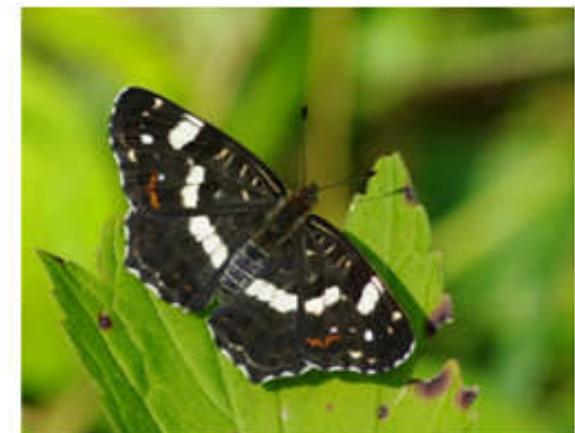


# Что нового можно узнать о насекомых, изучая эпигенетику?



Т.Д. Колесникова

ИМКБ СО РАН



НГУ (курс «Эпигенетические механизмы регуляции экспрессии генов»)

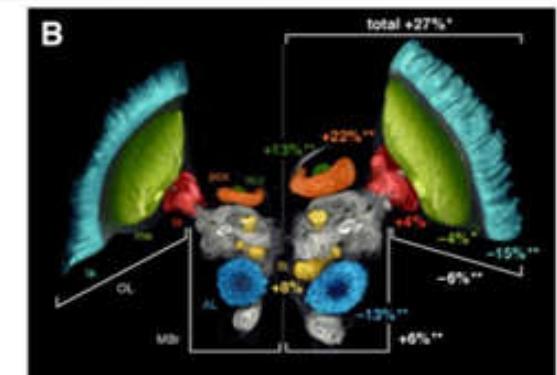




Figure 1. *Biston betularia* caterpillars on birch (left) and willow (right).  
doi:10.1371/journal.pone.0003142.g001

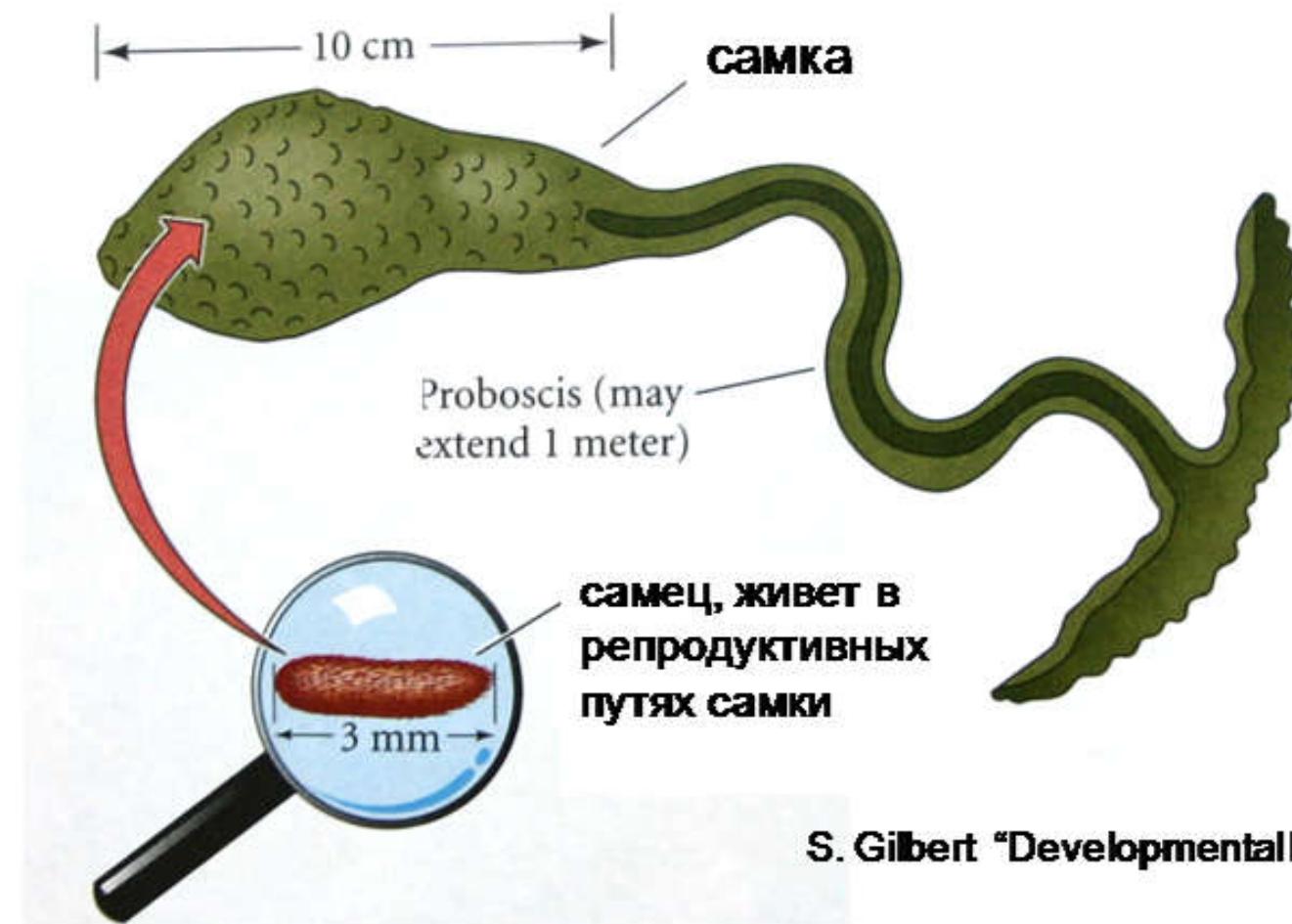
## Полифенизм у насекомых

- Полифенизм насекомых как уникальная эпигенетическая модель
- Что нового можно узнать о полифенизме насекомых, изучая эпигенетику



**Полифенизм** - способность одного и того же генотипа обеспечивать развитие двух или более дискретных фенотипов, причем выбор пути развития зависит от внешних условий.

### Определение пола у *Bonnelia*



S. Gilbert "Developmental biology"

**Способность к полифенизму – одна из  
важнейших причин эволюционного успеха  
насекомых.**

**Метаморфоз – распределение функций между стадиями: личинка питается и растет, имаго размножается и расселяется**

**Сезонные морфы – набор фенотипов, наиболее оптимально приспособленных к условиям сезона**



**solitarious**



**gregarious**



**Дискретные фенотипы, позволяющие приспособиться к различным условиям по количеству и типу пищи**

*Locusta migratoria*

**Дискретные фенотипы, связанные с различными поведенческими стратегиями**

*Reticulitermes speratus*



*Onthagophagus nigriventris*



**Касты эусоциальных насекомых – разделение труда между морфами**

# Какие признаки чаще всего варьируют?



Simpson et al., Polyphenism in insects. Curr Biol. 2011

- Различия по степени проявления морфологических признаков
- Варьирование длины крыльев (в том числе их полное отсутствие)
- Различия по фертильности или репродуктивной стратегии
- Различия по окраске тела или крыльев

# Какие признаки чаще всего варьируют?



Simpson et al., Polyphenism in insects.  
Curr Biol. 2011

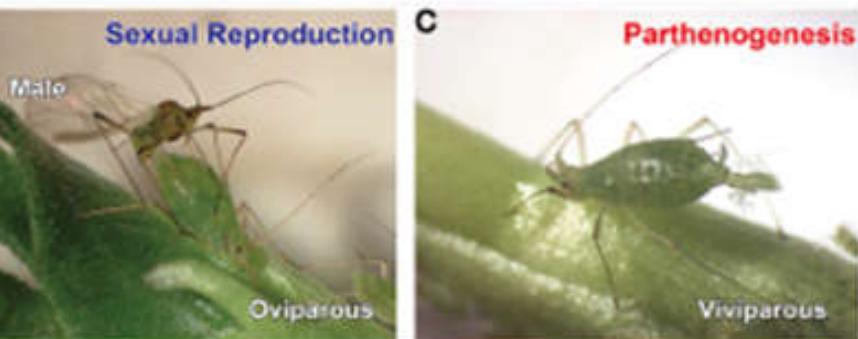


Xu et al., Nature. 2015 Mar 26;519(7544):464-7

- Различия по степени проявления морфологических признаков
- Варьирование длины крыльев (в том числе их полное отсутствие)
- Различия по фертильности или репродуктивной стратегии
- Различия по окраске тела или крыльев



Simpson et al., Polyphenism in insects.  
Curr Biol. 2011



Ogawa, Miura, Aphid polyphenisms: trans-generational developmental regulation through viviparity  
Front. Physiol., 24 January 2014

- Различия по степени проявления морфологических признаков
- Варьирование длины крыльев (в том числе их полное отсутствие)
- Различия по fertильности или репродуктивной стратегии
- Различия по окраске тела или крыльев



Wet-season (left) and dry-season (right) *Precis octavia* (fam. Nymphalidae) butterflies



Harlequin bugs, *Murgantia histrionica* (fam. Pentatomidae). Black and yellow individuals were reared at 22 and 30°C, respectively.

[Whitman, Agrawal](#). 2009. What is Phenotypic Plasticity and Why is it Important?

- Различия по степени проявления морфологических признаков
- Варьирование длины крыльев (в том числе их полное отсутствие)
- Различия по фертильности или репродуктивной стратегии
- Различия по окраске тела или крыльев

## 11 Endocrine Control of Insect Polyphenism

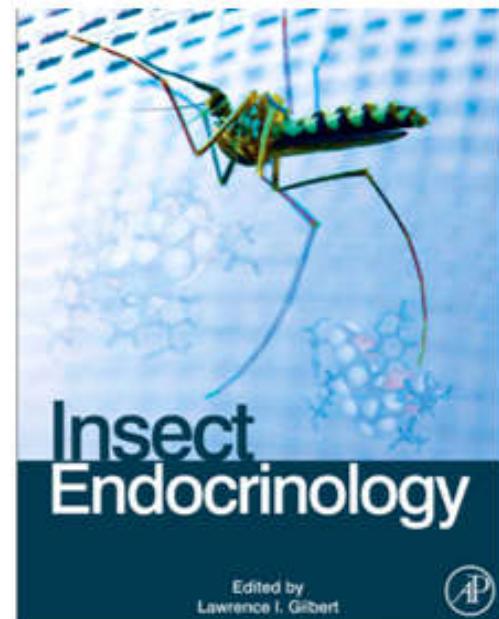
K. Hartfelder

Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto,  
São Paulo, Brazil

D.J. Emlen

University of Montana, Missoula, MT, USA

© 2012 Elsevier B.V. All Rights Reserved



- Варьирование длины крыльев (в том числе их полное отсутствие)
- Различия по фертильности или репродуктивной стратегии
- Различия по окраске тела или крыльев
- Различия по степени проявления морфологических признаков

Выбор фенотипа определяется внешними условиями

Главные участники управления выбором направления развития – гормоны

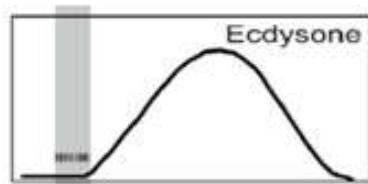
juvenile hormone  
ecdysteroids  
insulin-signaling pathway

**Множество видов бабочек имеют сезонные морфы, различающиеся по цвету (темная-светлая окраска) и рисунку на крыльях**

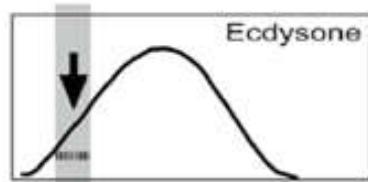
**В основе вариаций лежит чувствительность к температуре и фотопериоду на стадии личинки**

***Junonia (Precis) coenia***

(a) Short days, Cool temperatures

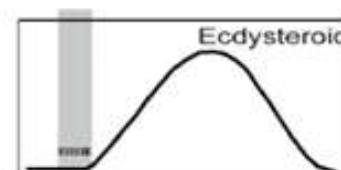


(b) Long days, Warm temperatures

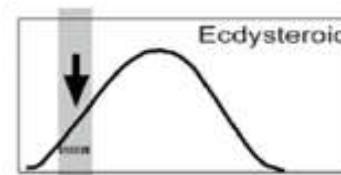


***Bicyclus anynana***

(a) Dry Season, Cool temperatures



(b) Wet Season, Warm temperatures

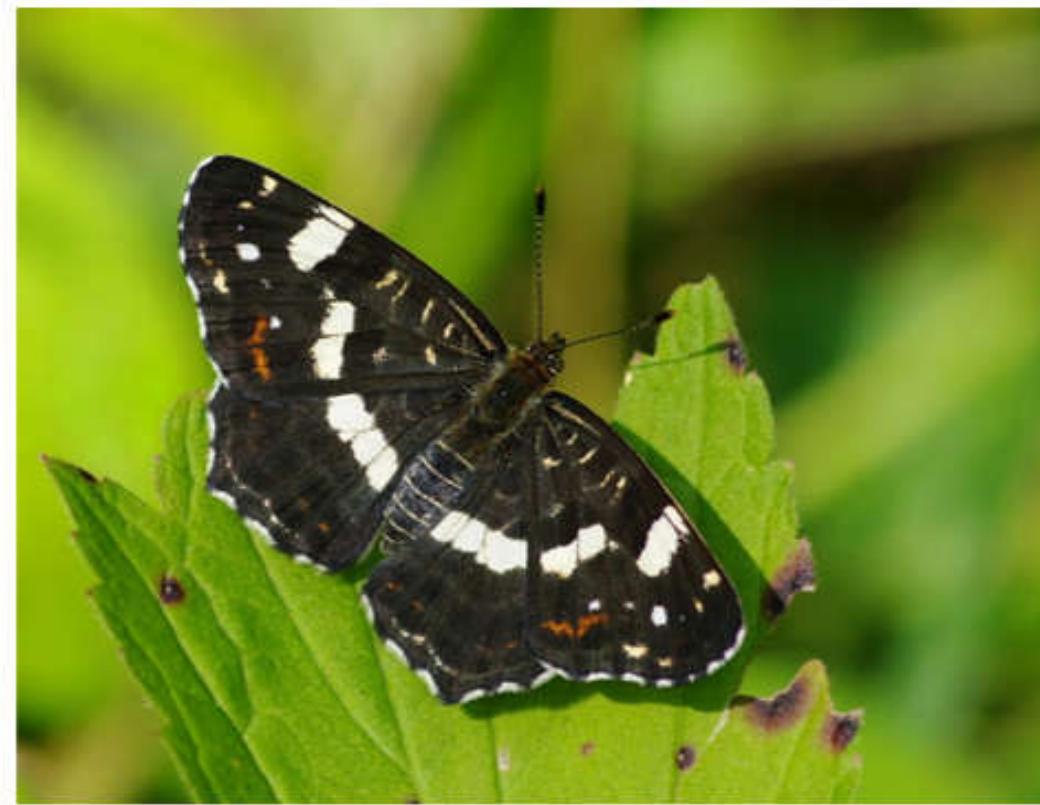


## **Сезонная изменчивость окраски крыльев у *Araschnia levana***

### **Пестрокрыльница изменчивая**



**Весенне поколение**



**Летнее поколение**

# Полифенизм – частный случай фенотипической пластичности

Дискретность фенотипов может быть связана с развитием в дискретных условиях

## Development and evolution of adaptive polyphenisms

H. Frederik NiJhout

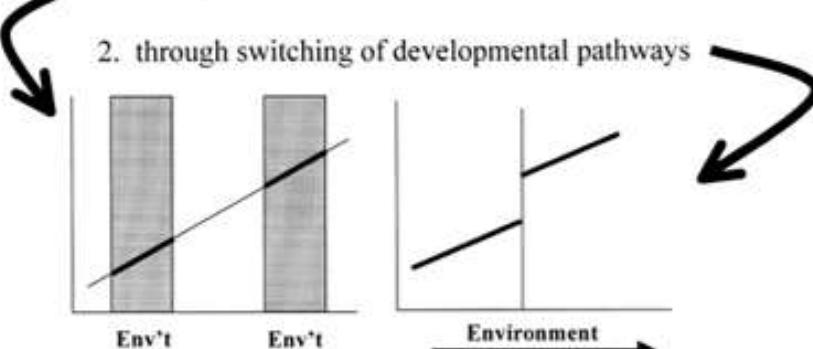
Department of Biology, Duke University, Durham, NC 27708, USA

Correspondence (e-mail: hfn@duke.edu)

EVOLUTION & DEVELOPMENT 2003

Polyphenisms come about in two very different ways:

1. through environmental discontinuity
2. through switching of developmental pathways



Фенотипическая пластичность у пестрокрыльницы изменчивой *Araschnia levana*. При создании промежуточных условий или при помощи инъекций экдизона можно получить промежуточные фенотипы.

## A Reversible Color Polyphenism in American Peppered Moth (*Biston betularia cognataria*) Caterpillars

Mohamed A. F. Noor\*, Robin S. Parnell, Bruce S. Grant

Biology Department, College of William & Mary in Virginia, Williamsburg, Virginia, United States of America

### Abstract

Insect body color polyphenisms enhance survival by producing crypsis in diverse backgrounds. While color polyphenisms are often indirectly induced by temperature, rearing density, or diet, insects can benefit from immediate crypsis if they evolve polyphenisms directly induced by exposure to the background color, hence immediately deriving protection from predation. Here, we examine such a directly induced color polyphenism in caterpillars of the geometrid peppered moth (*Biston betularia*). This larval color polyphenism is unrelated to the genetic polymorphism for melanic phenotypes in adult moths. *B. betularia* caterpillars are generalist feeders and develop body colors that closely match the brown or green twigs of their host plant. We expand on previous studies examining the proximal cues that stimulate color development. Under controlled rearing conditions, we manipulated diets and background reflectance, using both natural and artificial twigs, and show that visual experience has a much stronger effect than does diet in promoting precise color matching. Their induced body color was not a simple response to reflectance or light intensity but instead specifically matched the wavelength of light to which they were exposed. We also show that the potential to change color is retained until the final (sixth) larval instar. Given their broad host range, this directly induced color polyphenism likely provides the caterpillars with strong protection from bird predation.



Figure 1. *Biston betularia* caterpillars on birch (left) and willow (right).  
doi:10.1371/journal.pone.0003142.g001

**visual experience has a much stronger effect than does diet in promoting precise color matching**

**specifically matched the wavelength of light to which they were exposed.**

**the potential to change color is retained until the final (sixth) larval instar.**

**Выбор фенотипа определяется  
количеством и типом пищи**

## Две морфы у *Nemoria agizonaria*



**Весенняя морфа**  
развивается по умолчанию

→  
**танин в  
листьях?**



**Летняя морфа**



A Diet-Induced Developmental Polymorphism in a Caterpillar  
Author(s): Erick Greene  
Source: Science, New Series, Vol. 243, No. 4891 (Feb. 3, 1989), pp. 643-646

S. Gilbert "Developmental biology"

# Nutrition strongly influences insect body size

**Инсулиновый каскад — древняя сигнальная система, которая у многих животных, включая насекомых и млекопитающих, отвечает за адаптацию организма к колебаниям количества доступной пищи.**

**insulin/insulin-like growth factor (IIS) каскад  
Target of Rapamycin (TOR) signaling каскад**

**IIS/TOR каскад влияют на размеры и форму тела, регулируя продукцию гормонов (ecdysone, juvenile hormone) и непосредственно управляем ростом и делением клеток.**

frontiers in  
**PHYSIOLOGY**

REVIEW ARTICLE  
published: 26 September 2013  
doi: 10.3389/fphys.2013.00263



Mechanisms regulating nutrition-dependent developmental plasticity through organ-specific effects in insects

Takashi Koyama, Cláudia C. Mendes and Christen K. Mirth \*

Development, Evolution and the Environment Laboratory, Instituto Gulbenkian de Ciéncia, Oeiras, Portugal

## IIS/TOR каскад может влиять на рост и развитие разных органов непропорционально

### *Onthophagus taurus*

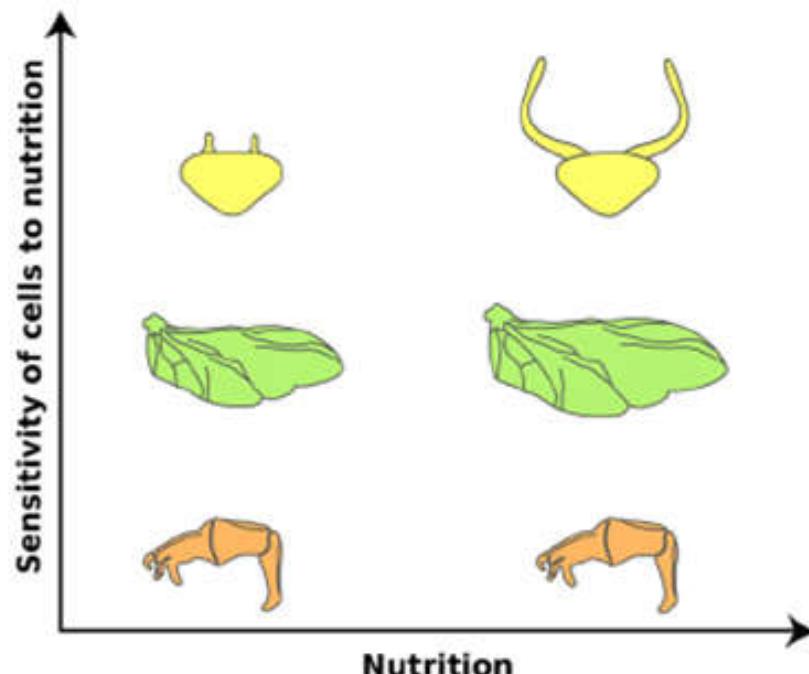
Размер крыльев пропорционален размеру тела

Размер гениталий почти не зависит от размера тела (достигается постоянным поддержанием высокого уровня активности IIS/TOR каскада независимо от внешних условий)

Крупные самцы имеют непропорционально большие рога (достигается повышенной чувствительностью зачатков органа к компонентам IIS/TOR каскада, пороговым эффектом)



*Onthophagus taurus*



## Пороговый эффект – дискретность фенотипов

frontiers in  
**PHYSIOLOGY**

REVIEW ARTICLE  
published: 26 September 2013  
doi: 10.3389/fphys.2013.00263

Mechanisms regulating nutrition-dependent developmental plasticity through organ-specific effects in insects

Takashi Koyama, Cláudia C. Mendes and Christen K. Mirth \*

Development, Evolution and the Environment Laboratory, Instituto Gulbenkian de Ciéncia, Oeiras, Portugal

## Длина крыльев у рисовой цикадки регулируется инсулиновым сигнальным каскадом



Короткокрылая и  
длиннокрылая мигрирующая  
формы бурой рисовой  
цикадки *Nilaparvata lugens*.

на вероятность развития  
длиннокрылых и  
короткокрылых форм влияет  
плотность популяции и  
качество пищи.

[Two insulin receptors determine alternative wing morphs in planthoppers.](#)

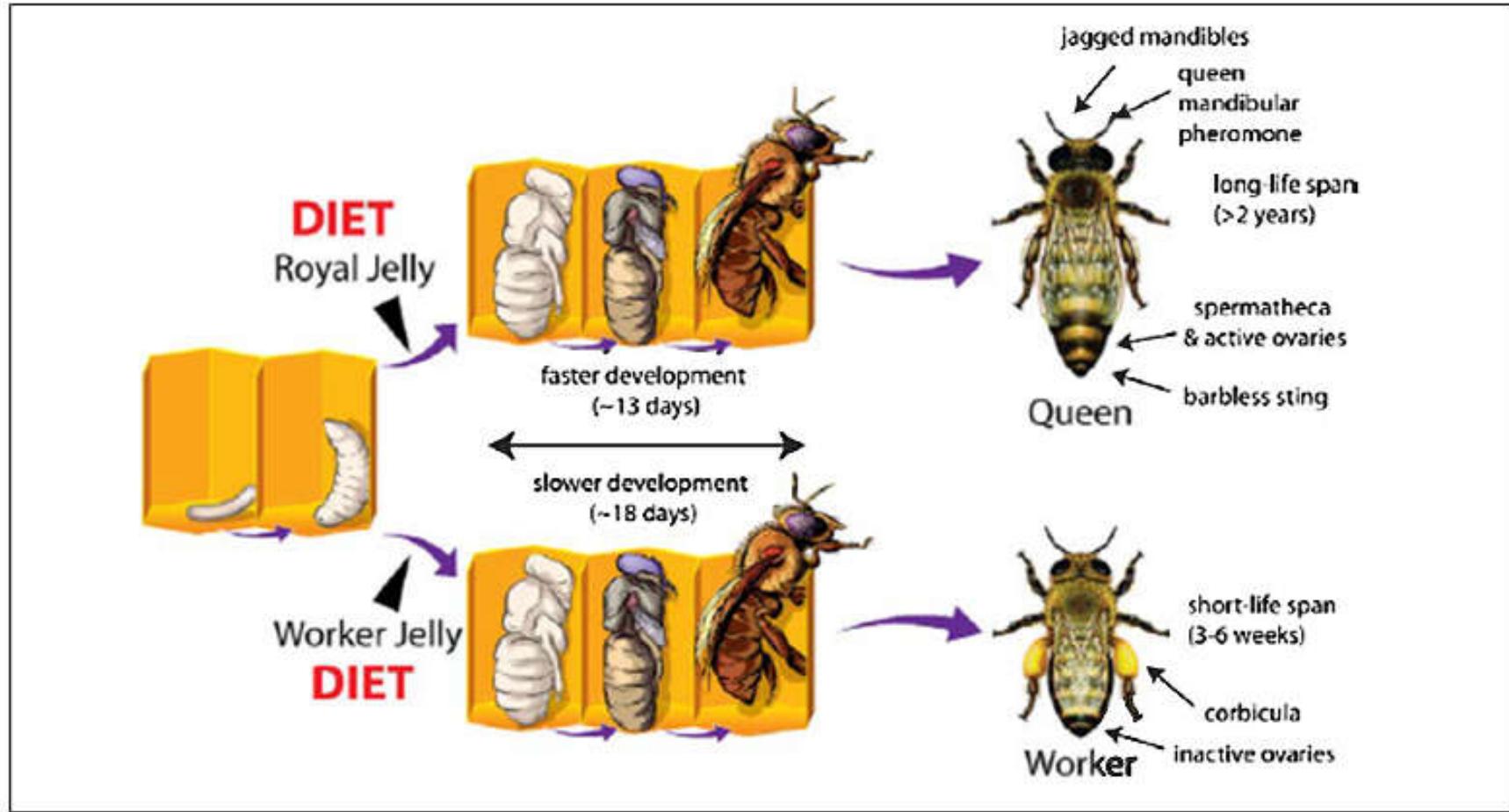
Xu et al., Nature. 2015 Mar 26;519(7544):464-7

[Insulin receptors and wing dimorphism in rice planthoppers.](#)

Xu HJ, Zhang CX. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 2017 Feb 5;372(1713). pii: 20150489. Review.

[http://elementy.ru/novosti\\_nauki/432441/Novoe\\_primenenie\\_dlya\\_drevney\\_Regulyatornoy\\_sistemy\\_dlina\\_krylev\\_u\\_risovoy\\_tsikadki\\_reguletsya\\_insulinnym\\_signalnym\\_kaskadom](http://elementy.ru/novosti_nauki/432441/Novoe_primenenie_dlya_drevney_Regulyatornoy_sistemy_dlina_krylev_u_risovoy_tsikadki_reguletsya_insulinnym_signalnym_kaskadom)

## Медоносная пчела



*Nutrients* 2015, 7, 1787–1797; doi:10.3390/nu7031787

OPEN ACCESS

*nutrients*

ISSN 2072-6643

[www.mdpi.com/journal/nutrients](http://www.mdpi.com/journal/nutrients)

Review

What Do Studies of Insect Polyphenisms Tell Us  
about Nutritionally-Triggered Epigenomic Changes  
and Their Consequences?

Andrew G. Cridge <sup>1</sup>, Megan P. Leask <sup>1</sup>, Elizabeth J. Duncan <sup>1</sup> and Peter K. Dearden <sup>2</sup>

## Маточное молочко



Ювенильный  
гормон



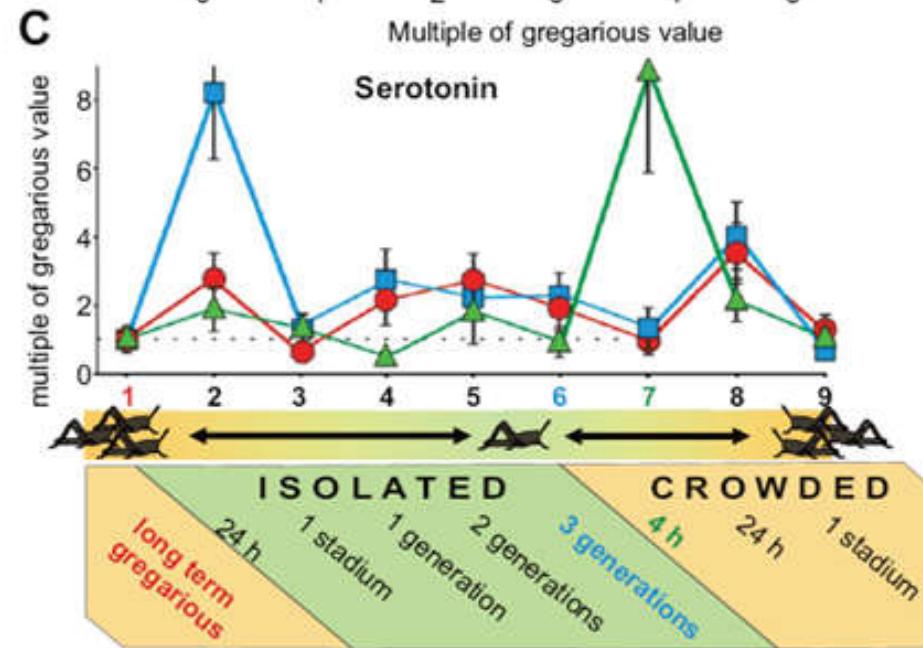
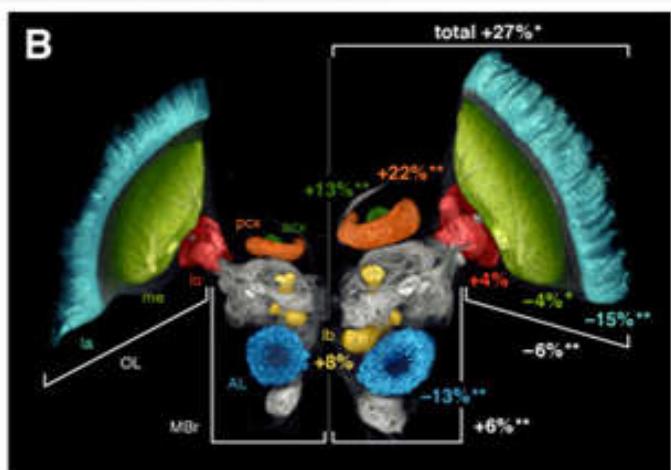
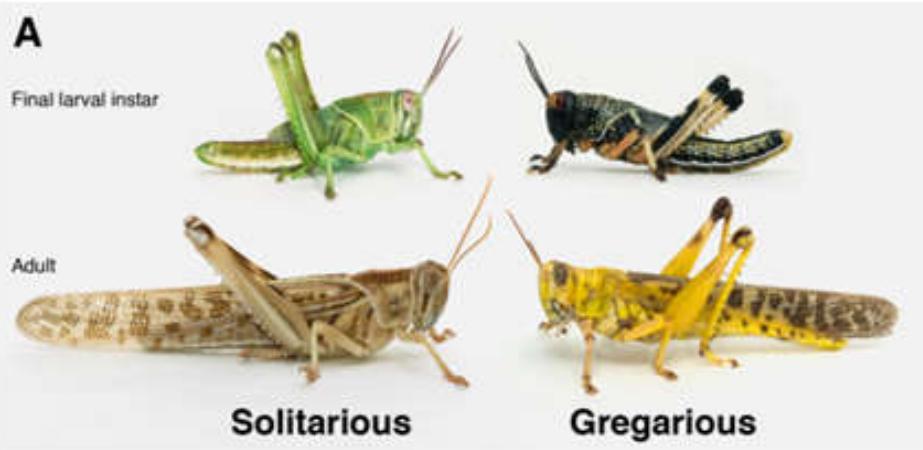
Инсулиновый  
каскад

# **Фазовая изменчивость у саранчи**

Впервые на это явление у саранчовых, в частности у азиатской саранчи, обратил внимание в 1911 г. Б.П. Уваров.

**migratory locust (*Locusta migratoria*)  
desert locust (*Schistocerca gregaria*)**

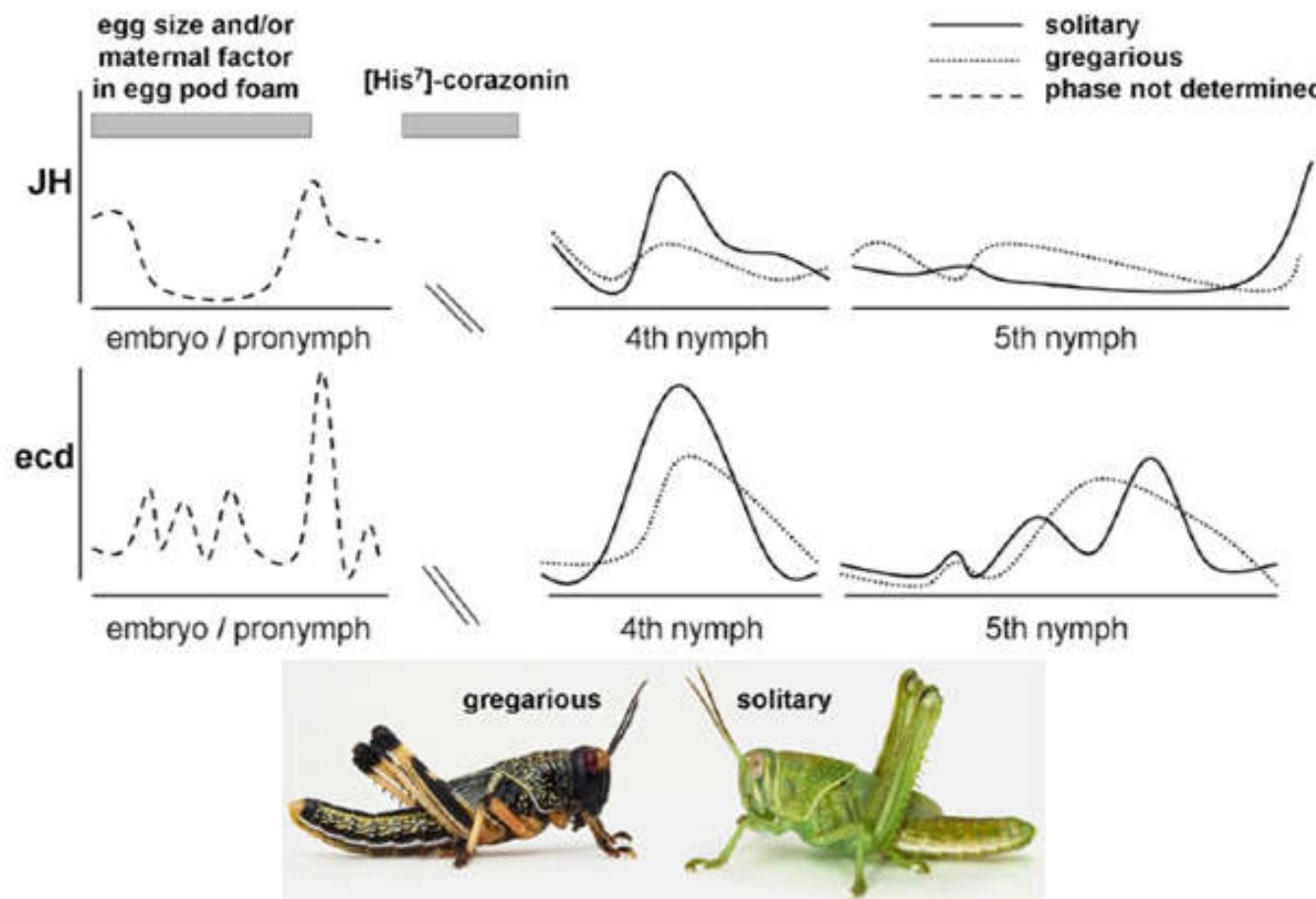
# Выбор фенотипа определяется плотностью скопления особей



Переход от одной фазы к другой можно запустить:

- Тactильными контактами
- Визуальными стимулами
- Химическими веществами (гормоны, alkylated L-DOPA analogue from egg foam, ...)

Juvenile hormone and ecdysteroid titers during embryonic and post-embryonic development of solitary and gregarious morphs of migratory locusts (*Locusta migratoria* and *Schistocerca gregaria*).



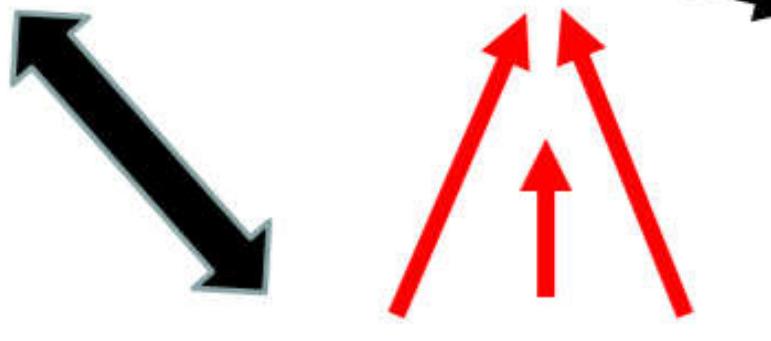
*S. gregaria*

**Генотип**

**Программа развития**

**Фенотип 1**

**Фенотип 2**



**ЦНС, гормоны**



**среда**

**Гормоны – кратковременно действующие факторы!**

**Как кратковременно действующие факторы приводят к формированию стабильных дискретных фенотипов?**

**Генотип**

**Программа развития**

**Фенотип 1**

**Фенотип 2**

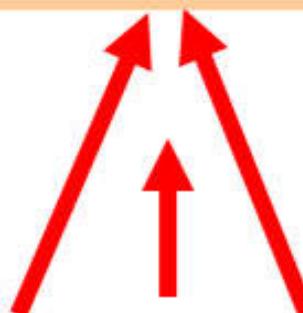


**Тканеспецифические рецепторы к гормонам**

**Тканеспецифические сигнальные каскады**

**Регуляция клеточного цикла, деление клеток, рост клеток**

**РЕГУЛЯЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ!**



**ЦНС, гормоны**



**среда**

**И тут на сцену выходит эпигенетика!**

Основная догма молекулярной биологии:

ДНК → РНК → БЕЛОК

## Основная догма молекулярной биологии:

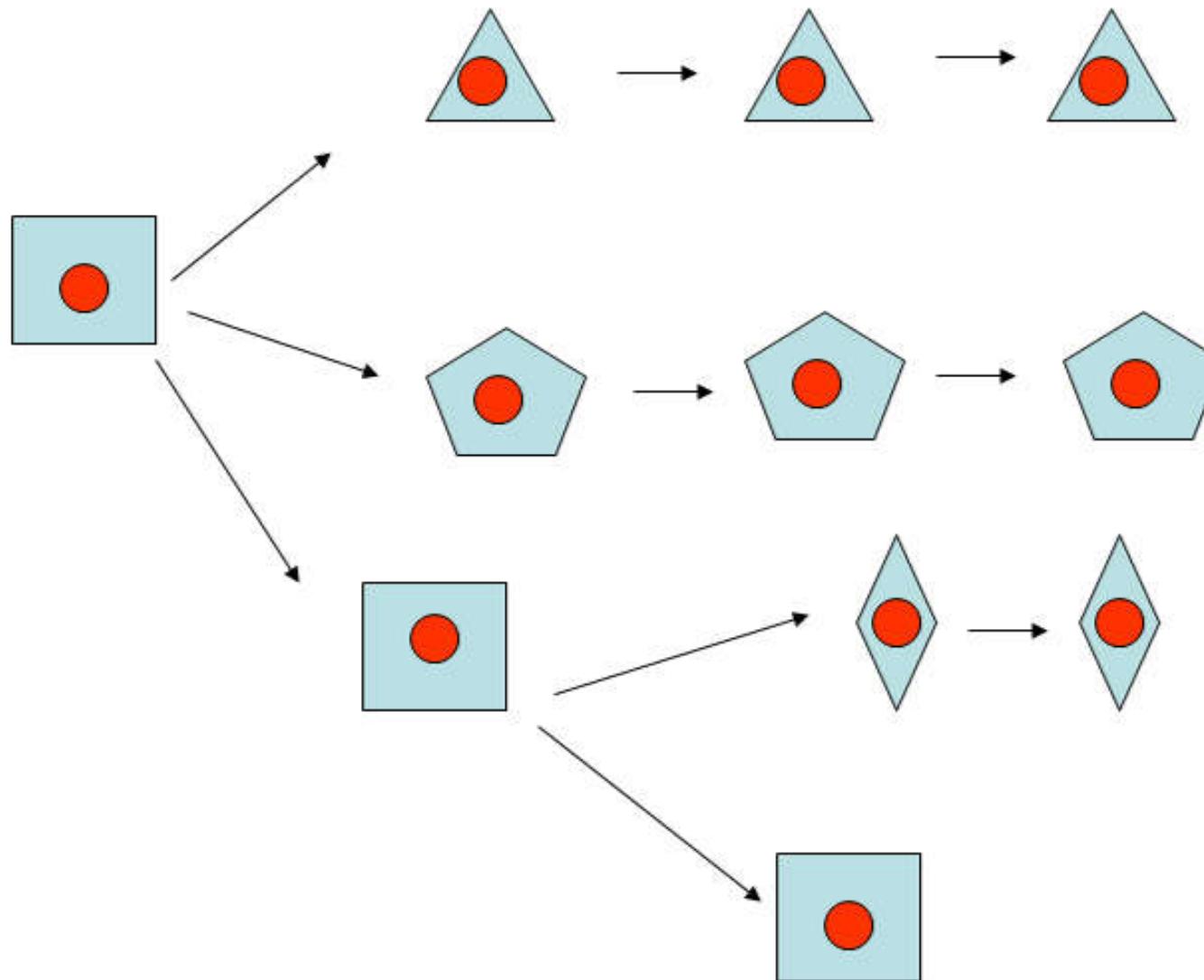


ДНК ответственна за хранение, передачу и реализацию  
наследственной информации

**То есть, в ДНК закодирована вся наследственная информация?**

# Однаковый генотип – разные клеточные фенотипы

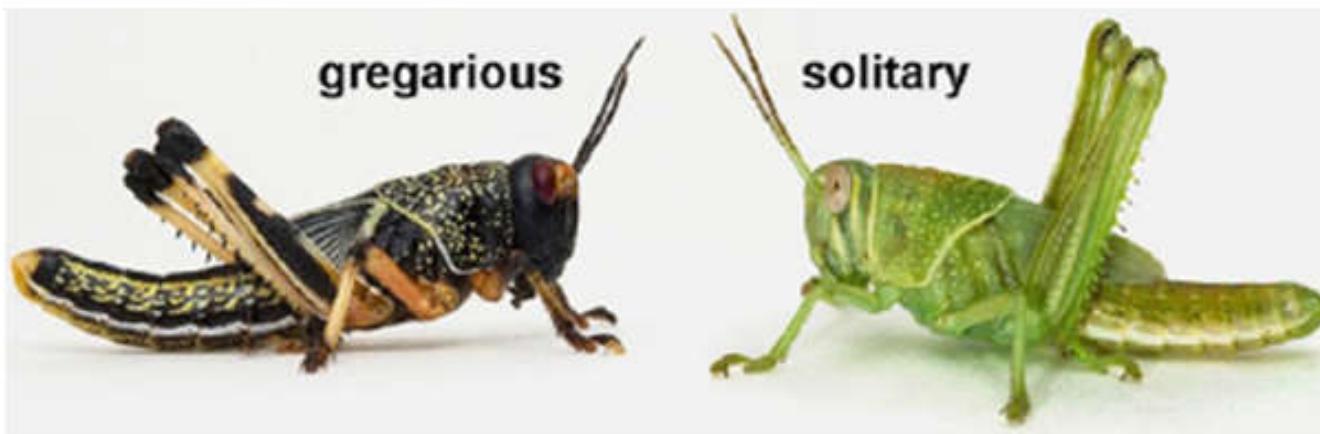
**Клеточный фенотип может эпигенетически наследоваться**



## Одинаковый генотип – разные фенотипы

**Наследование фенотипа через поколение на уровне организма**

*Schistocerca gregaria*



# Что такое ЭПИГЕНЕТИКА?

**В более общем смысле предметом эпигенетики являются явления, связанные с развитием различных фенотипов клеток или организмов на основе одного генотипа**

**В более узком смысле эпигенетика – раздел генетики, который изучает наследуемые изменения активности генов во время развития организма или деления клеток.**

**Эпигенетическое наследование – наследование паттерна экспрессии генов**

(архитектуры ядра, центромеры, времени репликации...)

**Множество явлений, объединяемых по сходству молекулярных механизмов**



### «Память» на разных уровнях

- |                                        |                                                 |
|----------------------------------------|-------------------------------------------------|
| <b>Клеточный уровень</b>               | наследование состояния дифференцировки          |
| <b>Внутриклеточный уровень</b>         | наследование центромеры, архитектуры ядра и др. |
| <b>Организменный уровень</b>           | наследование особенностей метаболизма, память   |
| <b>Трансгенерационное наследование</b> |                                                 |



### «Память» на разных уровнях

Клеточный уровень

Внутриклеточный уровень

Организменный уровень

Трансгенерационное наследование

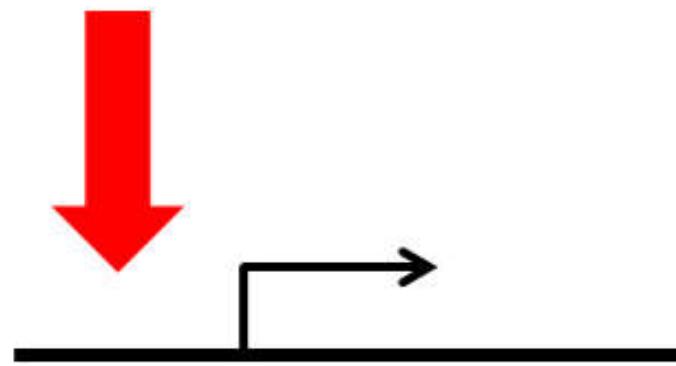
Эпигенетические  
механизмы регуляции  
экспрессии генов!

**Как записана информация о дифференциальной экспрессии генов?**

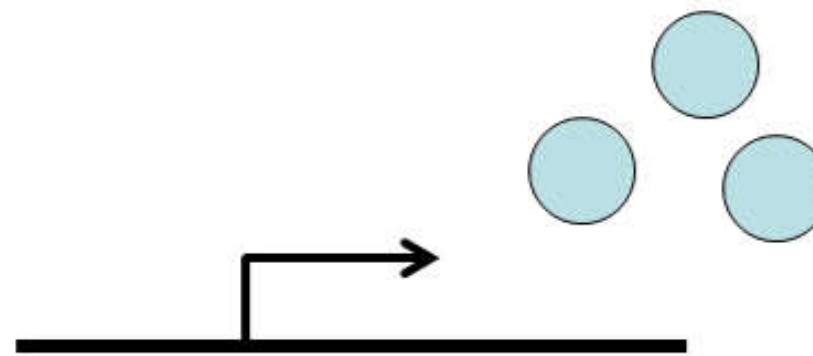
## Как записана информация о дифференциальной экспрессии генов?

- - В ДНК закодированы белки – регуляторы, узнающие метки, записанные в последовательности ДНК, модификациях структуры хроматина
- - Метки в последовательности ДНК для узнавания специфическими факторами транскрипции и др. белками, метки для позиционирования нуклеосом

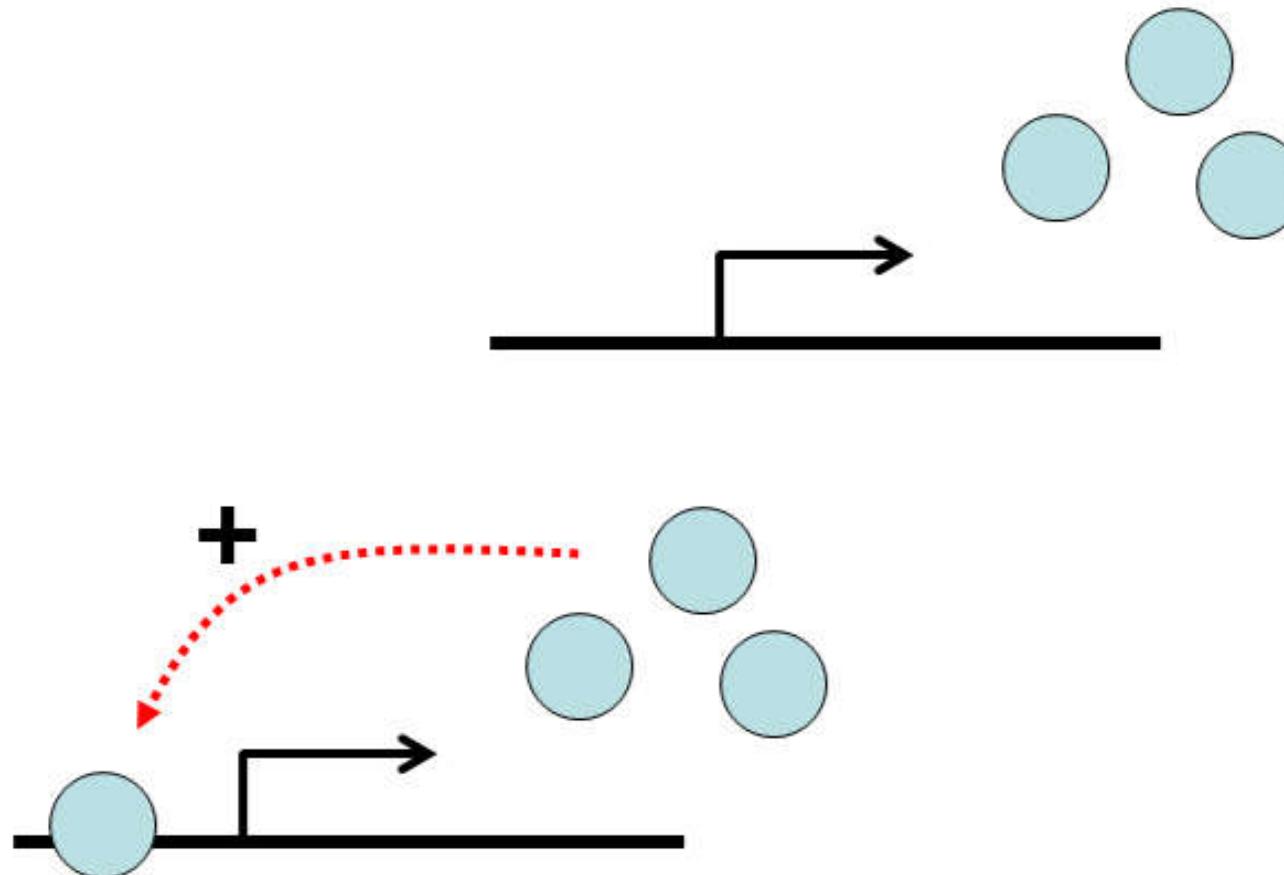
**Петля положительной обратной связи позволяет поддерживать ген в активном состоянии**



**Петля положительной обратной связи позволяет поддерживать ген в активном состоянии**

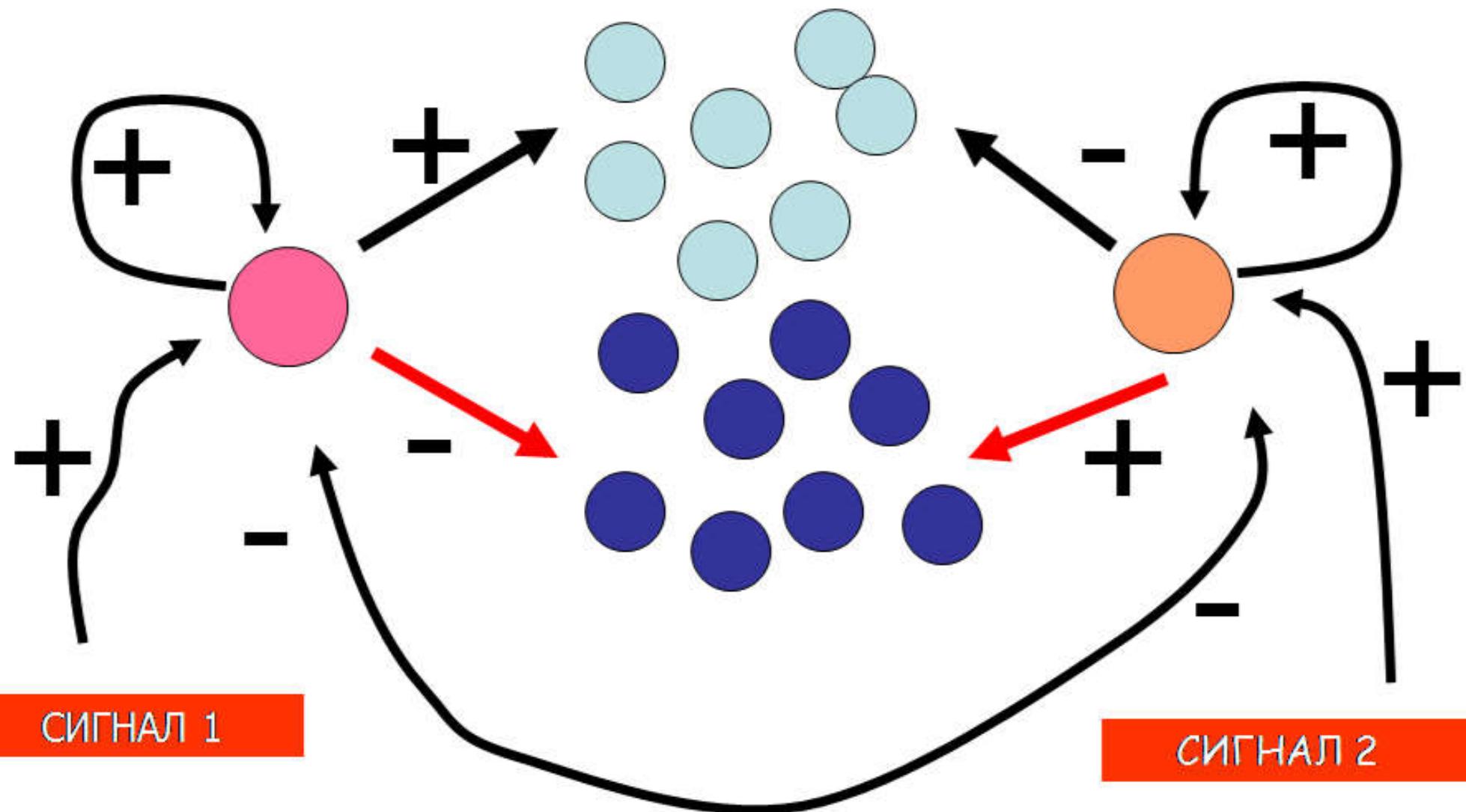


**Петля положительной обратной связи позволяет поддерживать ген в активном состоянии**



**Положительная обратная связь**

## Генные сети. Контуры + и – обратных связей

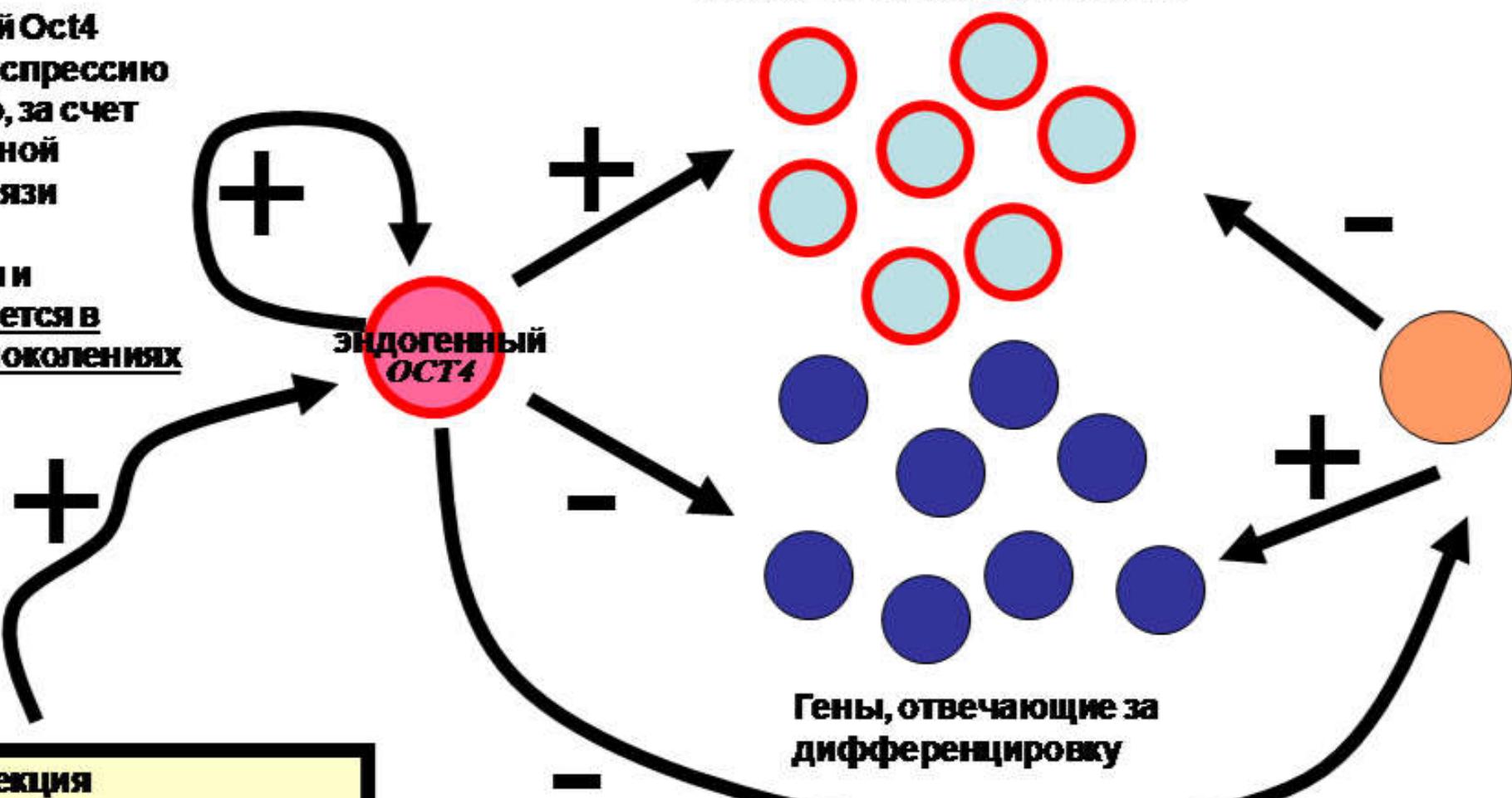


**Два дискретных устойчивых состояния системы!**

# Экспериментальное перпрограммирование соматической клетки в стволовую

Трансгенный Oct4 запускает экспрессию эндогенного, за счет положительной обратной связи экспрессия усиливается и поддерживается в клеточных поколениях

Гены, препятствующие дифференцировке, поддерживающие состояние стволовой клетки

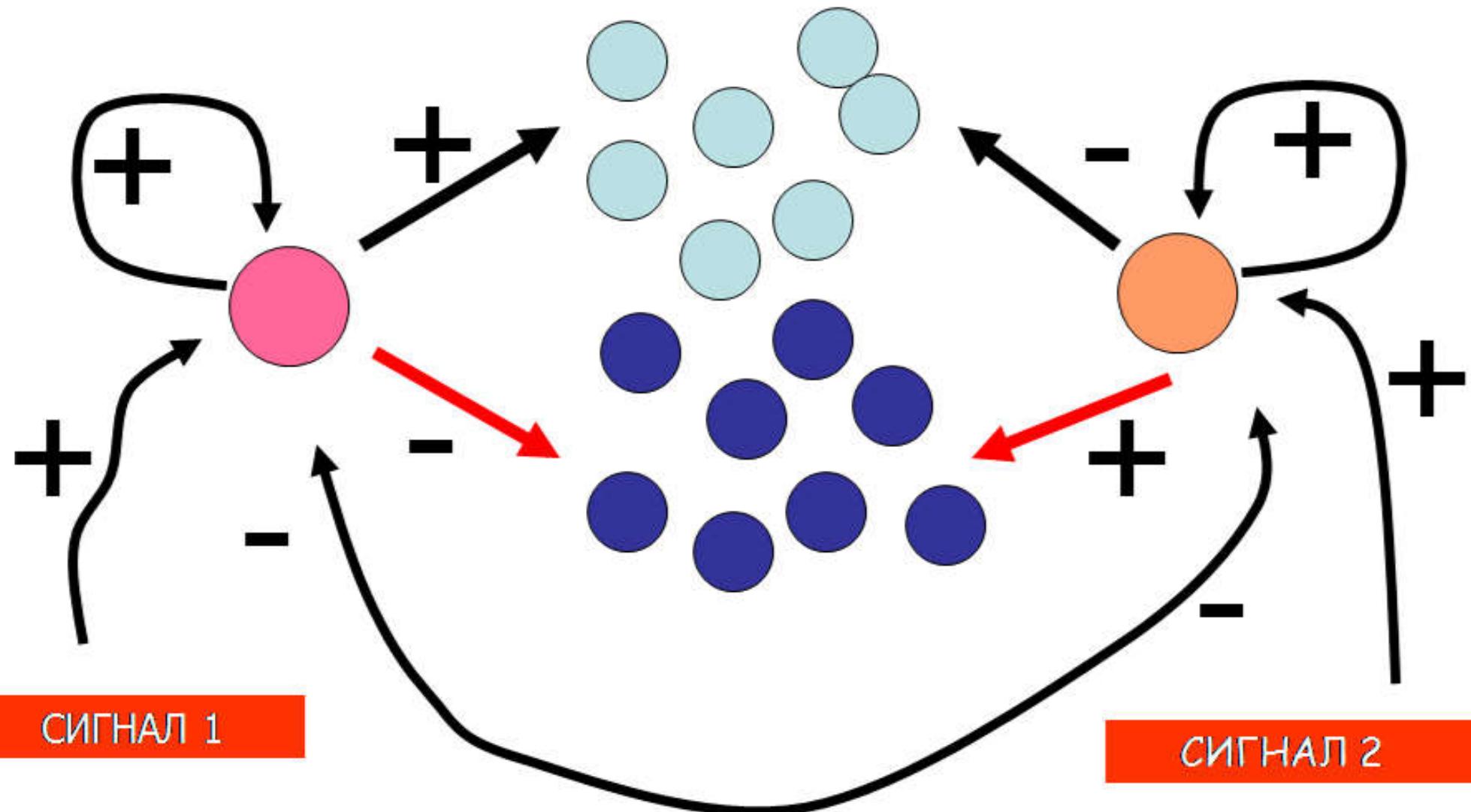


Трансфекция ретровирусами, несущими несколько трансгенов, в т.ч. Oct4, работающий постоянно

По: Takahashi, K. & Yamanaka, S. *Cell* (2006)  
Wernig, M. et al. *Nature* (2007)

(Схема значительно упрощена)

## Генные сети. Контуры + и – обратных связей



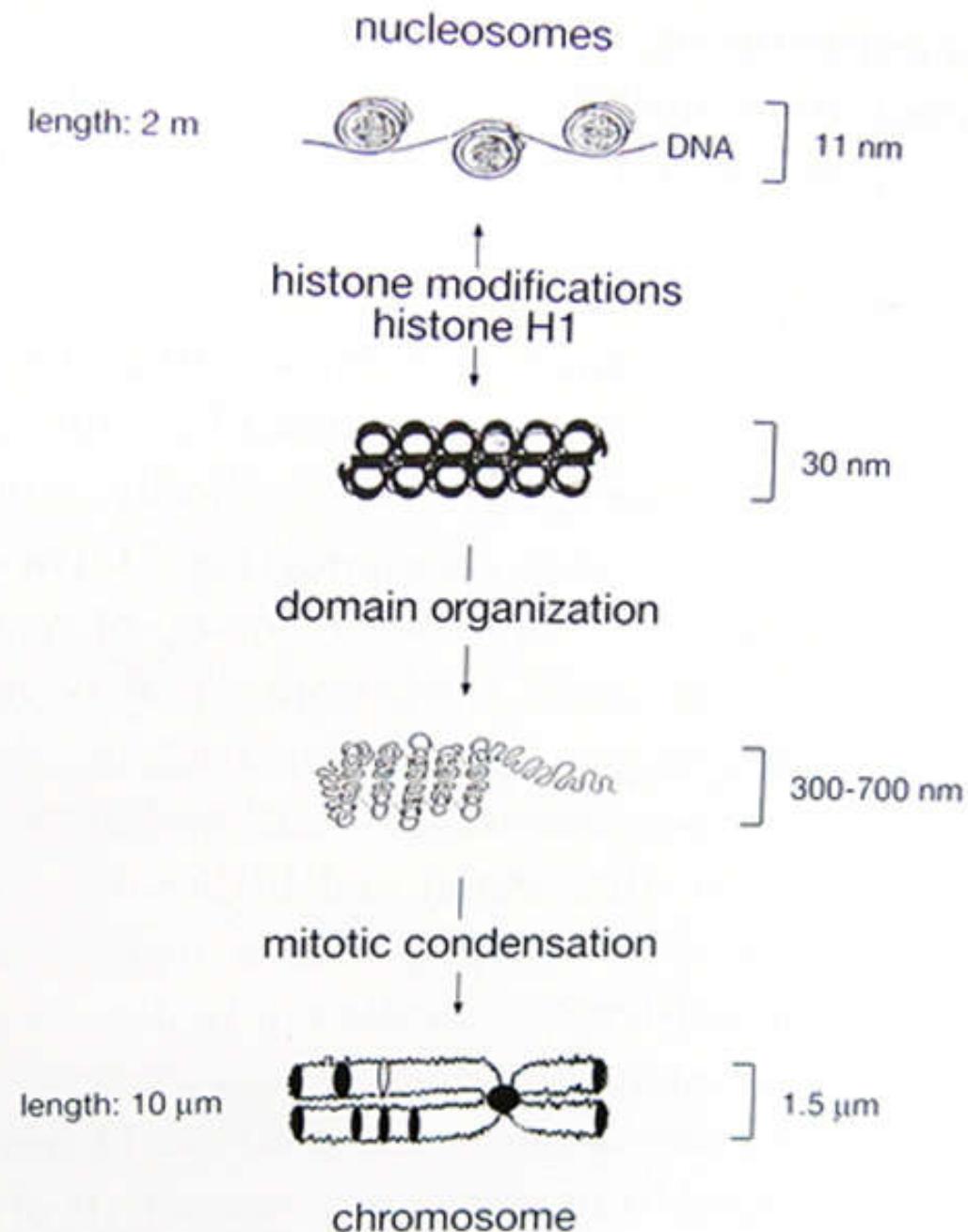
Сигнал внутренний  
Сигнал внешний!

## Как записана информация о дифференциальной экспрессии генов?

У эукариот уровень экспрессии гена в значительной степени определяется состоянием хроматина.

Состояние хроматина может наследоваться в клеточных поколениях

# Уровни организации хроматина



# Компоненты хроматина, участвующие в регуляции экспрессии генов

*( которые принято связывать с эпигенетикой )*

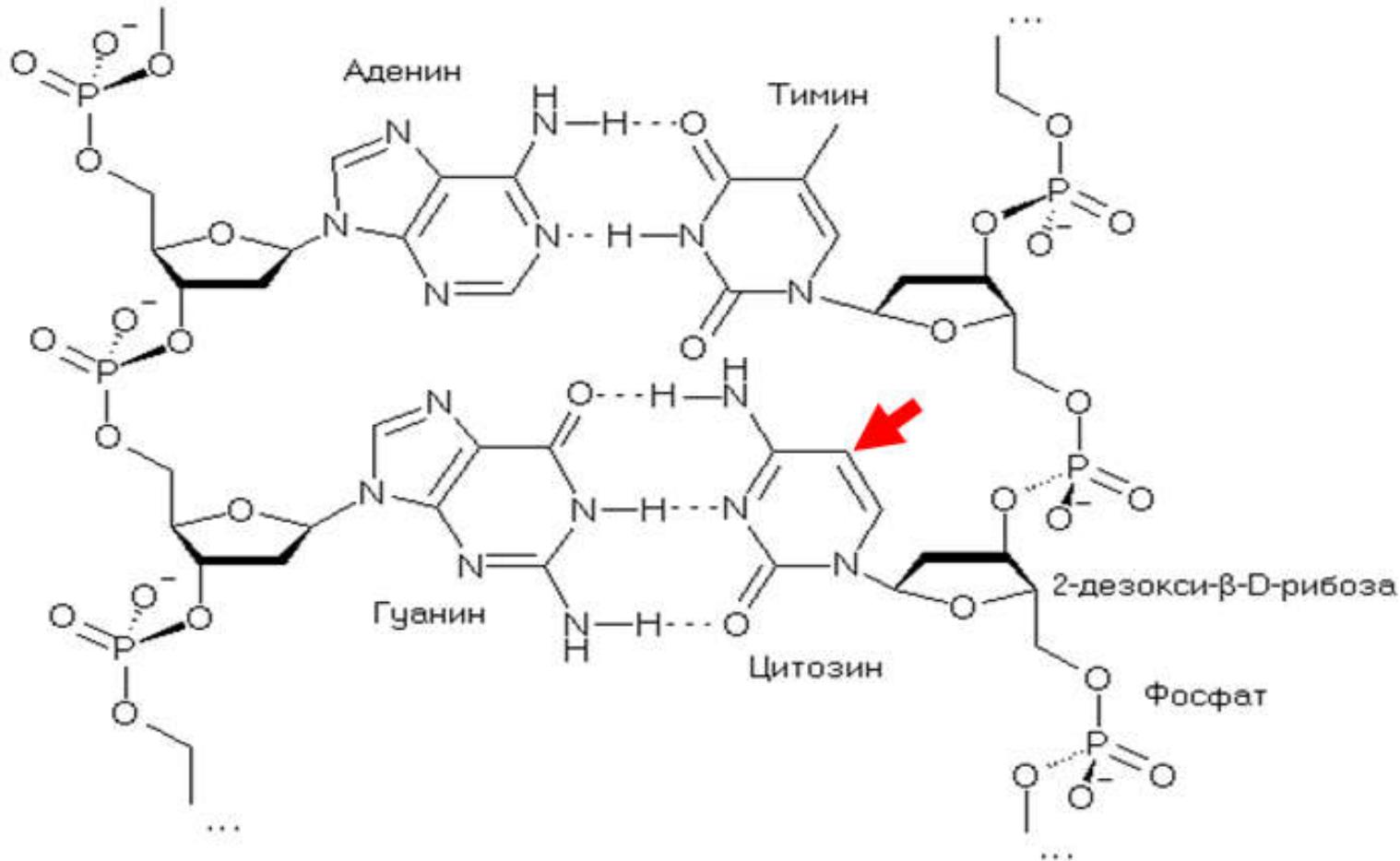
- Метилирование ДНК
- Ковалентные модификации гистонов
- Варианты гистонов

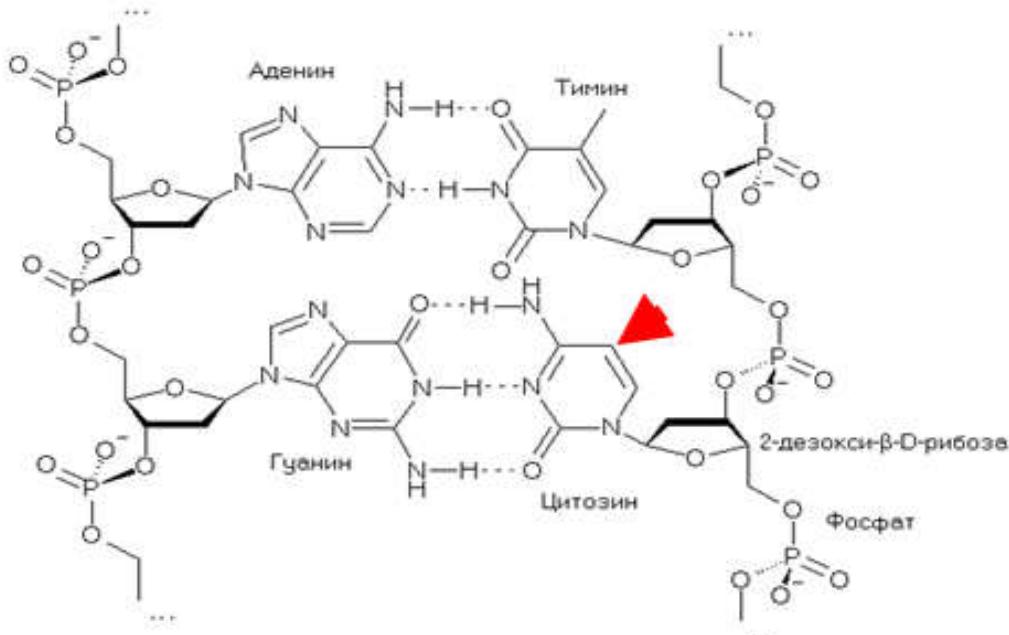
**МОГУТ НАСЛЕДОВАТЬСЯ ПРИ РЕПЛИКАЦИИ ДНК И МИТОЗЕ!**

- Некодирующие РНК

Малые некодирующие РНК (siRNA, miRNA, piRNA)  
Длинные некодирующие РНК (lncDNA)

# Метилирование ДНК





- Управление экспрессией генов
- Управление альтернативным спlicingом
- Может частично передаваться в следующие поколения
- Может использоваться для направленного программирования молчащего состояния генов в следующее поколение (геномный импринтинг)
- Консервативная система, но множество вариаций

*D. melanogaster* – DNMT1 и DNMT3 отсутствуют

Шелкопряд, хрущ *Tribolium castaneum* DNMT3 отсутствует

У эусоциальных насекомых и у саранчи присутствует обе ДНК-метилтрансферазы

# Структура нуклеосомы

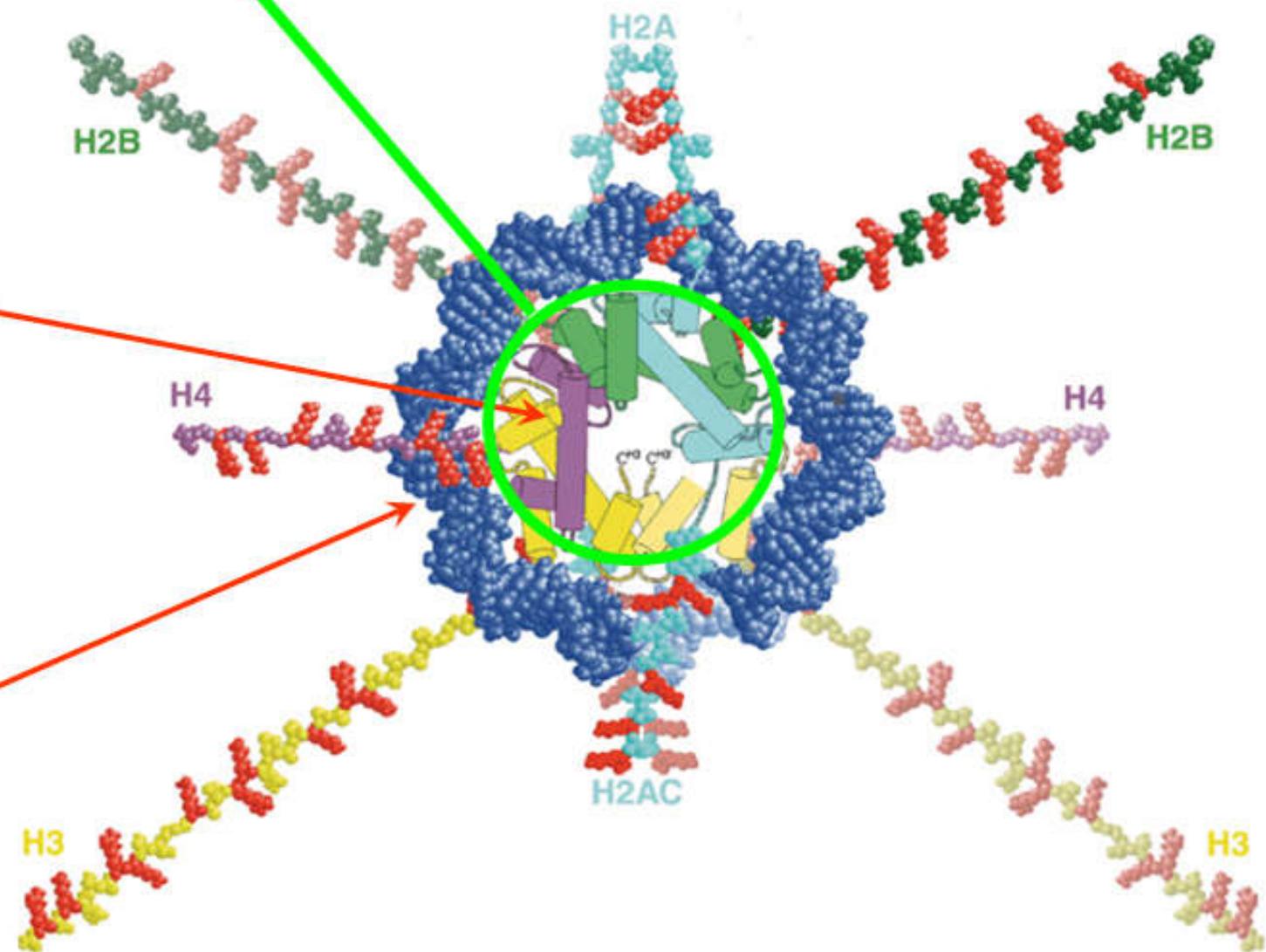
Нуклеосомный корп

Гистоновый  
октамер

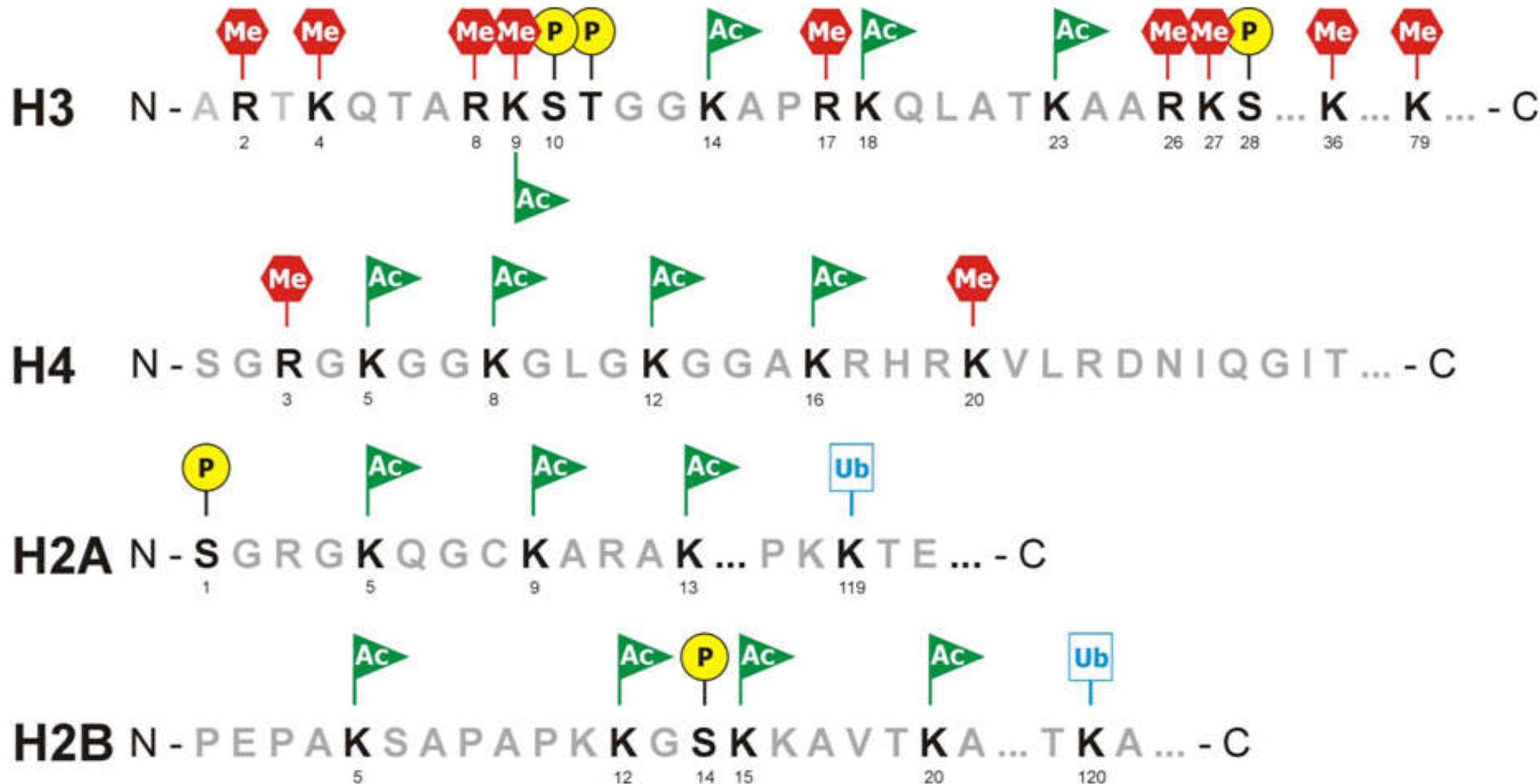
2 x (H2A+H2B)  
2 x (H3+H4)

ДНК

146 п.н.

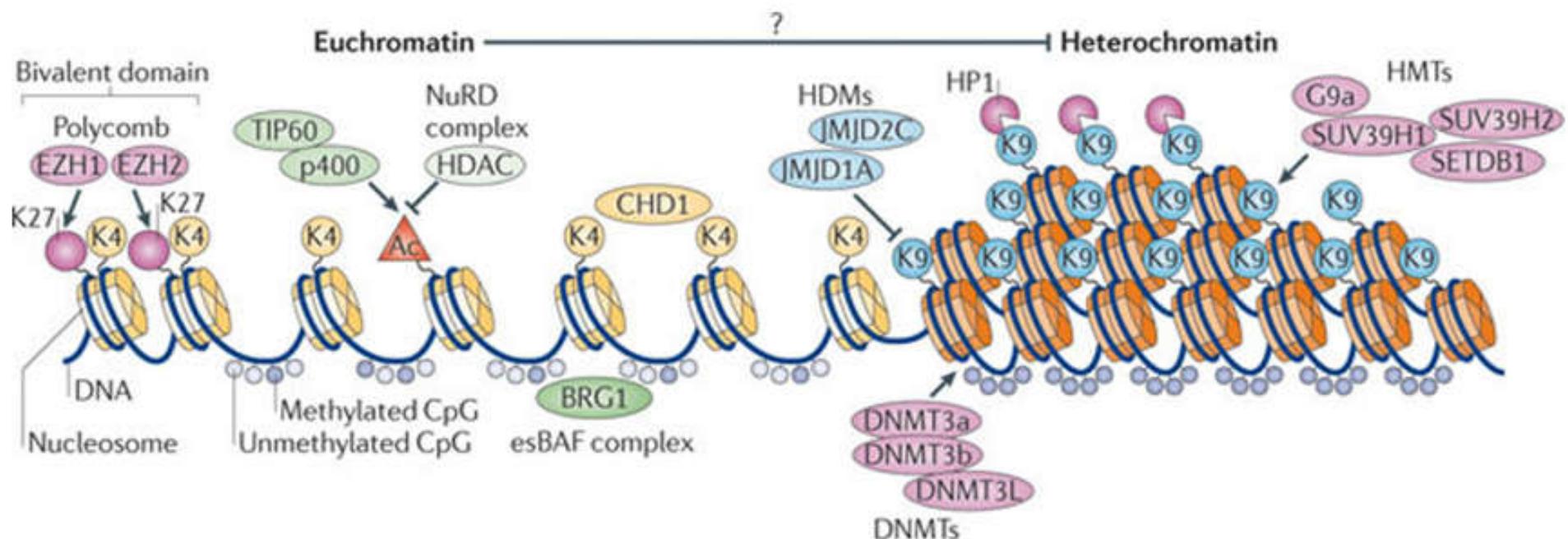
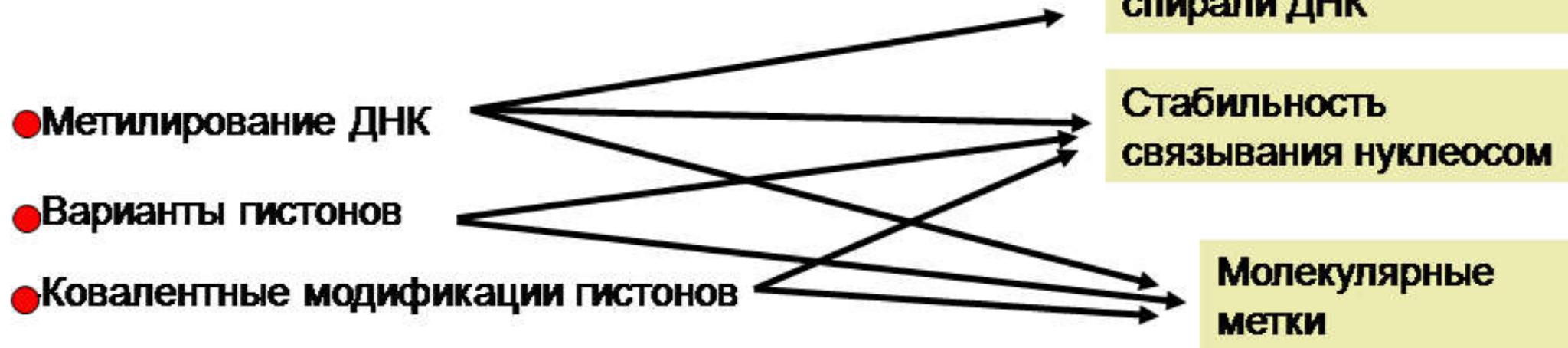


# Пост-трансляционные модификации гистонов



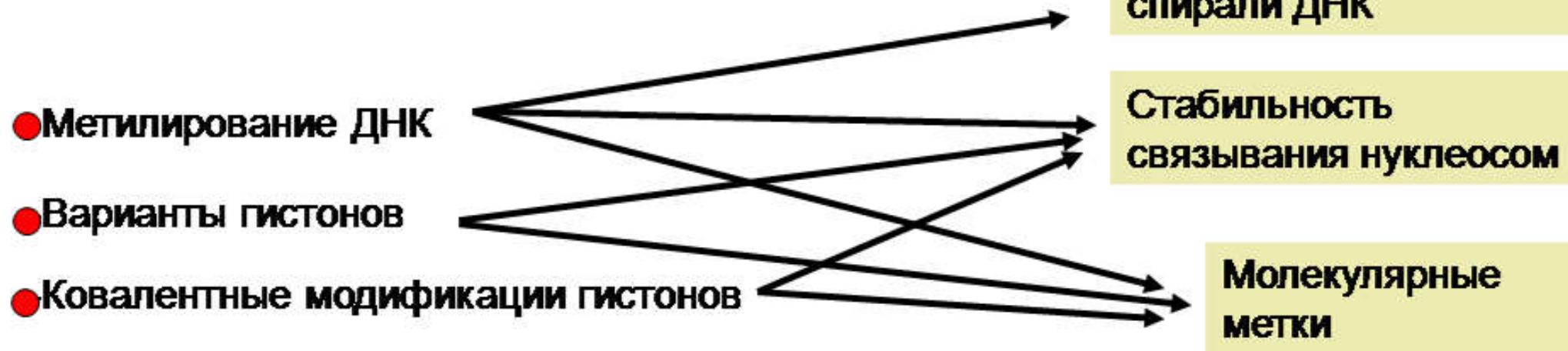
# Компоненты хроматина, участвующие в регуляции экспрессии генов

( которые принято связывать с эпигенетикой )



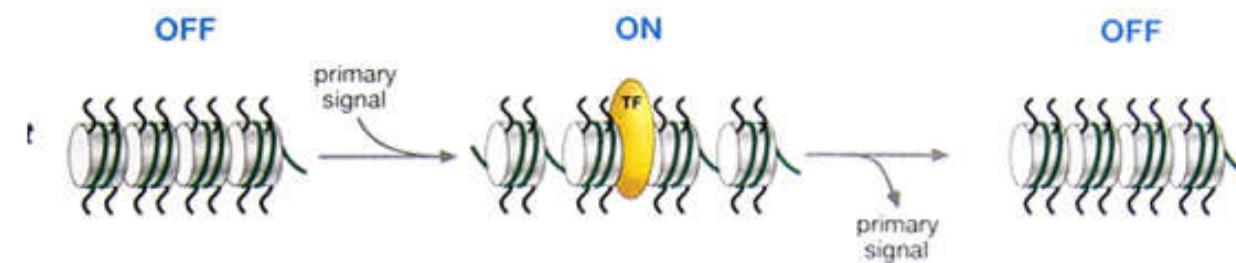
# Компоненты хроматина, участвующие в регуляции экспрессии генов

( которые принято связывать с эпигенетикой )



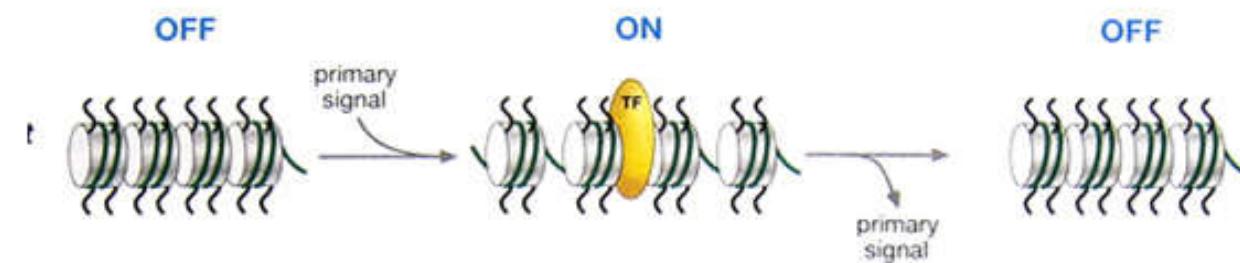
## Как происходит эпигенетически наследуемая стабилизация транскрипции

**Временный  
сигнал**

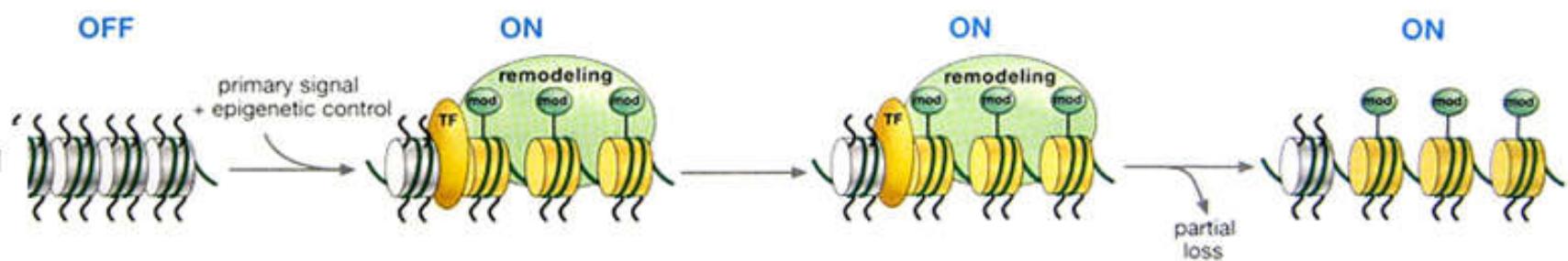


## Как происходит эпигенетически наследуемая стабилизация транскрипции

Временный  
сигнал

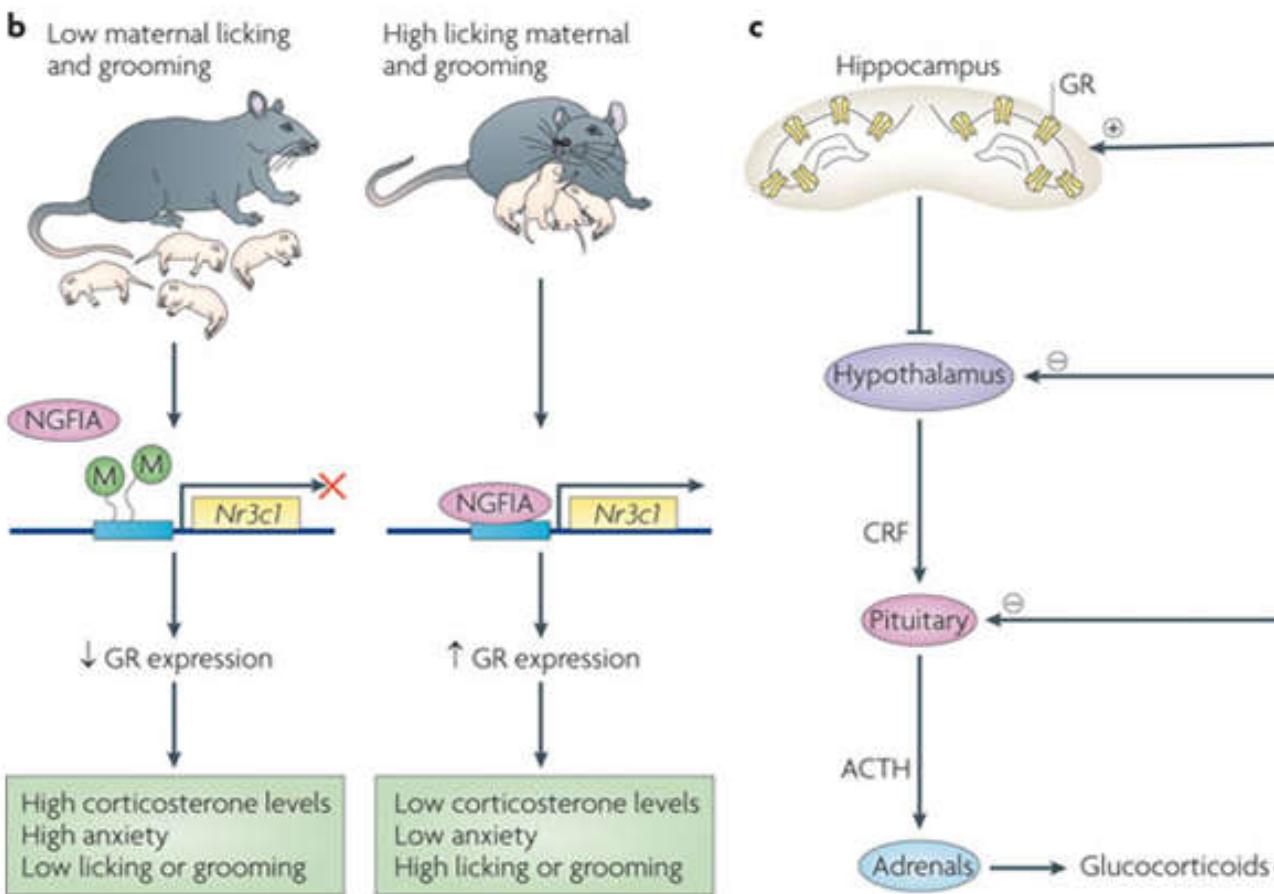
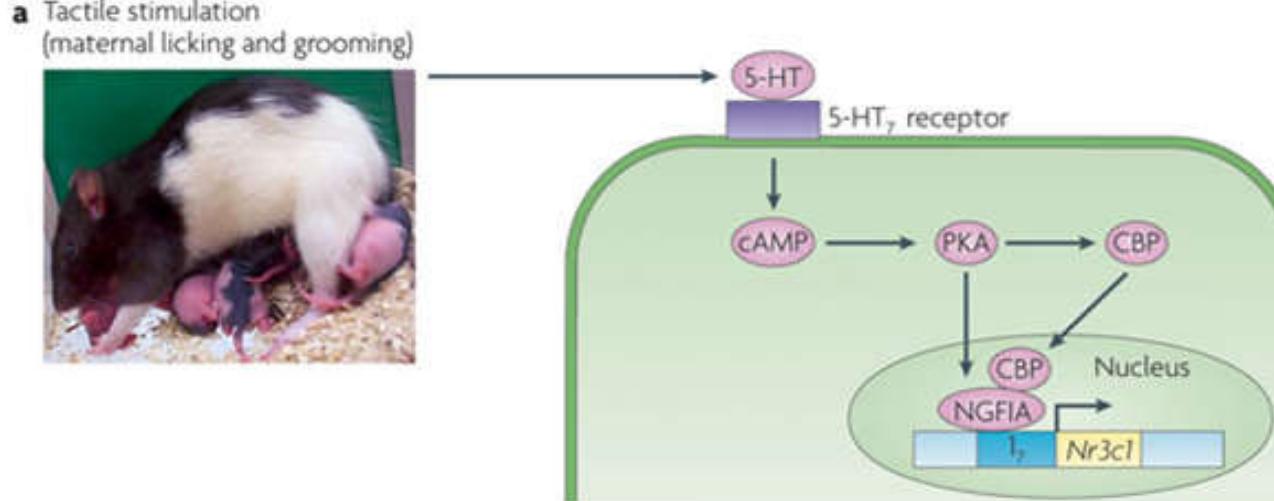


Эпигенетическая  
программа



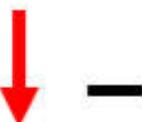
**Сигнал (TF) больше не требуется, состояние активности наследуется**

**Гормон действует кратковременно, паттерн экспрессии гена рецептора кортизола меняется на всю жизнь!**

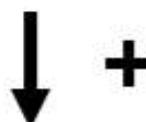


рецептор  
кортизола

гиппокамп

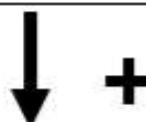


гипоталамус



КЛ  
вазопрессин  
окситоцин

гипофиз



АКТГ

надпочечники



кортизол

стресс

Гормон действует  
кратковременно,  
паттерн экспрессии  
гена рецептора  
кортизола меняется на  
всю жизнь!

**Важнейшие вопросы в рамках эпигенетики – как события, происходящие на ранних этапах развития влияют на здоровье, поведение... (ФЕНОТИП!) в более поздние периоды**

**Полифенизм насекомых – прекрасная модель!**

# **Что нового уже узнали о полифенизме насекомых, применяя эпигенетическую методологию**

**Что нового уже узнали о полифенизме  
насекомых, применяя эпигенетическую  
методологию**

**Эпигеномные подходы:**

**Анализ транскриптомов, метиломов, распределения модификаций  
гистонов...**

**Что происходит при отключении эпигенетических механизмов  
или их компонентов**

## Для анализа паттернов экспрессии генов нужно отсеквенировать геном

### Геномы эусоциальных насекомых

2006 г. Доступна лишь черновая сборка генома *A. mellifera*

Honeybee Genome Sequencing, C. Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*. *Nature* **443**, 931–949 (2006).

### Революция в технологиях секвенирования, секвенирование нового поколения (next-generation sequencing technologies)

Bonasio, R. et al. Genomic comparison of the ants *Camponotus floridanus* and *Harpegnathos saltator*. *Science* **329**, 1068–1071 (2010).

Gadau, J. et al. The genomic impact of 100 million years of social evolution in seven ant species. *Trends Genet.* **28**, 14–21 (2012).

Oxley, P. R. et al. The genome of the clonal raider ant *Cerapachys biroi*. *Curr. Biol.* **24**, 451–458 (2014).

Kocher, S. D. et al. The draft genome of a socially polymorphic halictid bee, *Lasioglossum albipes*. *Genome Biol.* **14**, R142 (2013).

NCBI Resources How To

Genome      Genome hymenoptera |  
Create alert Limits Advanced

See also 40 organelle- and plasmid-only records matching your search

Display Settings: Summary, 20 per page      Send to:

**Search results**

Items: 21 to 40 of 51

<< First < Prev Page 2 of 3 Next > Last >>

- 21. [Monomorium pharaonis](#)
- 22. [Wasemannia auropunctata](#)
- 23. [Vollenhovia emeryi](#)
- 24. [Fopius arisanus](#)

21. *Monomorium pharaonis* RefSeq Other  
 Kingdom: Eukaryota; Subgroup: Insects  
 Sequence data: genome assemblies:1  
 Date: 2015/02/06  
 ID: 37124

22. *Wasemannia auropunctata* overview  
 Kingdom: Eukaryota; Subgroup: Insects  
 Sequence data: genome assemblies:1  
 Date: 2015/02/05  
 ID: 36651

23. *Vollenhovia emeryi* overview  
 Kingdom: Eukaryota; Subgroup: Insects  
 Sequence data: genome assemblies:1  
 Date: 2015/03/03  
 ID: 36511

24. *Fopius arisanus* overview  
 Kingdom: Eukaryota; Subgroup: Insects  
 Sequence data: genome assemblies:1  
 Date: 2014/12/19  
 ID: 35518

NCBI Resources How To

Genome      Genome |  
Limits Advanced

**Apis mellifera (honey bee)**  
 Representative genome: [Apis mellifera \(assembly Amel\\_4.5\)](#)  
[Download sequences in FASTA format for genome, transcript, protein](#)  
[Download genome annotation in GFF, GenBank or tabular format](#)  
[BLAST against Apis mellifera genome](#)  
 All 2 genomes for species:  
[Browse the list](#)  
[Download sequence and annotation from RefSeq or GenBank](#)

Display Settings: Overview      Send to:

Organism Overview : [Genome Assembly and Annotation report \[2\]](#) ; [Organelle Annotation Report \[1\]](#)      ID: 48

 **Apis mellifera (honey bee)**  
 The honey bee is a social insect, important for agricultural and biomedical research studies

Lineage: Eukaryota[2426]; Metazoa[812]; Ecdysozoa[377]; Arthropoda[289]; Hexapoda[253]; Insecta[260]; Pterygota[250]; Neoptera[246]; Holometabola[213]; Hymenoptera[51]; Apocrita[47]; Aculeata[35]; Apoidea[14]; Apidae[11]; *Apis*[4]; *Apis mellifera*[1]

The honey bee (*Apis mellifera*) is a valuable organism for study due to its unique behavioral traits and social instincts. *A. mellifera* is important to the agricultural community as a pollinator and to researchers as a model for studies in immunity and diseases of the X chromosome. These characteristics of the honey bee were instrumental in its assignment as a high priority organism for genome sequencing by the National Human Genome Research Institute (NHGRI). [Less...](#)

ARTICLE

Received 6 Aug 2013 | Accepted 19 Nov 2013 | Published 14 Jan 2014

DOI: 10.1038/ncomms3957

OPEN

# The locust genome provides insight into swarm formation and long-distance flight

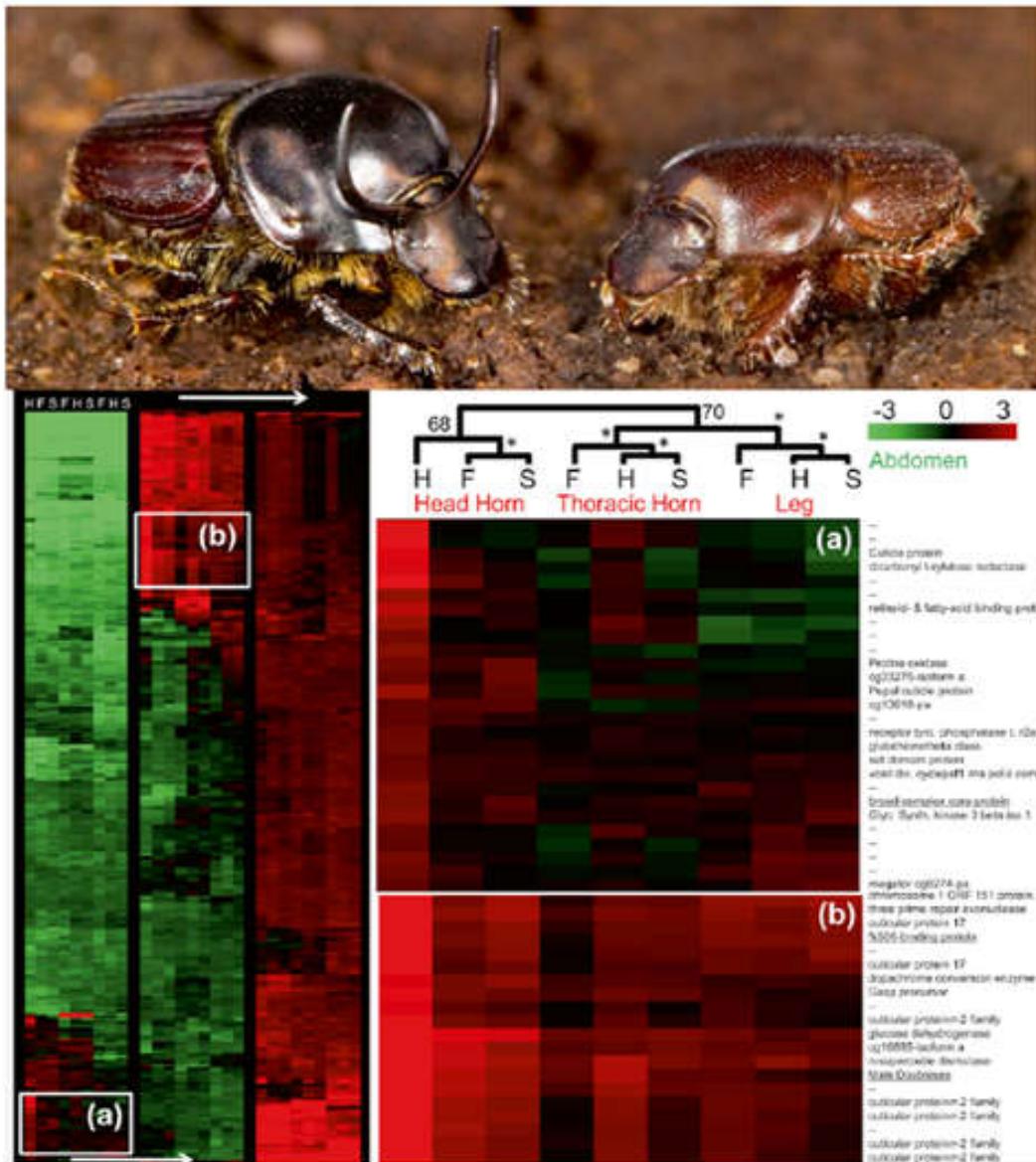
Xianhui Wang<sup>1</sup>, Xiaodong Fang<sup>2</sup>, Pengcheng Yang<sup>1,3</sup>, Xuanting Jiang<sup>2</sup>, Feng Jiang<sup>1,3</sup>, Dejian Zhao<sup>1</sup>, Bolei Li<sup>1</sup>, Feng Cui<sup>1</sup>, Jianing Wei<sup>1</sup>, Chuan Ma<sup>1,3</sup>, Yundan Wang<sup>1,3</sup>, Jing He<sup>1</sup>, Yuan Luo<sup>1</sup>, Zhifeng Wang<sup>1</sup>, Xiaoqiao Guo<sup>1</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>, Xuesong Wang<sup>1,3</sup>, Yi Zhang<sup>1</sup>, Meiling Yang<sup>1</sup>, Shuguang Hao<sup>1</sup>, Bing Chen<sup>1</sup>, Zongyuan Ma<sup>1,3</sup>, Dan Yu<sup>1</sup>, Zhiqiang Xiong<sup>2</sup>, Yabing Zhu<sup>2</sup>, Dingding Fan<sup>2</sup>, Lijuan Han<sup>2</sup>, Bo Wang<sup>2</sup>, Yuanxin Chen<sup>2</sup>, Junwen Wang<sup>2</sup>, Lan Yang<sup>2</sup>, Wei Zhao<sup>2</sup>, Yue Feng<sup>2</sup>, Guanxing Chen<sup>2</sup>, Jinmin Lian<sup>2</sup>, Qiye Li<sup>2</sup>, Zhiyong Huang<sup>2</sup>, Xiaoming Yao<sup>2</sup>, Na Lv<sup>4</sup>, Guojie Zhang<sup>2</sup>, Yingrui Li<sup>2</sup>, Jian Wang<sup>2</sup>, Jun Wang<sup>2</sup>, Baoli Zhu<sup>4</sup> & Le Kang<sup>1,3</sup>

Locusts are one of the world's most destructive agricultural pests and represent a useful model system in entomology. Here we present a draft 6.5 Gb genome sequence of *Locusta migratoria*, which is the largest animal genome sequenced so far. Our findings indicate that the large genome size of *L. migratoria* is likely to be because of transposable element proliferation combined with slow rates of loss for these elements. Methylome and transcriptome analyses reveal complex regulatory mechanisms involved in microtubule dynamic-mediated synapse plasticity during phase change. We find significant expansion of gene families associated with energy consumption and detoxification, consistent with long-distance flight capacity and phytophagy. We report hundreds of potential insecticide target genes, including cys-loop ligand-gated ion channels, G-protein-coupled receptors and lethal genes. The *L. migratoria* genome sequence offers new insights into the biology and sustainable management of this pest species, and will promote its wide use as a model system.



**We identified a total of 4,893 differentially expressed genes in at least one of the time points during both processes, and this accounted for 28.3% of the gene sets.**

**Gene ontology (GO) analyses showed these fell into a variety of categories, indicating that phase change induced a broad range of changes in CNS gene expression.**



**Differences in patterns of horn growth are reflected by differential transcription of genes. Expression profiles for head tissues of small, hornless males (S) more closely resemble comparable tissues of females (F), than they do those of large, horned males (H). Photos D. Emlen; bottom panel reproduced with permission from Snell-Rood et al. (2010).**

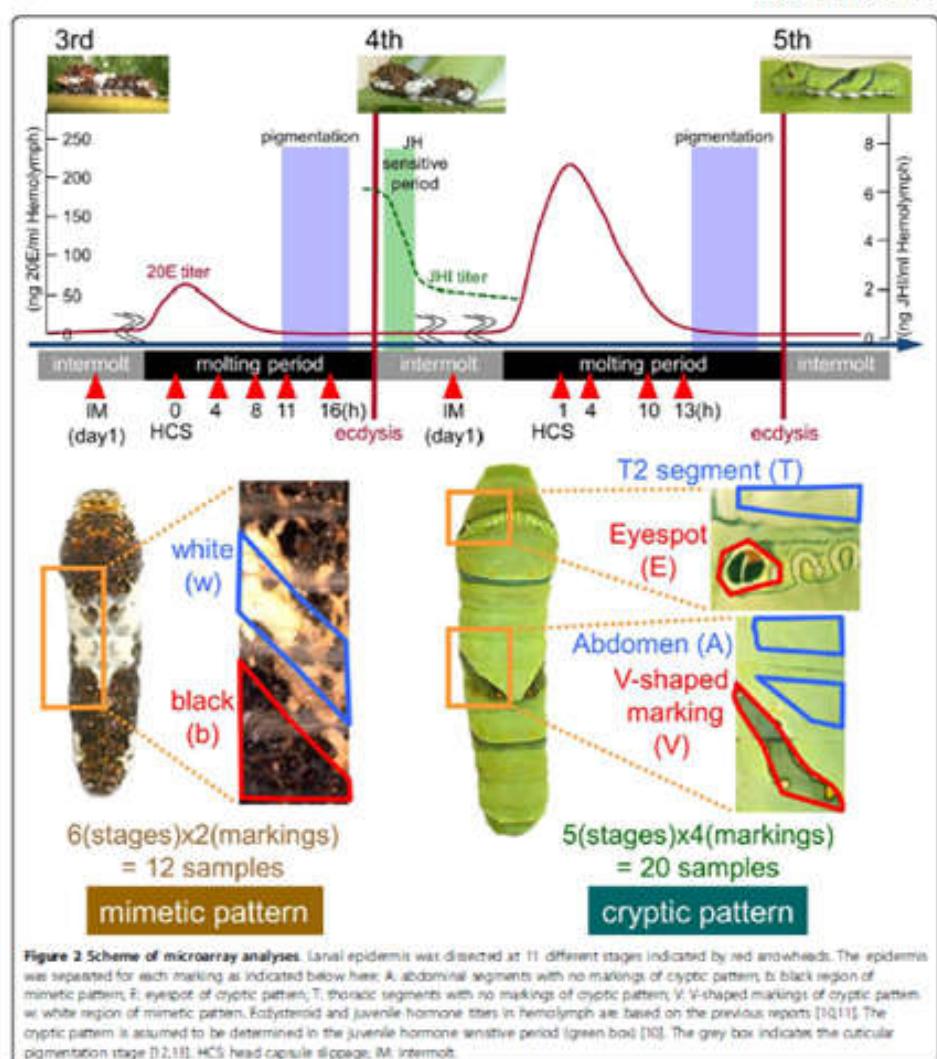
# Comprehensive microarray-based analysis for stage-specific larval camouflage pattern-associated genes in the swallowtail butterfly, *Papilio xuthus*

Futahashi et al.



Futahashi et al. BMC Biology 2012, 10:46

<http://www.biomedcentral.com/1741-7007/10/46> (31 May 2012)



**Figure 2 Scheme of microarray analyses.** Larval epidermis was dissected at 11 different stages indicated by red arrowheads. The epidermis was separated for each marking as indicated below here; A: abdominal segments with no markings of cryptic pattern; b: black region of mimetic pattern; E: eyespot of cryptic pattern; T: thoracic segments with no markings of cryptic pattern; V: V-shaped markings of cryptic pattern; w: white region of mimetic pattern. Ecdisiotropic and juvenile hormone titers in hemolymph are based on the previous reports [10,11]. The cryptic pattern is assumed to be determined in the juvenile hormone sensitive period (green box) [10]. The grey box indicate the cuticular pigmentation stage [12,13]. HCS: head capsule slippage; IM: intermolt.



## Обнаружены транскрипционные факторы, участвующие в регуляции развития каст в разных группах эусоциальных насекомых

Simola, D. F. et al. Social insect genomes exhibit dramatic evolution in gene composition and regulation while preserving regulatory features linked to sociality. *Genome Res.* 23, 1235–1247 (2013).

Сравнение около 30 геномов одиночных и эусоциальных видов насекомых выявил особенности эволюции сайтов связывания транскрипционных факторов у эусоциальных насекомых.

В частности, быстро эволюционируют некоторые гены с нейроэндокринной функцией, и именно эти гены показывают сходную дифференциальную экспрессию при сравнении каст у разных видов муравьев и пчел.

# Факты в пользу важности дифференциального метилирования ДНК при формировании каст у эусоциальных насекомых

*Bombus terrestris*



ru.wikipedia.org

Ингибиование ДНК-метилтрансферазы у земляного шмеля приводит к переходу рабочих особей к размножению

Amarasinghe et al., 2014. Methylation and worker reproduction in the bumble-bee (*Bombus terrestris*). *Proc. R. Soc. B* **281**, 20132502.

Личинки пчелиных маток у медоносной пчелы имеют более низкий общий уровень метилирования генома, чем личинки рабочих пчел. Нокаут гена, кодирующего DNMT3 у личинок рабочих пчел приводит к развитию фенотипа, близкого к фенотипу пчелиной матки, в частности, развиваются яичники.

Kucharski, R., Maleszka, J., Foret, S. & Maleszka, R. Nutritional control of reproductive status in honeybees via DNA methylation. *Science* **319**, 1827–1830 (2008). This paper presents the first functional evidence of the regulatory role of DNA methylation in regulating caste fate in eusocial insects.

? Метилирование ДНК ингибирует развитие матки, маточное молочко снимает это ингибиование?

Маточное молочко влияет на инсулиновый каскад

Маточное молочко содержит ингибитор деацетилазы гистонов 10HDA.



D. F. Simola, C. Ye, N. S. Mutti, K. Dolezal, R. Bonasio, J. Liebig, D. Reinberg, S. L. Berger. **A chromatin link to caste identity in the carpenter ant *Camponotus floridanus*.** *Genome Research*, 2012;

**Robinson et al., Insect Mol Biol. 2016**  
**Alternative migratory locust phenotypes are associated with differences in the expression of genes encoding the methylation machinery.**



# Queen pheromones modulate DNA methyltransferase activity in bee and ant workers

Biol. Lett. 2016

Luke Holman<sup>1</sup>, Kalevi Trontti<sup>2,3</sup> and Heikki Helanterä<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup>Division of Ecology, Evolution & Genetics, Research School of Biology, Australian National University, Canberra, Australian Capital Territory 2601, Australia

<sup>2</sup>Department of Biosciences, Division of Genetics, University of Helsinki, Helsinki 00014, Finland

<sup>3</sup>Centre of Excellence in Biological Interactions, Department of Biosciences, University of Helsinki, PO Box 65, Helsinki 00014, Finland

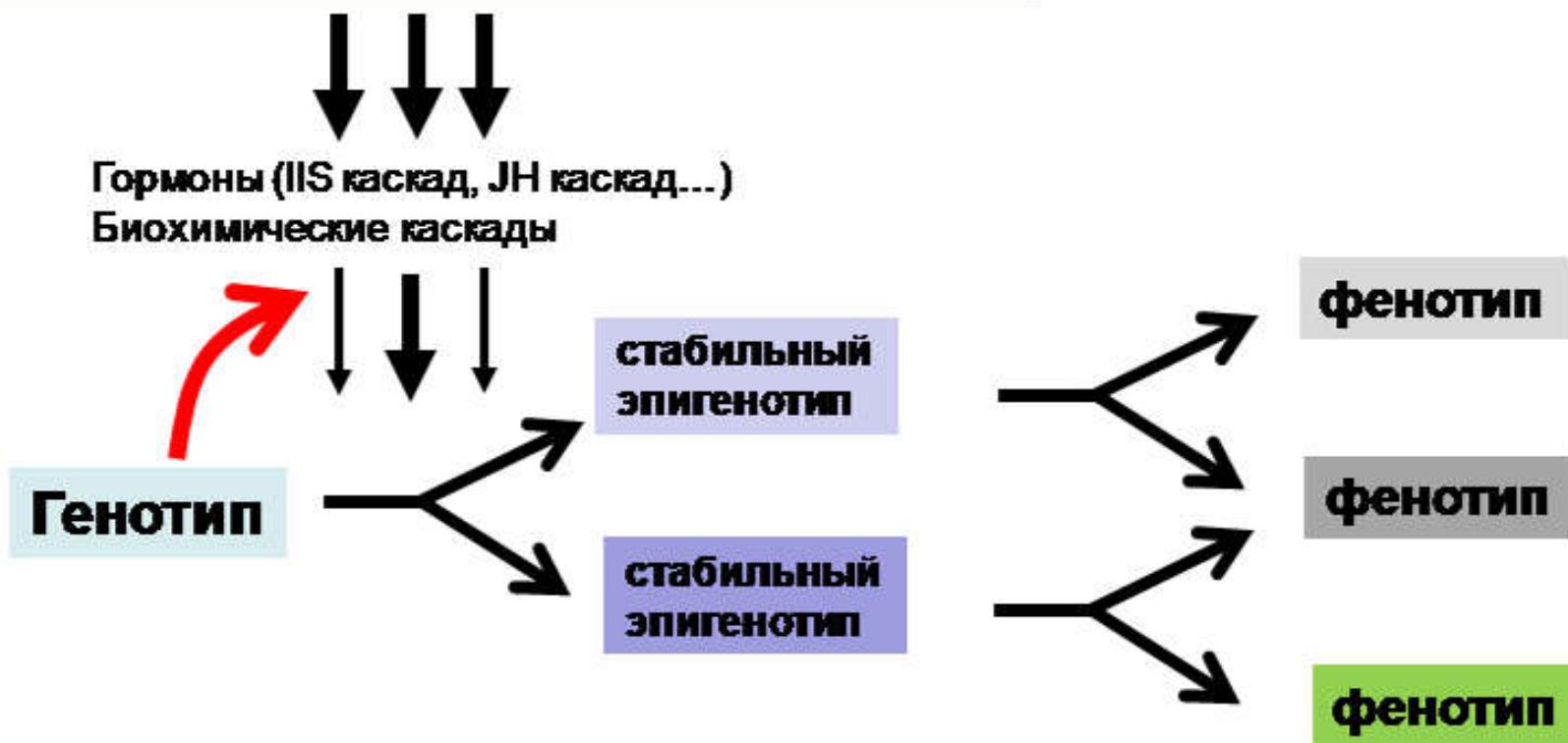
<sup>4</sup>Tvärminne Zoological Station, J. A. Palménin tie 260, Hanko 10900, Finland

DNA methylation is emerging as an important regulator of polyphenism in the social insects. Research has concentrated on differences in methylation between queens and workers, though we hypothesized that methylation is involved in mediating other flexible phenotypes, including pheromone-dependent changes in worker behaviour and physiology. Here, we find that exposure to queen pheromone affects the expression of two DNA methyltransferase genes in *Apis mellifera* honeybees and in two species of *Lasius* ants, but not in *Bombus terrestris* bumblebees. These results suggest that queen pheromones influence the worker methylome, pointing to a novel proximate mechanism for these key social signals.

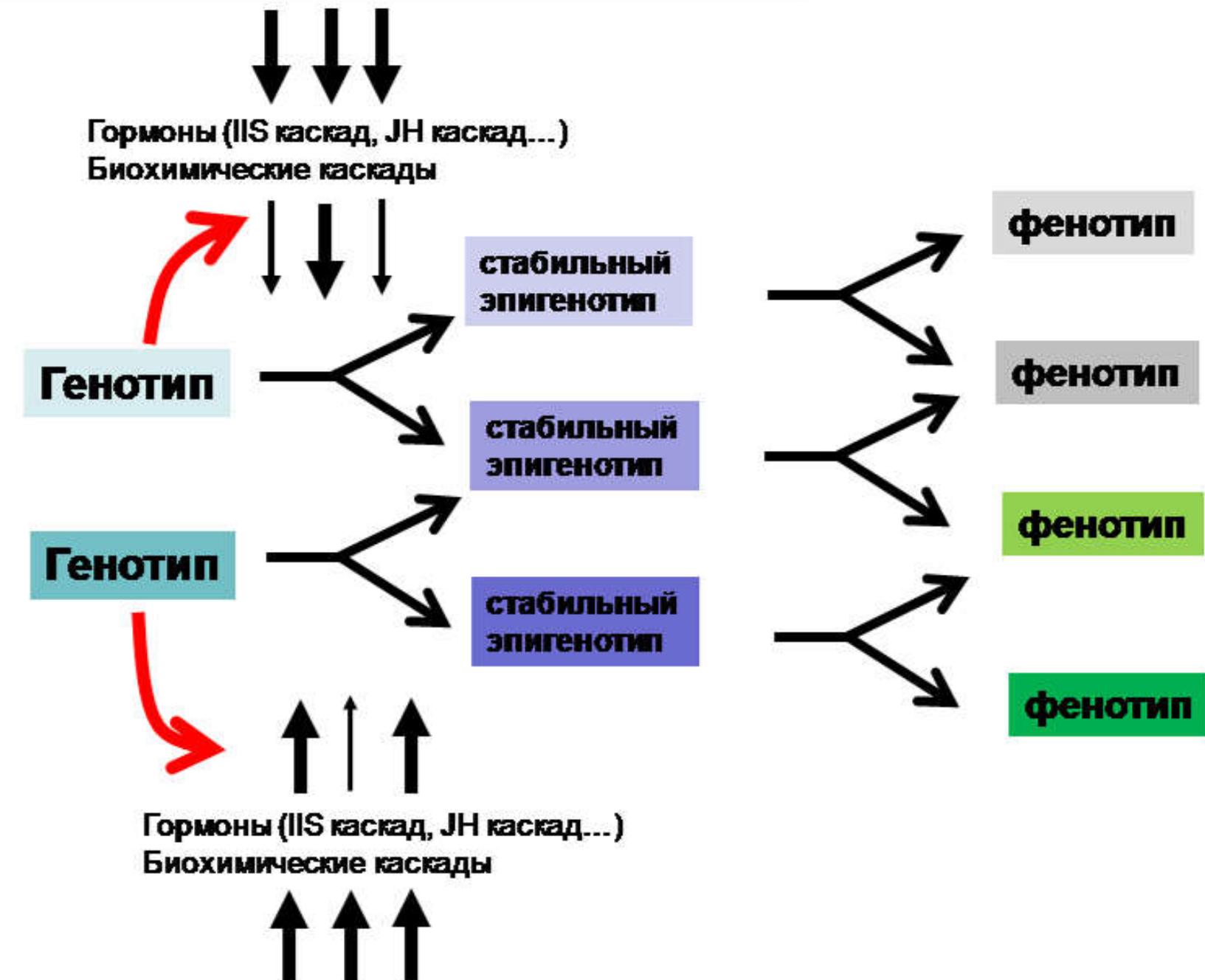
**Our data provide evidence that adult *A. mellifera*, *L. niger* and *L. flavus* workers change their DNA methylation profile in response to queen pheromones.**

# Эпигенетика и полифенизм

Температура, питание, сигналы от органов чувств...

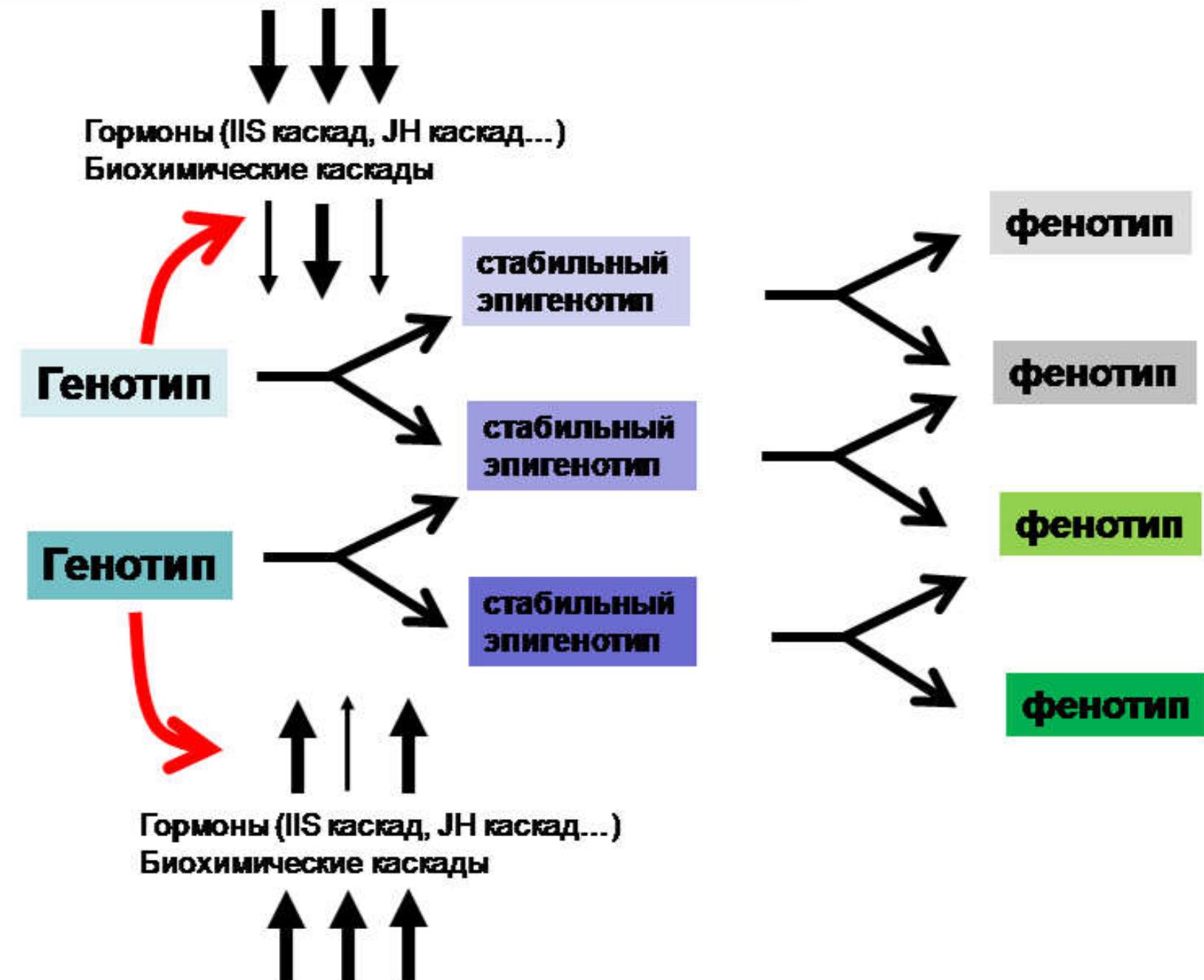


## Температура, питание, сигналы от органов чувств...



Температура, питание, сигналы от органов чувств...

## Температура, питание, сигналы от органов чувств...



Температура, питание, сигналы от органов чувств...

# Эволюционная пластичность!!!

Trends in Ecology and Evolution Vol.25 No.5

2010

Review

Cell  
PRESS

## Nature versus nurture in social insect caste differentiation

Tanja Schwander<sup>1,4</sup>, Nathan Lo<sup>2</sup>, Madeleine Beekman<sup>2</sup>, Benjamin P. Oldroyd<sup>2</sup> and Laurent Keller<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Simon Fraser University, Biological Sciences, 8888 University Drive, Burnaby V5A 1S6, Canada

<sup>2</sup> Behaviour and Genetics of Social Insects Laboratory, School of Biological Sciences A12, University of Sydney, Sydney, NSW 2006, Australia

<sup>3</sup> University of Lausanne, Biophore, 1015 Lausanne, Switzerland

Species	Data type	References
<i>Vespa maculifrons</i>	G	[24]
<i>Formica exsecta</i>	G	[23]
<i>Mycoceropurus smithii</i>	I	[25,26]
<i>Apis cerana</i>	G	[22]
<i>A. mellifera</i>	I, E, G	[9–12,15–21]
<i>F. truncorum</i>	G	[23]
<i>Cardiocondyla kagutsuchi</i>	E	[31]
<i>Pogonomyrmex badius</i>	G	[30]
<i>P. rugosus</i>	E, G	[28]
<i>Acromyrmex echinatior</i>	G	[29]
<i>Harpagoxenus sublaevis</i>	E	[34,36]
<i>Leptothorax</i> sp. A	E	[35]
<i>Reticulitermes speratus</i>	E	[37]
<i>Melipona</i> ssp.	E	[39,40,45]
<i>Pogonomyrmex</i> lineages	E, G	[50–52]
<i>Solenopsis xyloni</i> x <i>geminata</i> hybrids	G	[57,58]
<i>Vollenhovia emeryi</i>	G	[60,61]
<i>Wasmannia auropunctata</i>	I, G	[59]

Environmental factors

Genetic factors

### Species with strong genetic effects on caste

Many southern US populations of *Pogonomyrmex* contain differentiated genetic lineages, most or all of which derive from historical hybridization between the harvester ants *P. rugosus* and *P. barbatus* [47,48]. These lineages always occur in pairs [49] and queens in each lineage-pair mate multiple times with males of their own as well as with males of the alternate lineage. Interlineage offspring develop into workers, whereas intralineage offspring develop into queens [47,50–52]. Crossing experiments

## **Полифенизм насекомых - уникальная эпигенетическая модель**

- **Механизмы дифференциальной экспрессии генов**
- **Связь генотипа и фенотипа**
- **Эпигенетика поведения**
- **Связь гормонов и экспрессии генов**
- **Эволюция регуляции экспрессии генов**
- ....