

# Ewolucyjne i ekologiczne interakcje między wybranymi taksonami chrząszczy a endosymbiotycznymi bakteriami

Mgr Michał Kolasa

Promotor - dr hab. Łukasz Kajtoch

Promotor pomocniczy – dr Miłosz Mazur

Środowiskowe Studia Doktoranckie Nauk Przyrodniczych Instytut Systematyki i Ewolucji  
Zwierząt Polskiej Akademii Nauk

## Streszczenie rozprawy doktorskiej

Bakterie endosymbiotyczne występujące w owadach odgrywają ogromną rolę w biologii swoich gospodarzy. Wiele aspektów dotyczących interakcji gospodarz-endosymbiont wciąż wymaga wyjaśnienia. Wśród endosymbiontów specyficzną grupę stanowią bakterie z grupy tzw. „male killers”. Spośród wielu efektów jakie wywołują, te związane z manipulacją rozrodem nosicieli mają największe znaczenie. Najlepiej poznaną i przebadaną w tej grupie bakterii jest gram ujemna  $\alpha$ -proteobakteria *Wolbachia*, która infekuje stawonogi oraz nicienie (szacunki wskazują nawet na infekowanie 66% owadów). Razem z rozwojem technik molekularnych poznano inne bakterie o podobnym wpływie na swoich gospodarzy, takie jak: *Rickettsia*, *Spiroplasma* czy *Cardinium*, jednak wiedza na temat ich rozpowszechnienia i różnicowania jest nadal fragmentaryczna.

Wraz z pełniejszym zrozumieniem roli bakterii „male killers”, które mogą także np. chronić nosicieli przed wirusami lub dostarczać składników odżywczych, zaczęto je postrzegać jako endosymbionty, a nie pasożyty. Wpływ na różnicowanie populacji przez endosymbionty doprowadził do wysunięcia teorii o potencjalnej koewolucji bakterii z gospodarzem. Z drugiej strony, coraz więcej dowodów wskazywało na horyzontalny przepływ endosymbiontów. Problemem w pełniejszym zrozumieniu relacji tych bakterii z nosicielami było analizowanie pojedynczych gatunków lub skupianie się na jedynie wybranych cechach gospodarzy. Chrząszcze (Coleoptera) to odpowiednia grupa do wyjaśnienia związków między endosymbiontami a nosicielami. Rząd ten jest bardzo zróżnicowany pod względem różnorodności gatunkowej (40% gatunków owadów), relacji filogenetycznych oraz zależności ekologicznych (można wśród nich znaleźć przedstawicieli wielu strategii życiowych, w tym reprezentantów większości grup troficznych wśród zwierząt).

W cyklu sześciu publikacji naukowych (Kolasa et al. 2017 Eur J Entomol 114:446–454; Kotásková et al. 2018 Entomol Sci 21:385-395; Kolasa et al. 2018 Bull Insect 71:193-300; Kolasa et al. 2018 Folia Biol-Krakow 66:165-178; Kajtoch et al. 2019 Sci Rep 9:847; Kolasa et al. 2019 Microb doi:10.1007/s00248-019-01358-y) będących podstawą niniejszej rozprawy doktorskiej przedstawiono

wyniki badań mających na celu poznanie: i) rozpowszechnienia oraz zróżnicowania bakterii endosymbiotycznych z grupy „male-killers” wśród chrząszczy; ii) koewolucji *Wolbachia* z gospodarzami; iii) korelacji między cechami ekologicznymi i biologicznymi gospodarzy, a infekcją *Wolbachia*; iv) możliwych dróg horyzontalnego przepływu *Wolbachia* wśród chrząszczy z różnych środowisk i gildii troficznych; v) wpływu *Wolbachia* na rozwój partenogenezy u ryjkowców z rodzaju *Strophosoma*; oraz vi) określeniu, czy skład mikrobiomu u chrząszczy warunkują relacje filogenetyczne nosicieli, trofia nosicieli czy bogactwo endosymbiontów.

Badania wykonano na bardzo różnorodnej grupie gatunków chrząszczy (łącznie 297), każdorazowo dobieranych do konkretnego celu, wykorzystując kompleksową wiedzę na temat ich systematyki, biologii i ekologii, oraz z zastosowaniem analiz molekularnych (genotypowania bakterii oraz metabarkodingu mikrobioty).

W efekcie przeprowadzonych badań stwierdzono, że *Wolbachia* jest najczęściej występującym endosymbiontem z grupy „male killers” u chrząszczy. Wśród przebadanych gatunków 27% było nosicielami *Wolbachia*, 7,7% zainfekowanych było *Rickettsia*, 3% *Spiroplasma*, a 2% *Cardinium*. Ponadto wyniki wskazują, że *Wolbachia* może być związana z gospodarzami w krótkiej perspektywie ewolucyjnej (w obrębie rodzajów), ale nie możemy mówić o powszechnej koewolucji. Natomiast uzyskane dane wskazują, że niektóre kategorie cech (takie jak sposób rozmnażania i przynależność troficzna, a w mniejszym stopniu: preferencje mikrosiedliskowe, rozmieszczenie, mobilność i wielkość ciała) mogą być powiązane ze statusem infekcji *Wolbachia*, natomiast niektóre inne (np. zasięg, preferencje termiczne) nie mają związku z infekcją. Niemniej jednak nie można mówić o jasnym wzorcu powiązań konkretnych zespołu cech z infekcją.

Analizy molekularne dostarczyły dowodów na to, że roślina żywicielska może być wektorem przenoszenia *Wolbachia* u stonek Chrysomelidae z rodzaju *Crioceris* (w badanym przypadku były to *Asparagus*). Natomiast o podobnym mechanizmie nie możemy mówić w przypadku drapieżnych chrząszczy zamieszkujących wspólne siedlisko (w badanym przypadku nadrzeczne biegaczowate Carabidae i kusakowate Staphylinidae). Wyniki pokazują również, że hybrydyzacja, a nie *Wolbachia* odpowiedzialna była za indukcję partenogenezy u ryjkowców (Curculionidae) z rodzaju *Strophosoma*.

Badania nad składem mikrobioty bakteryjnej 24 wybranych gatunków chrząszczy z trzech grup troficznych (drapieżniki, roślinożercy i detrytusożercy) oraz pięciu rodzin (Carabidae, Staphylinidae, Curculionidae, Chrysomelidae, Scarabaeidae) pokazały, że to przynależność do gildii troficznej i relacje filogenetyczne są głównymi czynnikami kształtującymi społeczności bakteryjne chrząszczy. Natomiast wpływ endosymbiontów na skład mikrobioty jest nieznaczący.

Przedstawione badania stanowią spójną całość, która w istotny sposób poszerza wiedzę nie tylko na temat rozpowszechnienia bakterii z grupy „male killers” wśród chrząszczy, ale również dostarcza nowych informacji na temat relacji endosymbiontów z gospodarzami. Przedstawione powyżej wnioski otwierają perspektywy dalszych badań, spośród których najbardziej interesujące mogą być te wymagające eksperymentalnego manipulowania infekcją w gospodarzach o różnych relacjach filogenetycznych, sposobie rozrodu i powiązania ekologicznych.