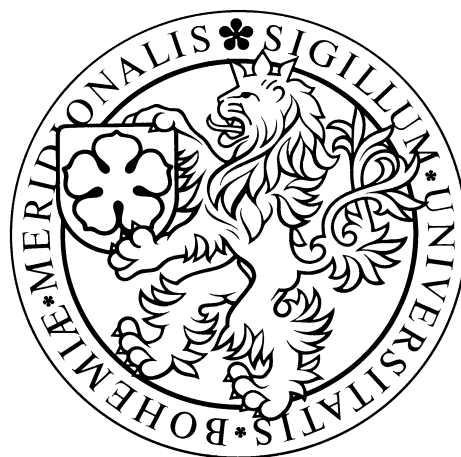


UNIVERSITY OF SOUTH BOHEMIA
FACULTY OF SCIENCE



Mgr. Pavlína Šorfová

An Effect Of 16S rRNA Intercistronic Variability On
Coevolutionary Analysis In Symbiotic Bacteria: Molecular
Phylogeny Of *Arsenophonus triatominarum*

RNDr. Thesis

České Budějovice 2009

ŠORFOVÁ, P., 2009: An effect of 16S rRNA intergenic variability on coevolutionary analysis in symbiotic bacteria: Molecular phylogeny of *Arsenophonus triatominarum*, RNDr. Thesis, in English – 30 pp., Faculty of Science, The University of South Bohemia, České Budějovice, Czech Republic.

Annotation:

The degree of heterogeneity of rRNA genes can affect reconstruction of phylogenetic relationships and mask possible coevolution between the symbiont and its host. Phylogenetic arrangement of individual rRNA copies in *Arsenophonus triatominarum* was used, together with a calculation of their divergence time. Also the degree of degeneration of housekeeping genes was studied.

Prohlašuji, že svoji rigorózní práci jsem vypracovala samostatně pouze s použitím pramenů a literatury uvedených v seznamu citované literatury.

Prohlašuji, že v souladu s § 47b zákona č. 111/1998 Sb. v platném znění souhlasím se zveřejněním své rigorózní práce, a to v nezkrácené podobě elektronickou cestou ve veřejně přístupné části databáze STAG provozované Jihočeskou univerzitou v Českých Budějovicích na jejích internetových stránkách.

V Českých Budějovicích, 15.10.2009

Pavλίna Šorfová

This work was supported by Grants 206/04/0520 (Grant Agency of the Czech Republic), IAA601410708 (Grant Agency of ASCR) and MSM 60076605801 (Ministry of Education, Czech Republic).

An effect of 16S rRNA intergenic variability on coevolutionary analysis in symbiotic bacteria: Molecular phylogeny of *Arsenophonus triatominarum*

Pavλίna Šorfová^{a,b}, Andrea Škeříková^{a,b}, Václav Hypša^{a,b}

^zFaculty of Science, University of South Bohemia, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

^bInstitute of Parasitology AS CR, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

Systematic and Applied Microbiology, 31 (2008) 88 – 100

©2008 Elsevier GmbH. All rights reserved.

Abstract

The genes of ribosomal RNA are the most popular and frequently used markers for bacterial phylogeny and reconstruction of insect–symbiont coevolution. In primary symbionts, such as *Buchnera* and *Wigglesworthia*, genome economization leads to the establishment of a single copy of these sequences. In phylogenetic studies, they provide sufficient information and yield phylogenetic trees congruent with host evolution. In contrast, other symbiotic lineages (e.g., the genus *Arsenophonus*) carry a higher number of rRNA copies in their genomes, which may have serious consequences for phylogenetic inference. In this study, we show that in *Arsenophonus triatominarum* the degree of heterogeneity can affect reconstruction of phylogenetic relationships and mask possible coevolution between the symbiont and its host. Phylogenetic arrangement of individual rRNA copies was used, together with a calculation of their divergence time, to demonstrate that the incongruent 16S rDNA trees and low nucleotide diversity in the secondary symbiont could be reconciled with the coevolutionary scenario.

Keywords: Intragenomic heterogeneity; 16S rRNA; Coevolution; Insect symbionts; Molecular phylogeny

Vliv 16S rRNA intercistronické variability na koevoluční anlyzu symbiotických bakterií: Molekulární fylozeneze druhu *Arsenophonus triatominarum*

Pavína Šorfová^{a,b}, Andrea Škeříková^{a,b}, Václav Hypša^{a,b}

^aPřírodovědecká fakulta, Jihočeská Univerzity, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Česká republika

^bParazitologický ústav AVČR, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Česká republika

Abstrakt

Geny pro ribozomální RNA jsou populární a často používané genetické markery, zejména při studiu bakteriální fylogeneze a při rekonstrukci koevolučních vztahů mezi hmyzem a jejich symbionty. U primárních symbiontů, jako jsou *Buchnera* nebo *Wigglesworthia*, zeštíhlování genomu vedlo k zachování pouze jediné kopie těchto sekvencí. Co se týče fylogenetických studií, poskytují však dostatek informací pro vytvoření fylogenetických stromů, které korespondují s evolucí hostitele. Některé další symbiotické linie (např. rod *Arsenophonus*) si však ponechávají v genomu vyšší počet kopií pro rRNA, což může mít zásadní důsledky pro fylogenetické závěry. V naší studii poukazujeme na to, že u druhu *Arsenophonus triatominarum* může tato heterogenita ovlivnit rekonstrukci fylogenetických vztahů a zastřít tak možnou koevoluci mezi symbiontem a jeho hostitelem. Využili jsme fylogenetické uspořádání jednotlivých rRNA kopií společně s výpočtem času jejich divergence, abychom poukázali na to, že při rekonstrukci koevolučních vztahů by měla být brána v potaz malá nukleotidová diverzita sekundárních symbiontů a možnost vytvoření chybných 16S rDNA stromů z genů, které si vzájemně neodpovídají.

Klíčová slova: genomová heterogenita, 16S rRNA, koevoluce, symbióza hmyzu, molekulární fylogenetika

Práce byla publikována v časopise *Systematic and Applied Microbiology* pod názvem „An effect of 16S rRNA intergenic variability on coevolutionary analysis in symbiotic bacteria: Molecular phylogeny of *Arsenophonus triatominarum*“ v čísle **31 (2008) 88 – 100**.

IF (2008): 2,582