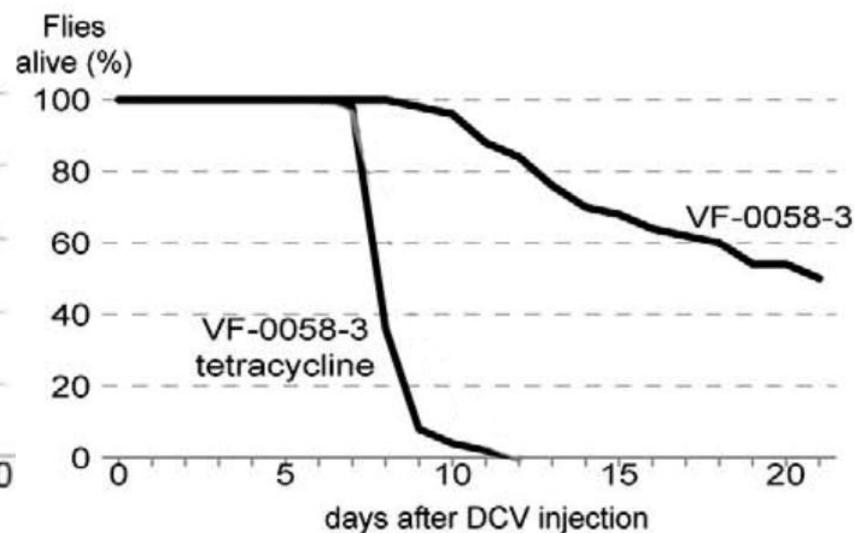
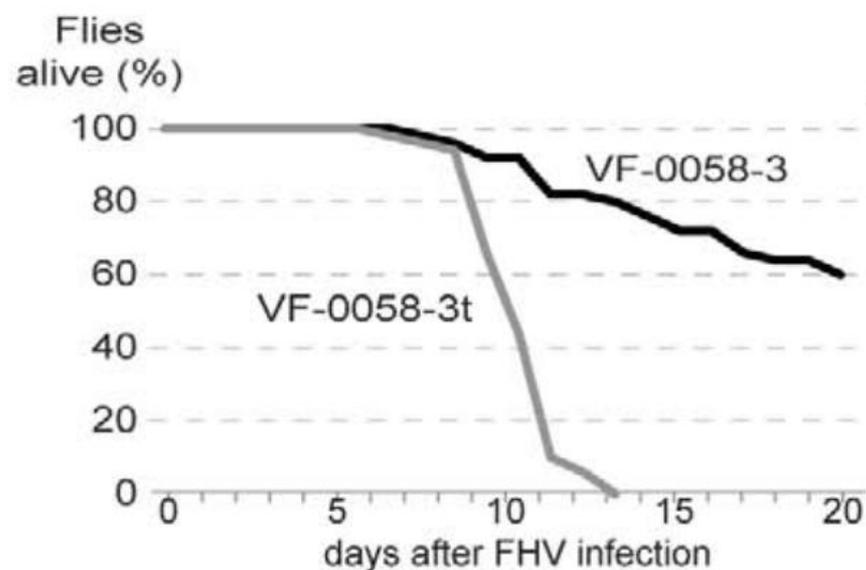


Figure 1. The effect of *Wolbachia* infection status on weight and fecundity of IIS mutant and control female flies.

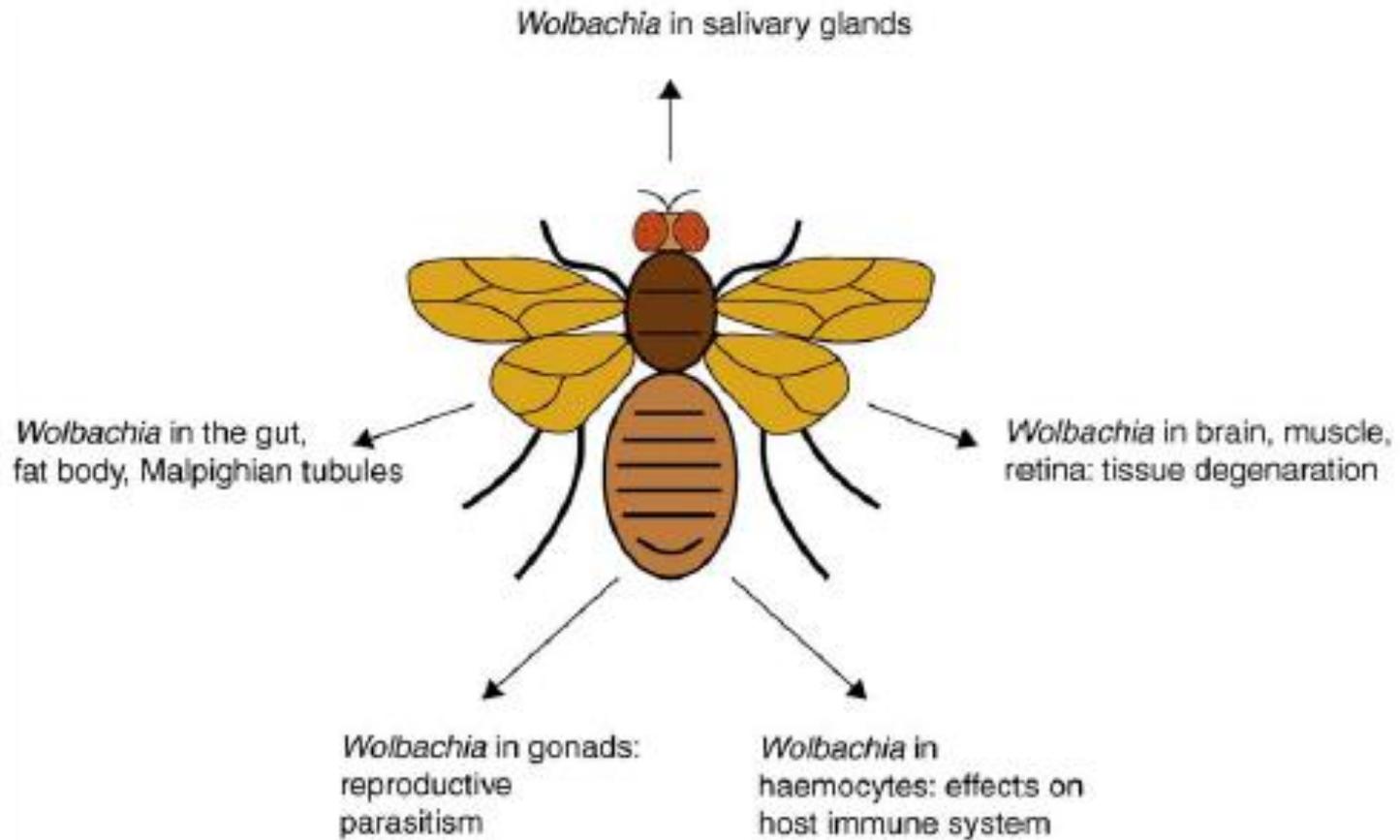
The Bacterial Symbiont *Wolbachia* Induces Resistance to RNA Viral Infections in *Drosophila melanogaster*

Luis Teixeira*, Álvaro Ferreira, Michael Ashburner

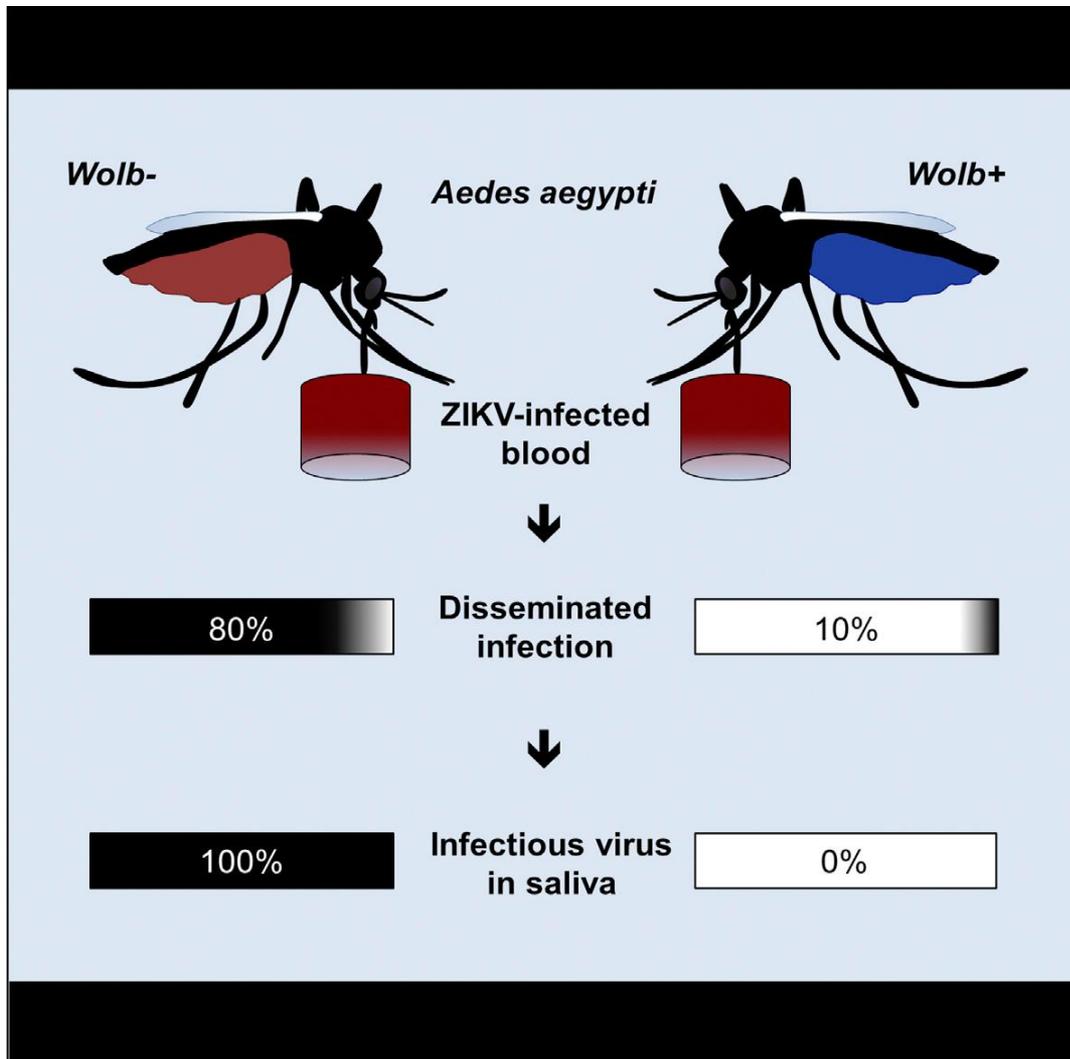
Department of Genetics, University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom



в каждой ткани свой отбор?



Wolbachia VS вирус Зика

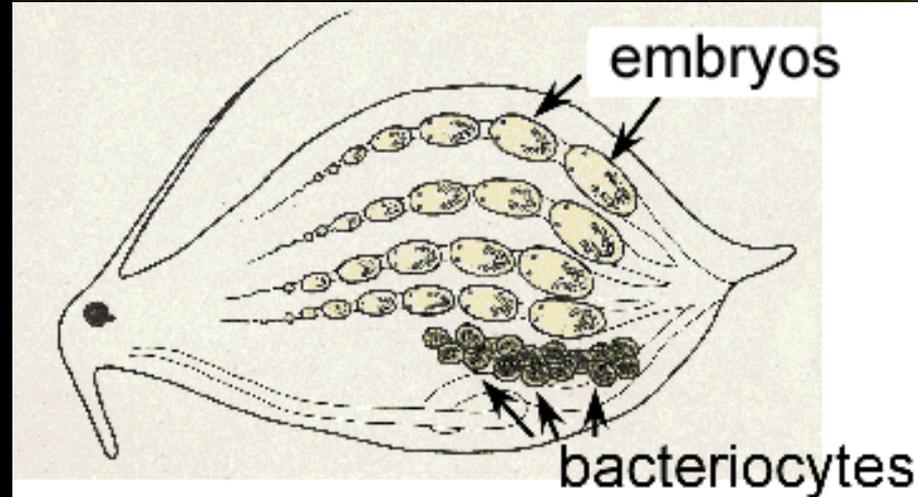


Dutra et al., 2016

Самый изученный симбиоз

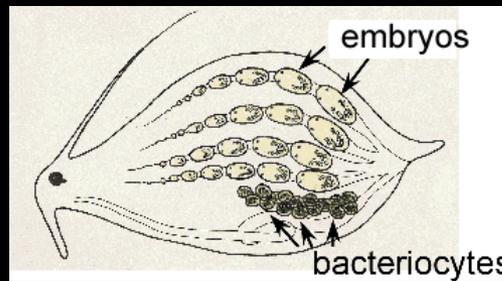
Тля-Бухнера

Buchnera дальний родственник
кишечной палочки



Метаболическая комплементация

- Сок растений богат сахарами, но беден аминокислотами
 - Аминокислоты синтезирует *Buchnera*

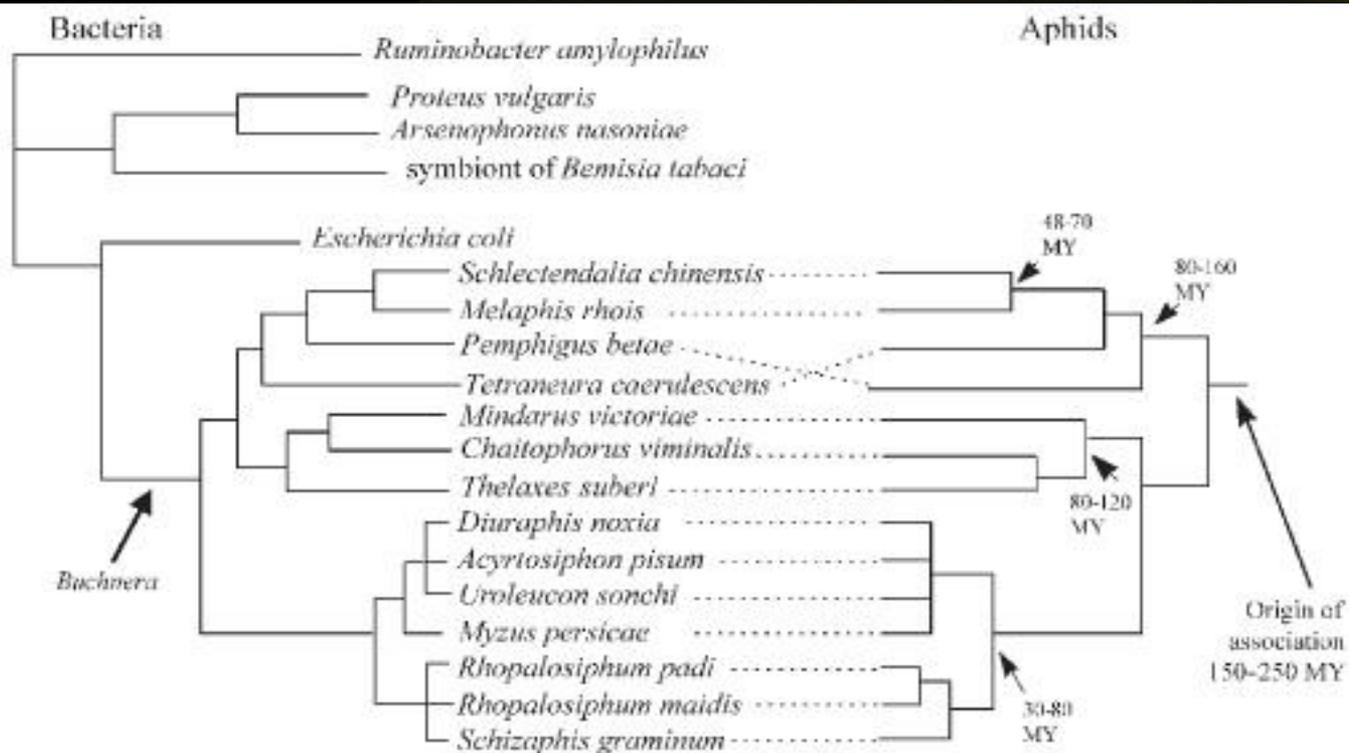


- Избыток сахара используется для муравьев... парасимбиоз



Тля и *Buchnera*
~200Муа

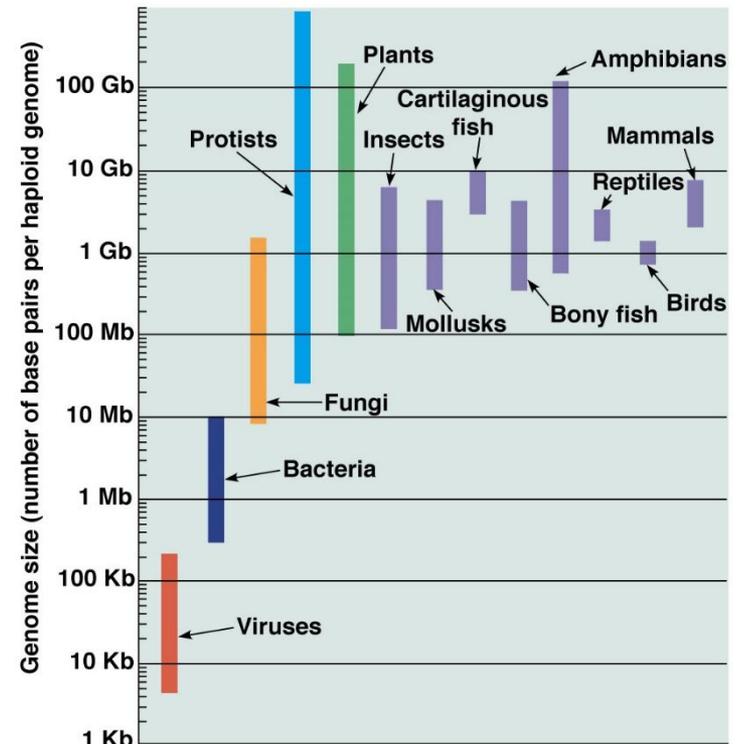
строгая
конкордантность





Бухнера

- размер генома разных штаммов варьирует 416-700 Кб
- утрата многих генов, включая важные для симбиоза

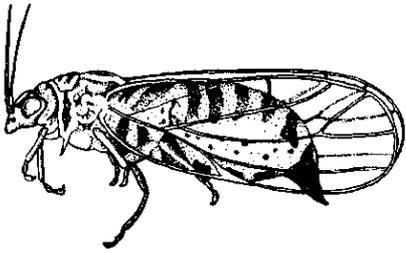




Вторичные симбионты тли

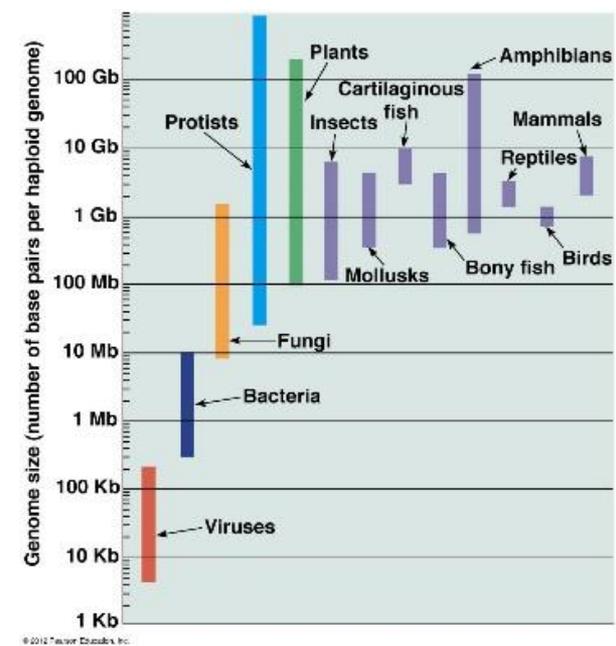
- *Serratia symbiotica* метаболическая комплементация, защита от патогенов
- *Hamiltonella defensa* защита от наездников
- *Regiella insecticola* защита от патогенов
- *Rickettsiella* синтез пигментов (афины)

Все гамма-протеобактерии



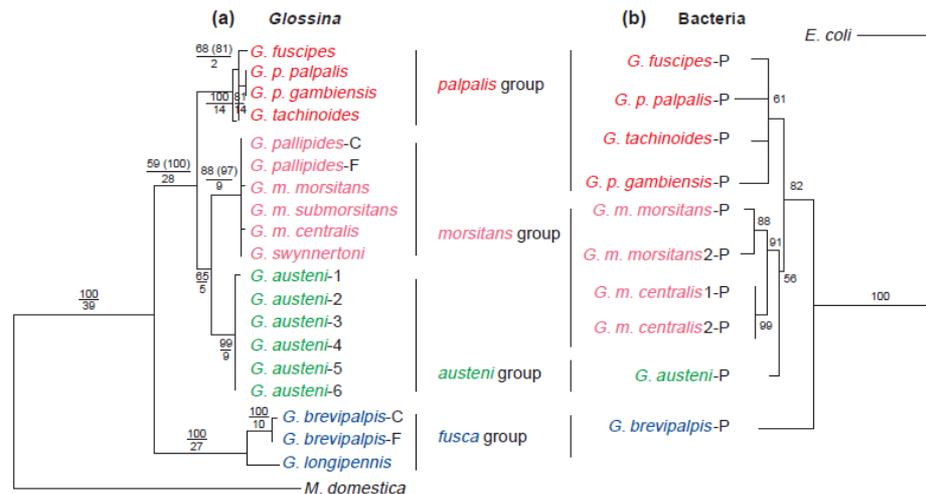
Carsonella ruddii

- гамма-протеобактерия
- хозяин: псиллиды (листоблошки)
- **геном: 160 Кб**
- количество генов: 182
- биологическая роль: синтез незаменимых аминокислот
- утрата генов биосинтеза липидов, и метаболизма нуклеотидов



Wigglesworthia

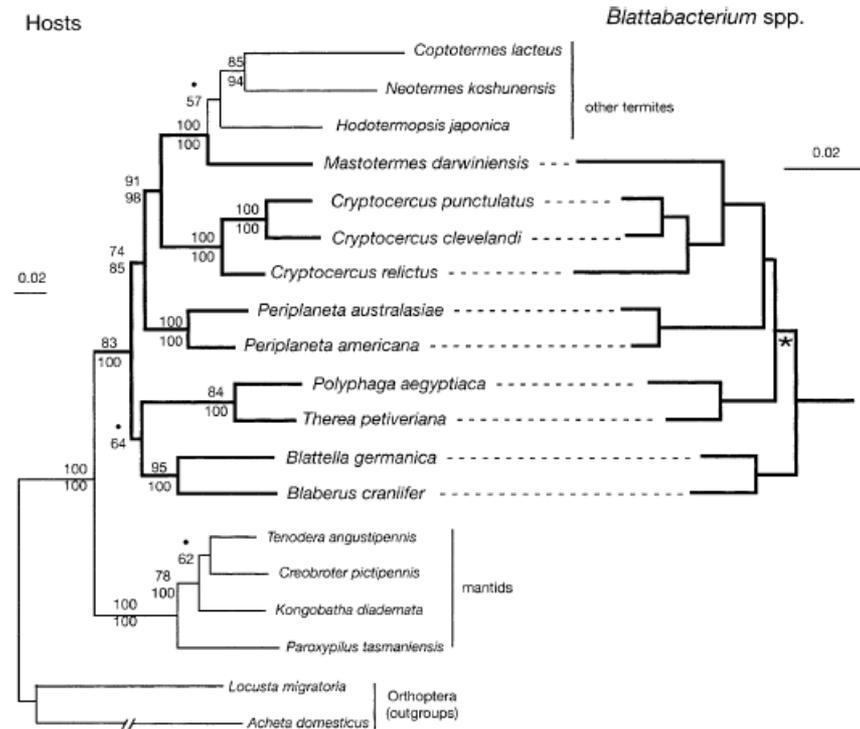
- гамма-протеобактерия
- Хозяин: муха це-це
- нет генов синтеза аминокислот
- синтезирует кофакторы для хозяина
- локализуется в бактериоцитах
- Передача бактерии вертикальное, но не через ооцит



Blattabacterium



- группа флавобактерий
- все тараканы и термит *Mastotermes darwiniensis*
- локализация: жировое тело, бактериоциты
- биологическая роль: рециклизация азота (?), синтез ак
- геном: 650 Kb
- полиплоидия



Blochmannia

- Хозяин: *Formica* и *Camponotus*
- гамма-протеобактерия
- 100 Муа (30-40 по другим данным)
- бактериоциты
- синтез заменимых и незаменимых ак



Эндосимбионты долгоносиков



- *Nardonella*: у всех, 125Mya
- *Curculioniphilus*:
Curculionini
- *Sodalis*: у отдельных видов

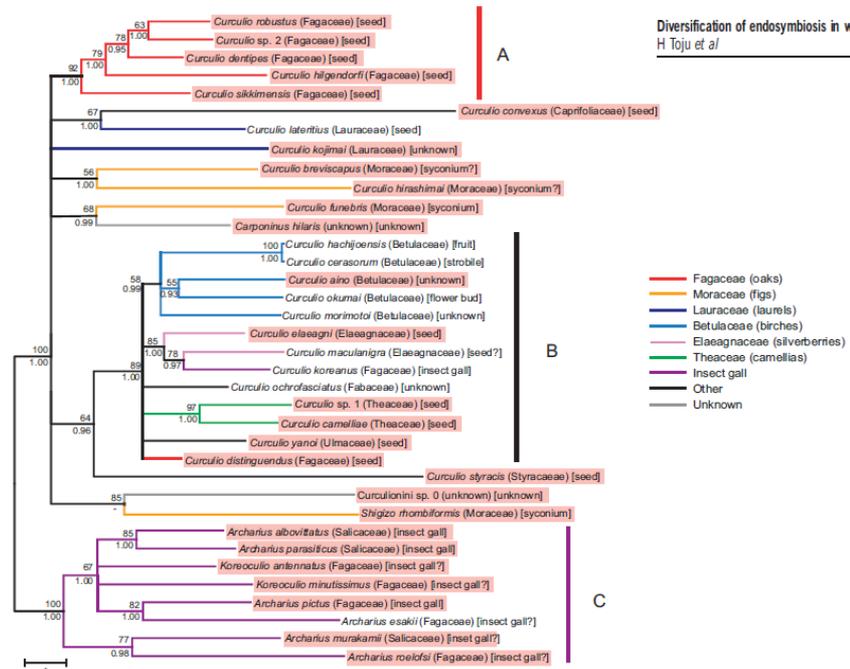
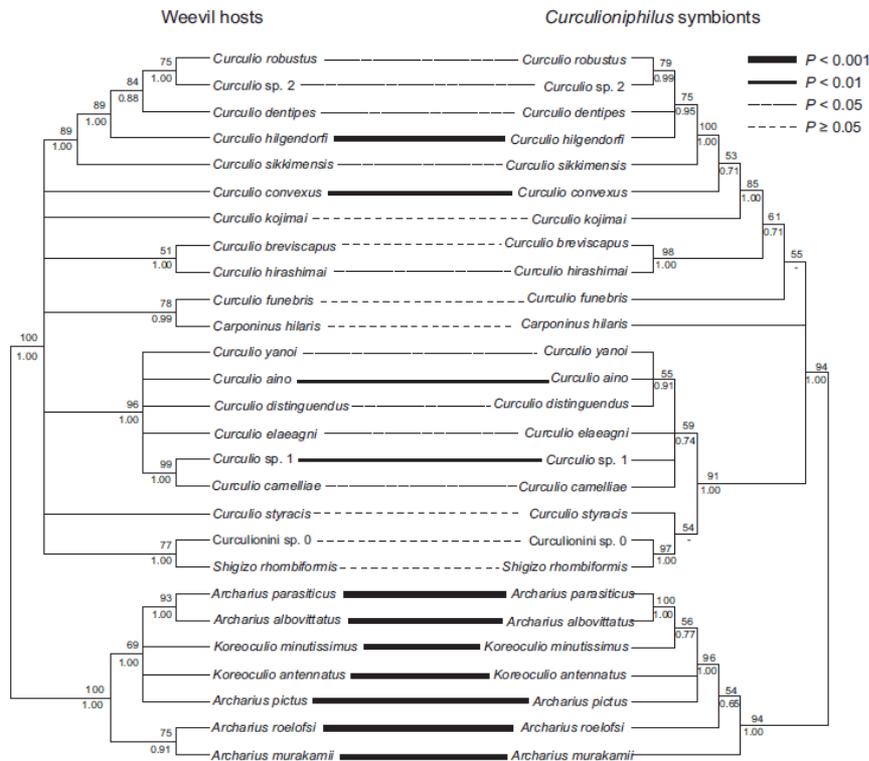


Figure 2 Molecular phylogenetic analysis of Curculionini weevils. A maximum likelihood tree inferred from 2686 unambiguously allied nucleotide sites of two mitochondrial (cytochrome oxidase subunit I (COI), 775-bp; cytochrome *b*, 382-bp) and three nuclear (elongation factor 1 α , 367-bp; 28S rRNA, 737-bp; phosphoglycerate mutase, 425-bp) genes is shown. A Bayesian analysis yielded substantially the same topology. Bootstrap values ($> 50\%$; 100 replicates) of the maximum likelihood analysis and posterior probabilities (> 0.50) of the Bayesian analysis are shown above and below each node, respectively. See Supplementary Table S4 for sequence accession numbers and Supplementary Table S5 for substitution models. The clades A, B and C are indicated on the right side. For each of the weevil species, host plant family and tissue type are shown in parentheses and brackets, respectively. Evolutionary history of their host plants is inferred and mapped on the phylogeny by colored branches. Pink shades indicate association with the *Curculioniphilus* symbionts.

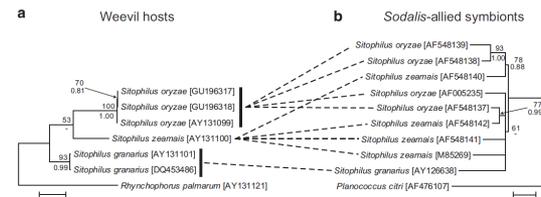
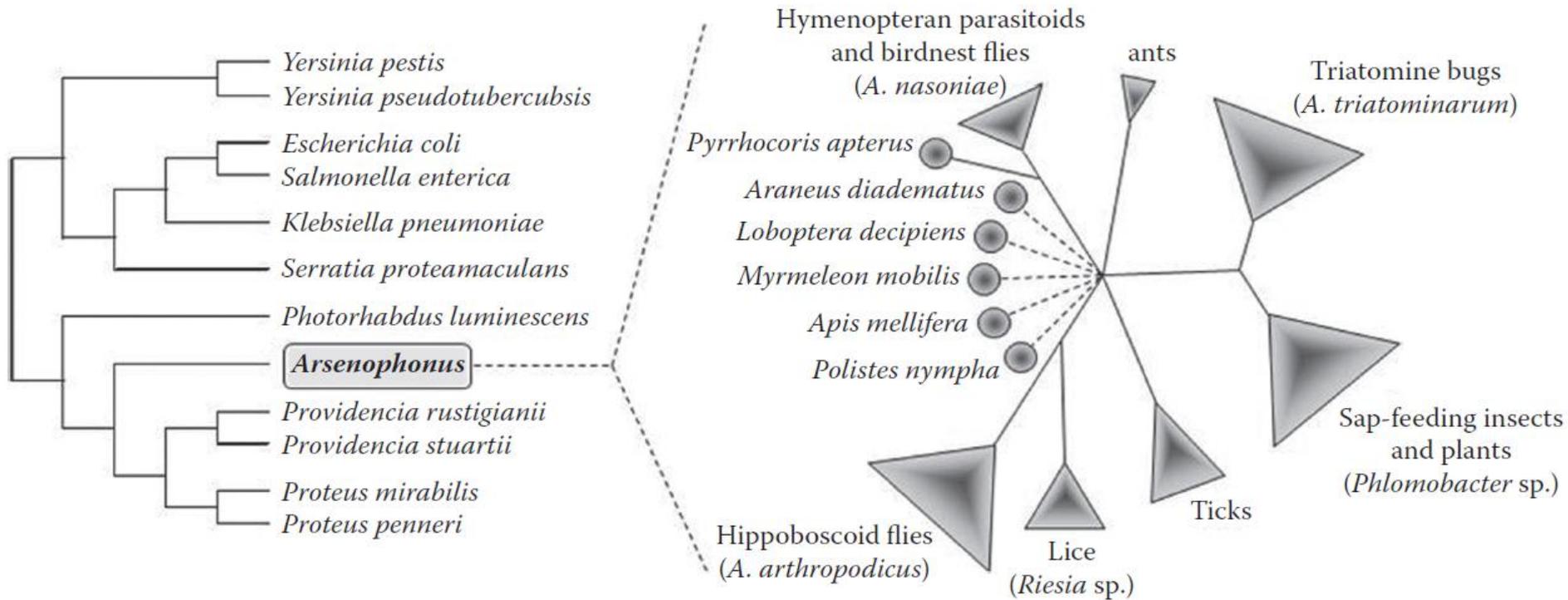


Figure 5 Phylogenetic comparison between *Sitophilus* weevil hosts and their *Sodalis*-allied symbionts. (a) A maximum likelihood phylogeny of six cytochrome oxidase subunit I (COI) gene sequences representing three *Sitophilus* species based on 467 unambiguously aligned nucleotide sites (J1+G, F81+G and T193+G models for the first, second and third codon positions, respectively). (b) A maximum likelihood phylogeny of nine 16S rRNA gene sequences from the three *Sitophilus* species based on 1281 unambiguously aligned nucleotide sites under the J1+G model. In both trees, bootstrap values ($> 50\%$; 100 replicates) of the maximum likelihood analysis and posterior probabilities (> 0.50) of Bayesian analysis are shown above and below each node, respectively. Host-symbiont relationships are indicated by dotted lines.

Arsenophonus

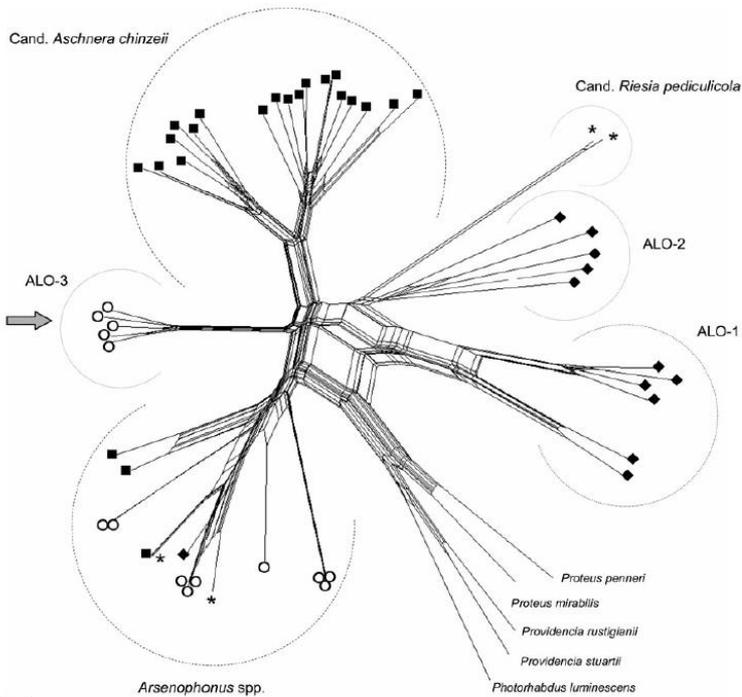


- гамма-протеобактерия
- широкий круг хозяев
- горизонтальный перенос
- фенотип: андроцид,...

Cand. *Aschnera chinzeii*

Cand. *Riesia pediculicola*

ALO-3



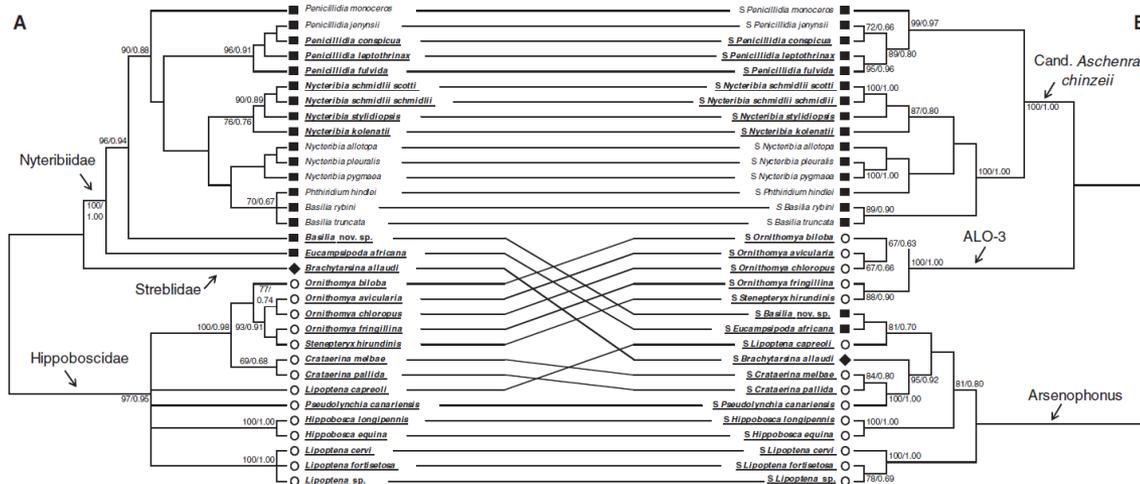
0.01

O. DURON ET AL.

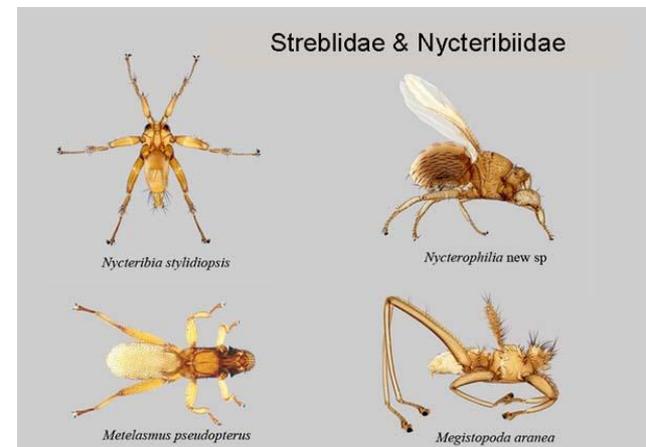
Fig. 2 Phylogenetic network obtained from *Arsenophonus* and like organisms (ALO) *GroEL* gene sequences using the Neighbour-net method. The six major ALO groups are presented. The arrow denotes a novel group of ALO endosymbionts, ALO-3. White circles: endosymbionts from Hippoboscidae; black squares: endosymbionts from Nycteribiidae; black diamond: endosymbionts from Streblidae; asterisks: endosymbionts from other insect hosts. Closest ALO relatives (*Proteus mirabilis*, *P. penneri*, *Providencia rustigianii*, *P. stuartii* and *Photorhabdus luminescens*) were used to delineate the ALO clade.

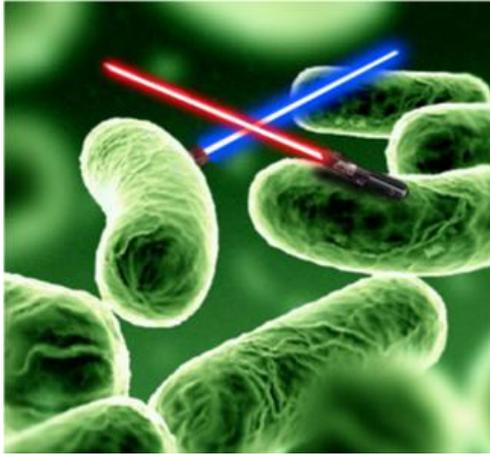


ENDOSYMBIONTS IN LOUSE FLIES AND BAT FLIES

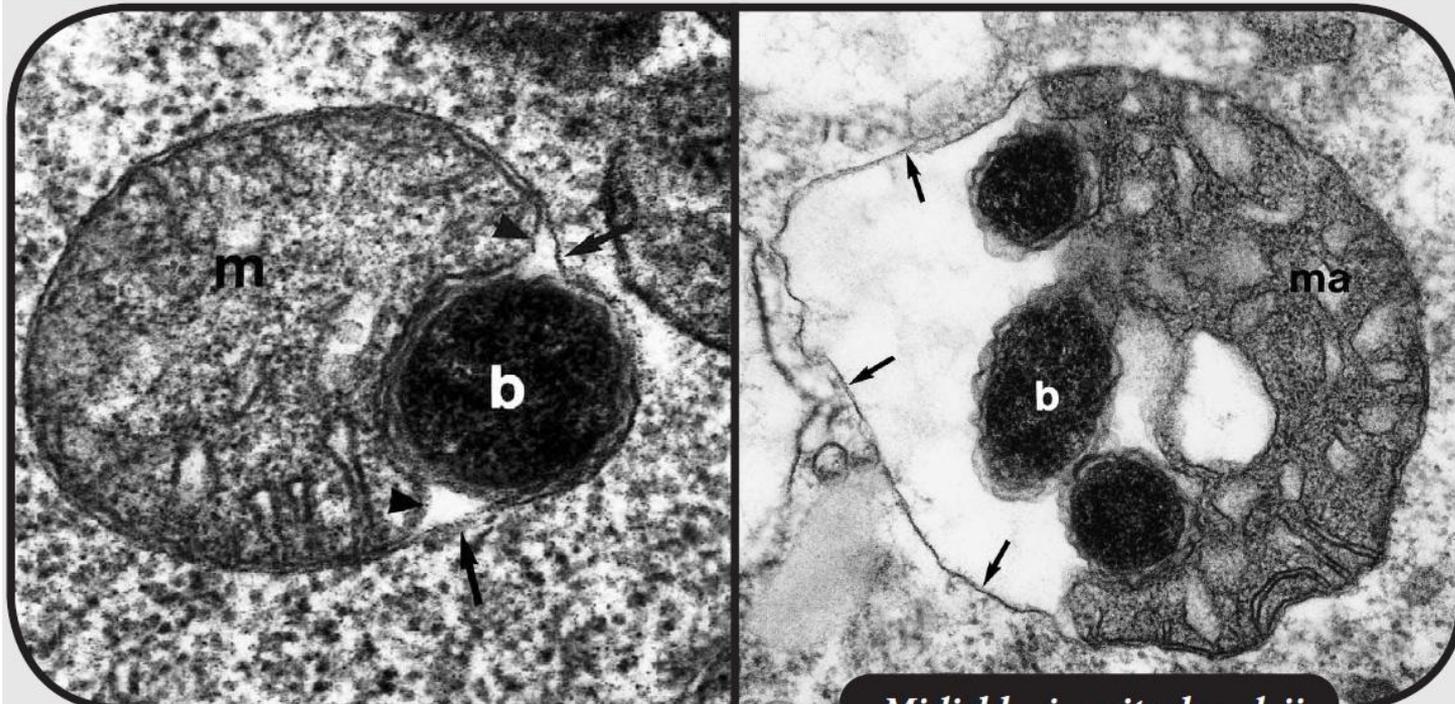


Congruence between host and *Arsenophonus* and like organisms (ALO) phylogenies.





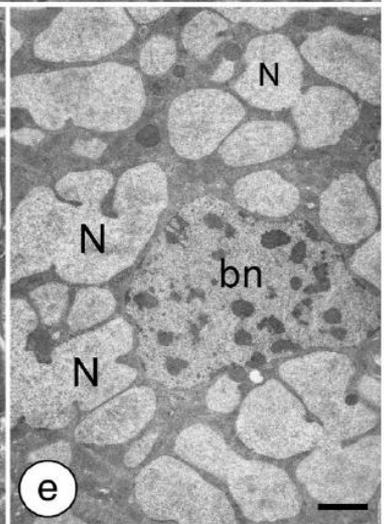
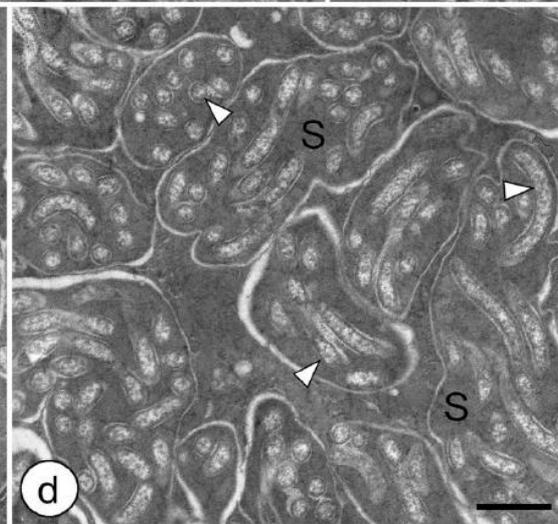
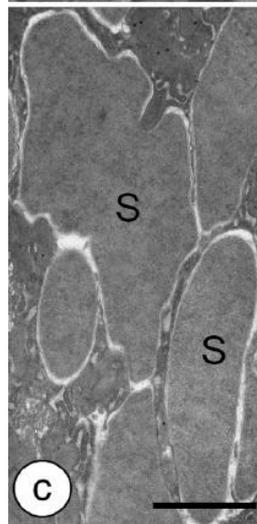
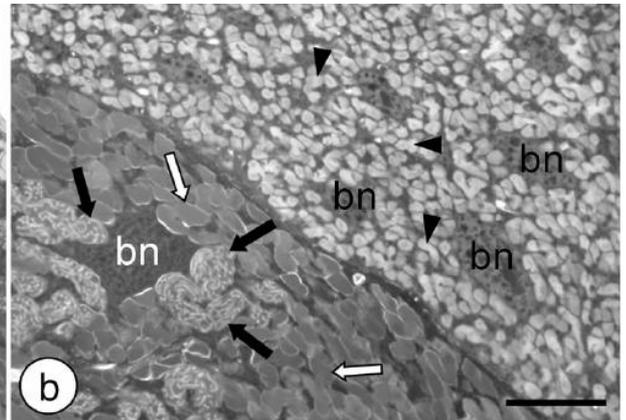
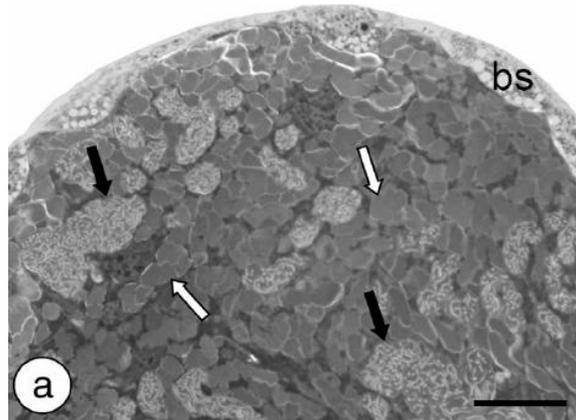
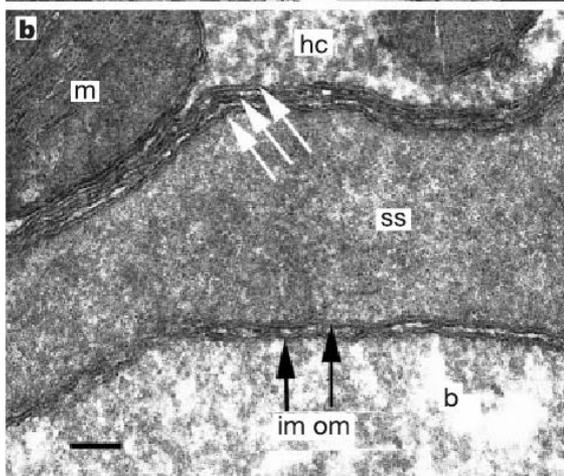
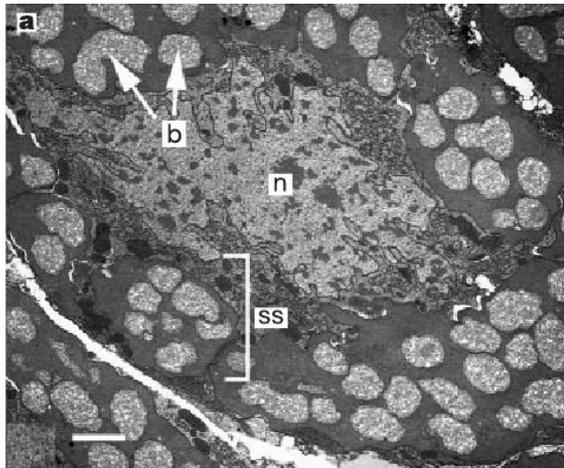
Midichloria mitochondrii



PHOTOS BY L. SACCHI ET AL., TISSUE CELL 36(1):43-53

Midichloria mitochondrii

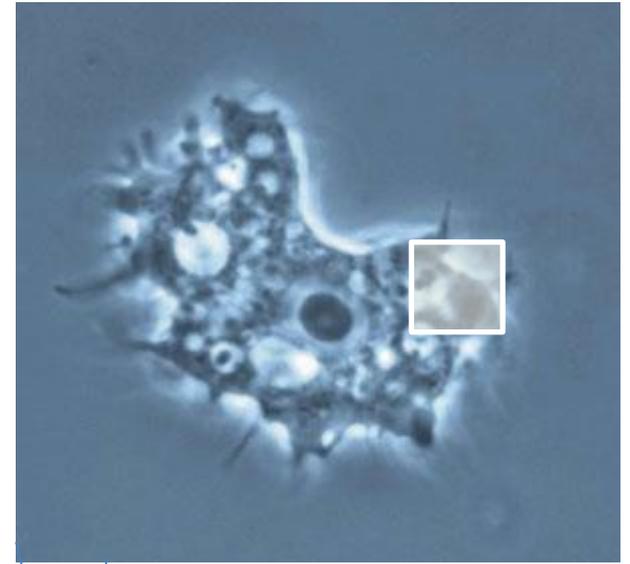
Матрешка бактерия внутри бактерии



Tremblaya в *Pseudococcus*
Dohlan et al 2001

Arsenophonus в *Sulcia*
Kobialka et al 2015

Acanthamoeba polyphaga



Матрешка *вирус внутри вируса*

