

Streszczenie

Bakterie endosymbiotyczne wykazują zdolności manipulowania organizmem gospodarza w celu efektywnego rozprzestrzeniania się w jego populacji. Endosymbionty mogą wpływać na rozmnażanie żywiciela poprzez niezgodność cytoplazmatyczną, indukcję partenogenezy, uśmiercanie lub feminizację genetycznych samców. Organizmy gospodarzy mogą być zainfekowane jedną lub kilkoma grupami tych bakterii. Współwystępowanie symbiontów prowadzi do wielorakich interakcji, które mogą przejawiać się różnorodnymi efektami fenotypowymi oraz zmianami na poziomie genów i ekspresji genów. W przedłożonym projekcie analizujemy interakcje między bakteriami z rodzajów *Wolbachia* (*W*) i *Spiroplasma* (*S*) współwystępujących u roztoczy dutkowych (Acariformes: Syringophilidae).

Nasze dotychczasowe badania wykazały, że ta grupa stawonogów zasługuje na szczególną uwagę ze względu na dużą różnorodność genetyczną szczepów *W* (trzy supergrupy, w tym dwie wcześniej nieznanne, wykryte u zaledwie kilku gatunków roztoczy) oraz możliwość współwystępowania z unikalną linią *S*. Ponadto, uwarunkowania biologiczne roztoczy, tj. fakt występowania w obrębie jednego pióra jednej populacji (samica założycielka i jej potomstwo) oraz silnie zaburzona proporcja płci, umożliwiają nam śledzenie potencjalnych efektów fenotypowych wywoływanych przez bakterie, a także dynamikę i efektywność pionowej transmisji endosymbiontów w populacjach gospodarza. Obserwowane duże zróżnicowanie genetyczne bakterii i ich wyraźna odrębność od tych, które wcześniej wykrywano u innych grup stawonogów, zachęcają także do przeprowadzenia dogłębnych badań nad ich genomami. W powyższym kontekście, roztocze dutkowe wydają się być unikalnym obiektem badań w naturalnych, nie modyfikowanych laboratoryjnie, warunkach.

Cele proponowanego projektu to: *i*) analiza prevalencji *W* i *S* u roztoczy dutkowych; *ii*) oszacowanie efektywności pionowej transmisji endosymbiontów w następujących po sobie stadiach rozwojowych (larwa, protonimfa, trytonimfa, postać dorosła) oraz u obu płci (samica/samiec); *iii*) porównanie zdolności reprodukcyjnej roztoczy (mierzonej jako liczba potomstwa w dutce) w populacjach niezainfekowanych, z zainfekowanymi tylko *W* oraz *W* i *S*; *iv*) określenie zależności między obserwowaną proporcją płci (obecnością i liczbą samców) a nieobecnością/obecnością jednej grupy/współwystępowaniem obu bakterii; *v*) sprawdzenie, czy *W/S* wpływa na abudancję drugiego symbionta u roztoczy koinfekowanych; *vi*) wygenerowanie serii genomów *W* i *S*; *vii*) ustalenie, czy warianty genomów *W* i *S* współwystępują wyłącznie w określonych kombinacjach (genomy zgodne vs niezgodne).

Oczekujemy, że wyniki badań poszerzą naszą wiedzę na temat prevalencji i dynamiki rozprzestrzeniania się bakterii endosymbiotycznych u roztoczy dutkowych. Ponadto umożliwią nam rozpoznanie wywoływanych przez bakterie efektów fenotypowych (fitness, proporcja płci). Badania nad genomami endosymbiontów przyczynią się do lepszego zrozumienia pochodzenia bakterii, ich zmienności genetycznej oraz możliwych powiązań między nimi. Przypuszczamy, że współwystępowanie *W* i *S* w roztoczach może przyczyniać się do przyspieszenia ewolucji symbiontów, co wyjaśniałoby obserwowaną wyraźną odrębność i różnorodność szczepów. To może skutkować zgodnością lub niezgodnością określonych wariantów genetycznych bakterii w ciele gospodarza oraz znaleźć odzwierciedlenie w jego zdolności reprodukcyjnej. „Wojna genów” między koewoluującymi endosymbiontami może być skierowana na manipulację szlakami odpornościowymi/regulatorowymi gospodarza i wytwarzanie związków obronnych przeciwko konkurującym symbiontom.

Oszacowanie częstości występowania i różnorodności genetycznej *W* i *S* u roztoczy dutkowych, rozpoznanie wywoływanych przez nie efektów fenotypowych, a także zbadanie mechanizmów konkurencji między bakteriami to kluczowe kroki w zrozumieniu interakcji między endosymbiontami a roztoczami. Proponowany projekt przyczyni się do lepszego zrozumienia ekologii symbiontów wewnątrzkomórkowych i ich żywicieli.