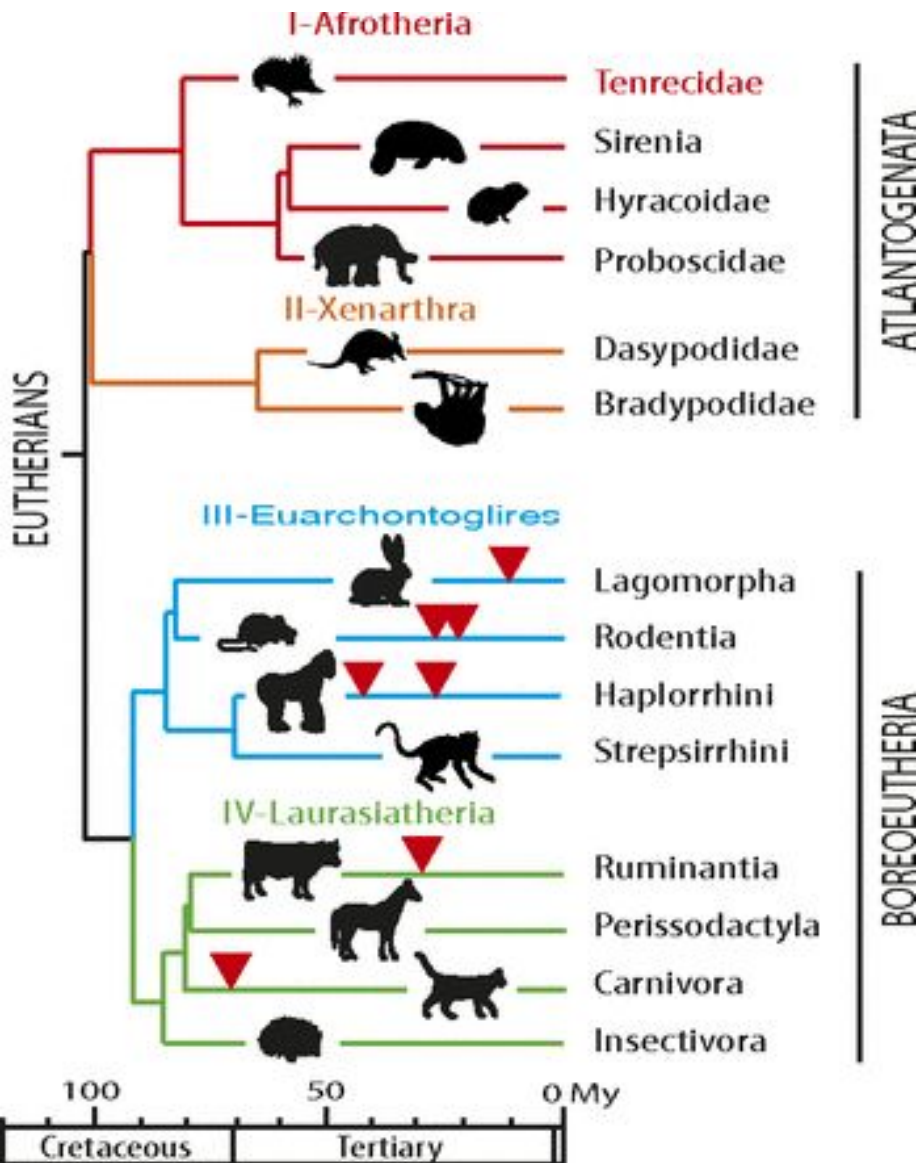
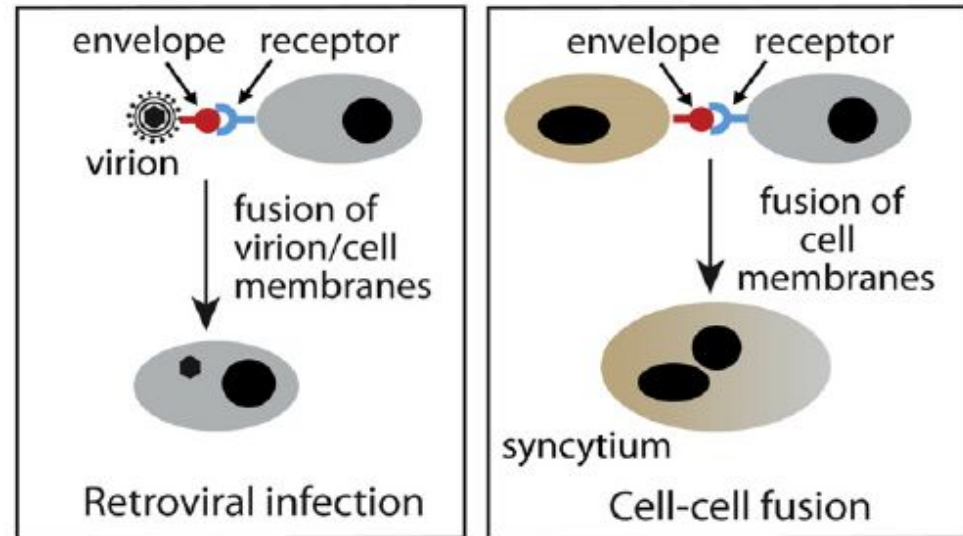


Віруси, що подарували нам плаценту

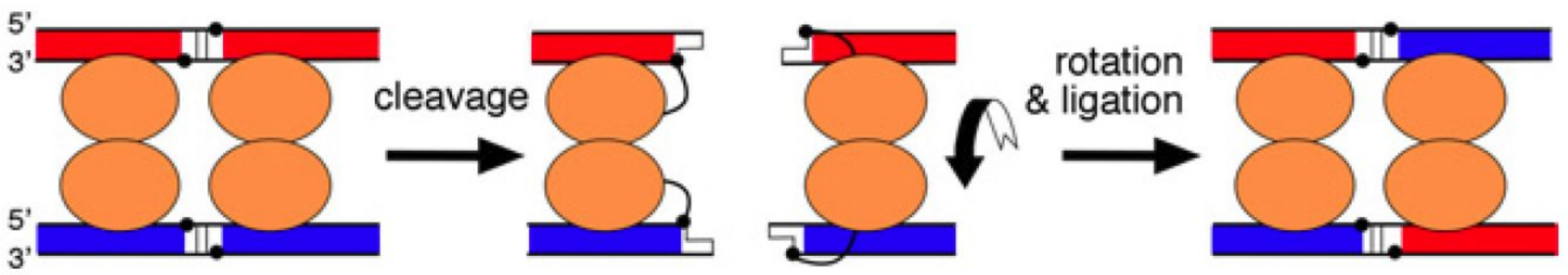


- ретроВіруси становлять більше 8 % нашого геному
- Ретротранспозони
- Вірусні промотори та енхансери

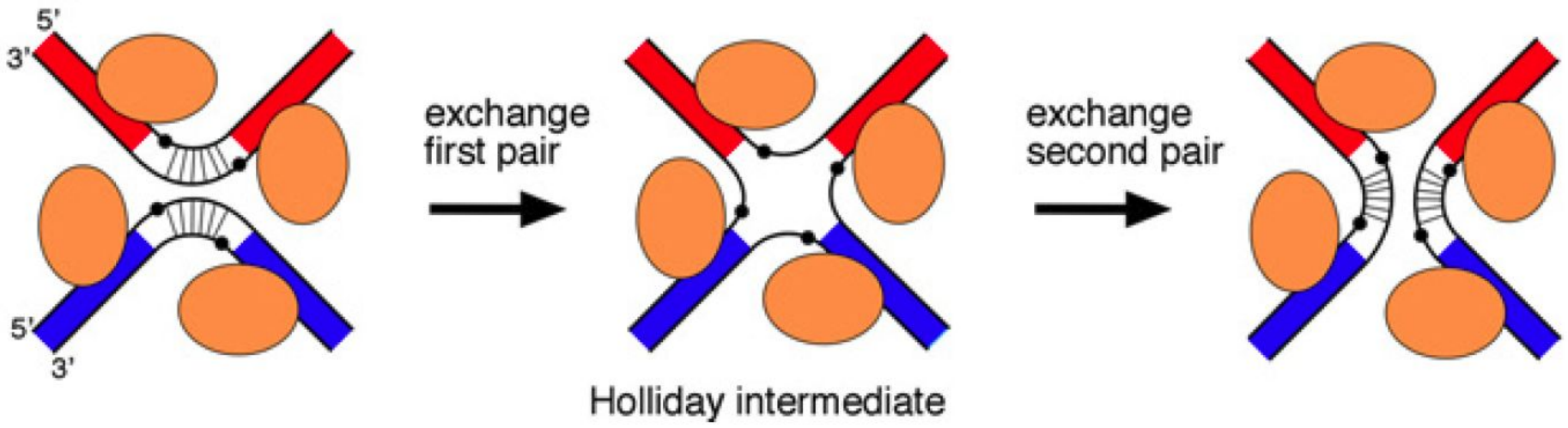


палеовирусологія

A Serine recombinases



B Tyrosine recombinases



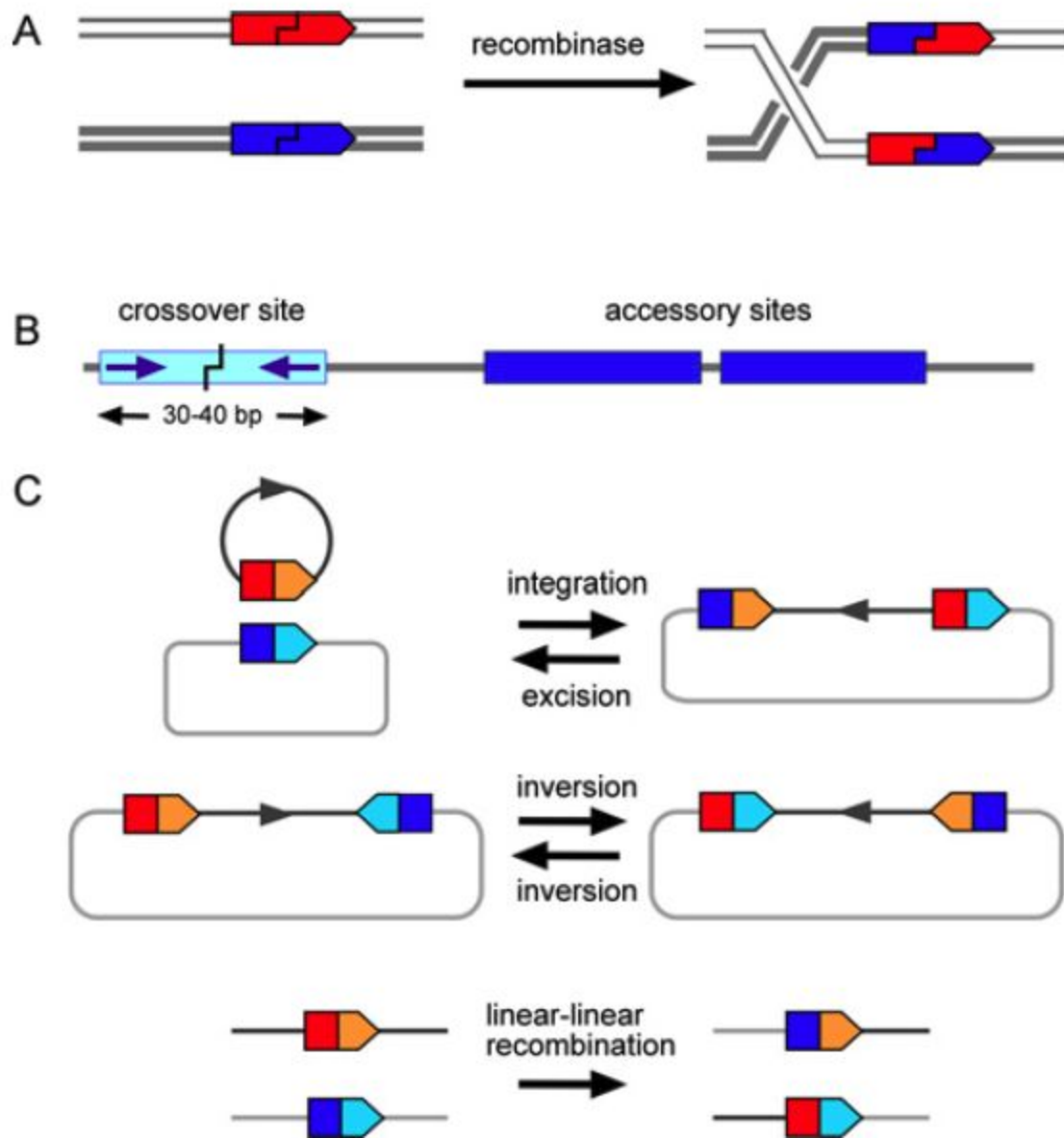
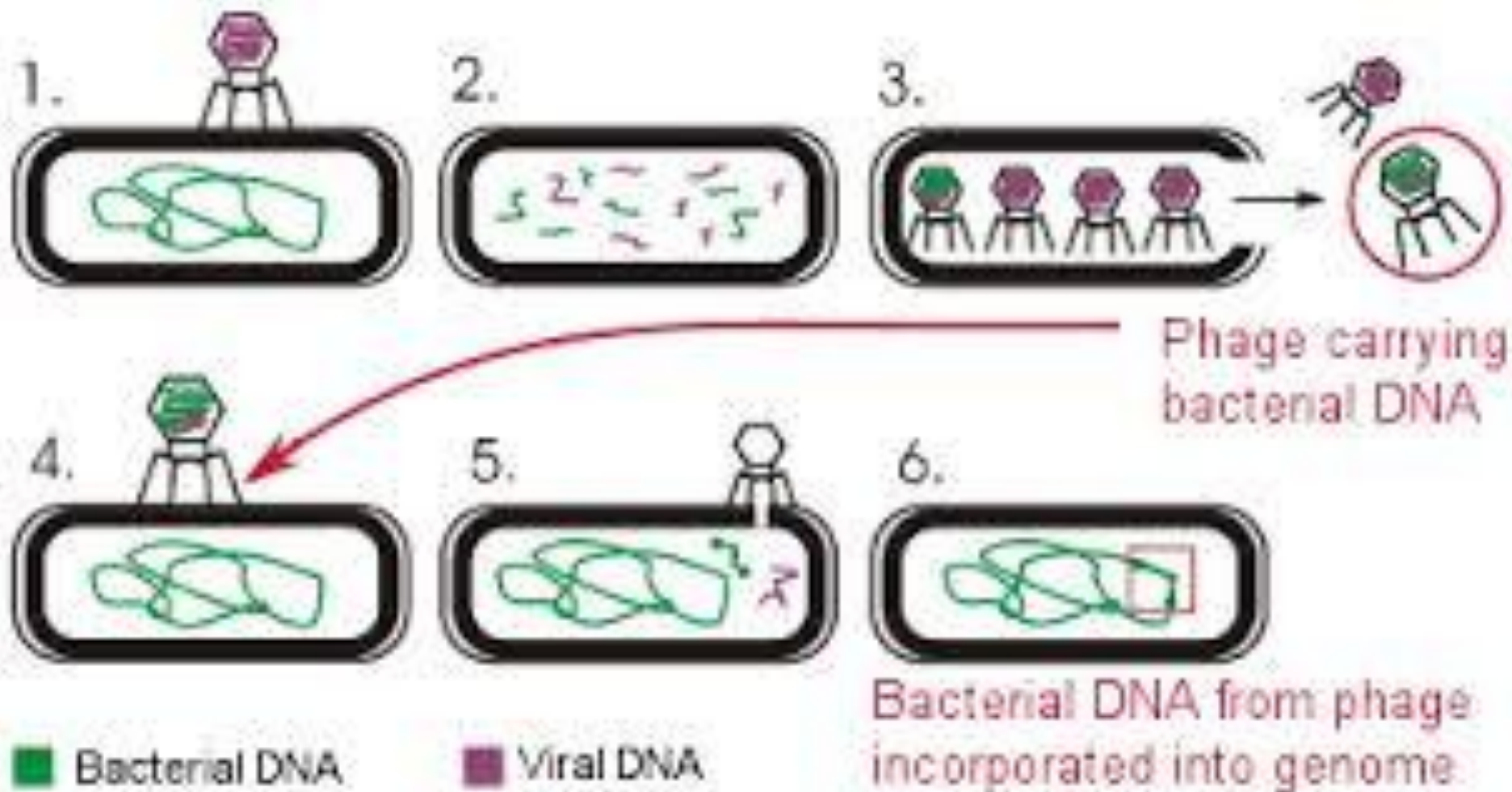


Figure 1 Site-specific recombination: the basics

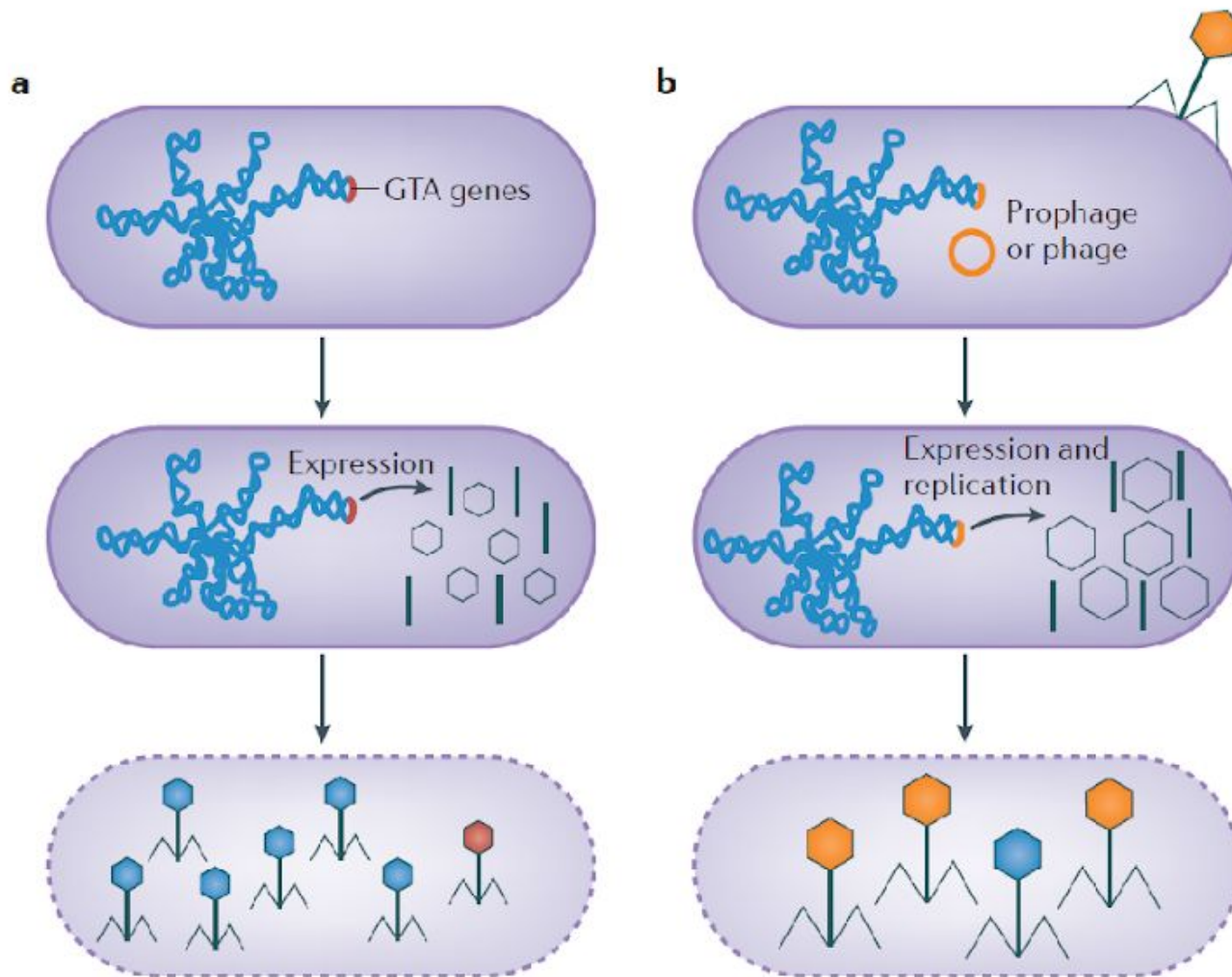
Фагові фактори вірулентності деяких патогенних бактерій

Бактерія	Фаг	Продукт	Фенотип
<i>Vibrio cholerae</i>	CTX phage	холерний токсин	холера
<i>Escherichia coli</i>	lambda phage	shiga-like токсин	геморагічна діарея
<i>Clostridium botulinum</i>	clostridial phages	токсин ботуліну	ботулізм
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	corynephage beta	дифтерійний токсин	дифтерія
<i>Streptococcus pyogenes</i>	T12	еритрогенний токсин	червона лихоманка

Перевізники генів



Gene transfer agent

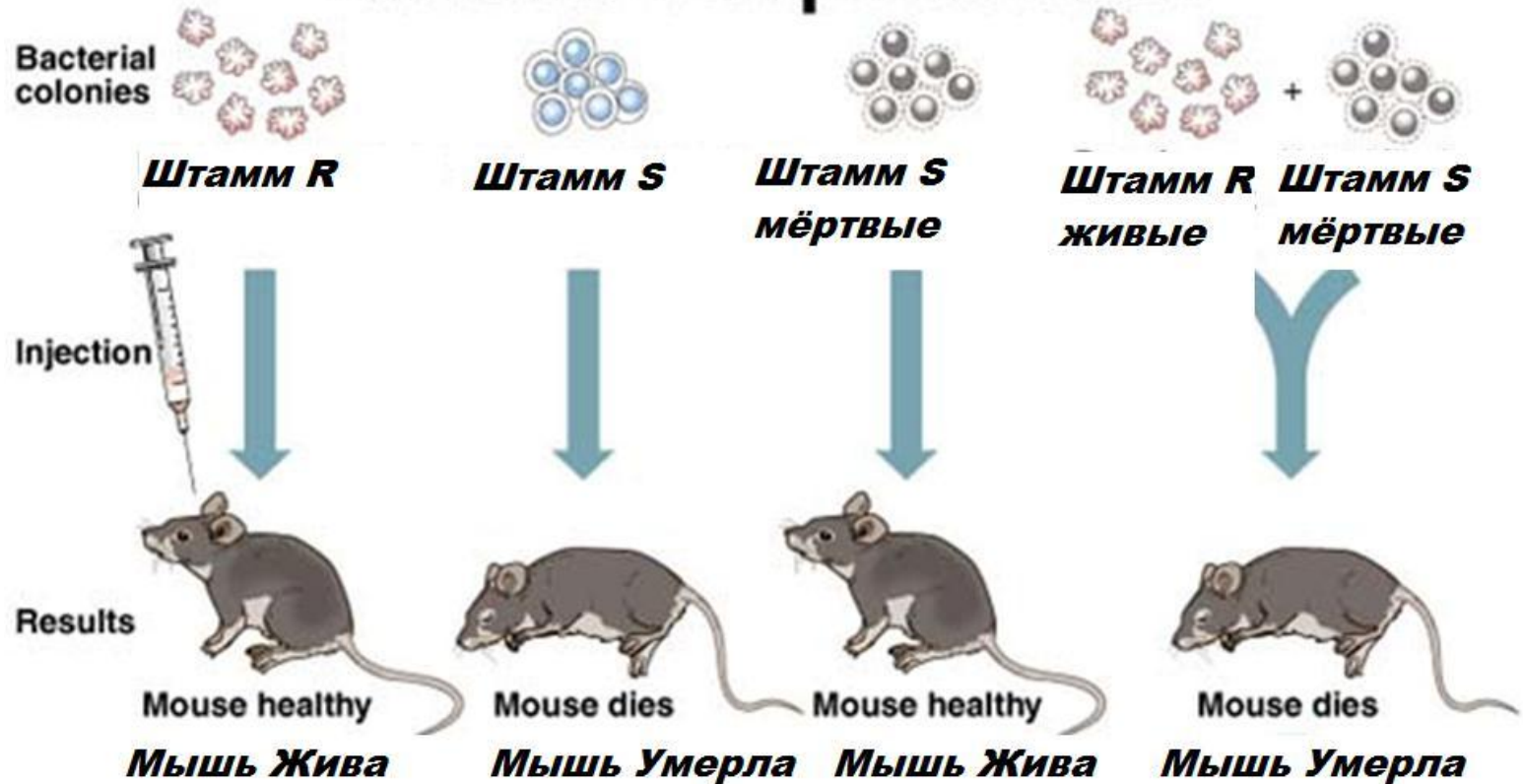


бактерії

Відкриття трансформації

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc. Permission required for reproduction or display.

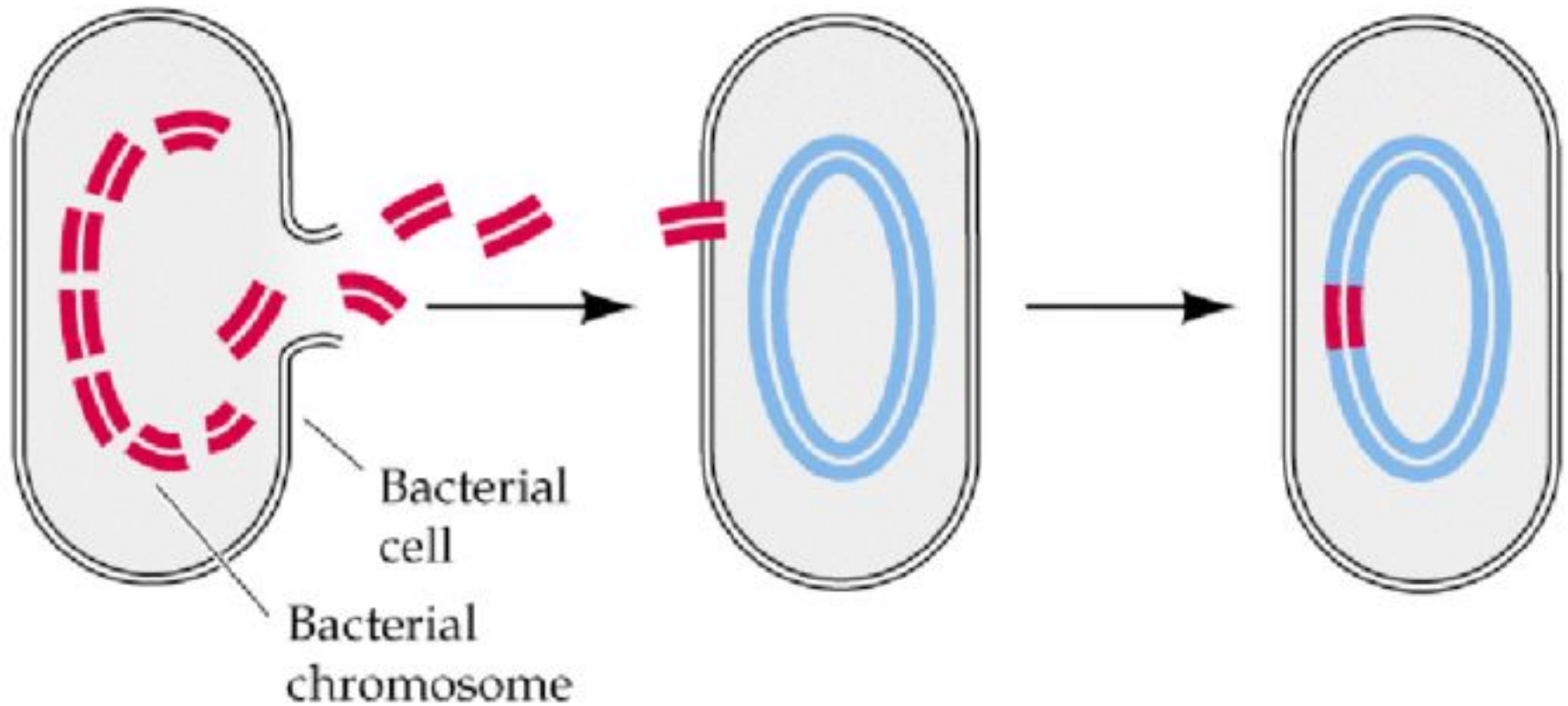
Griffith's experiments



**Живой Штамм S из
крови мыши**

А що, як знадобиться?

Transformation



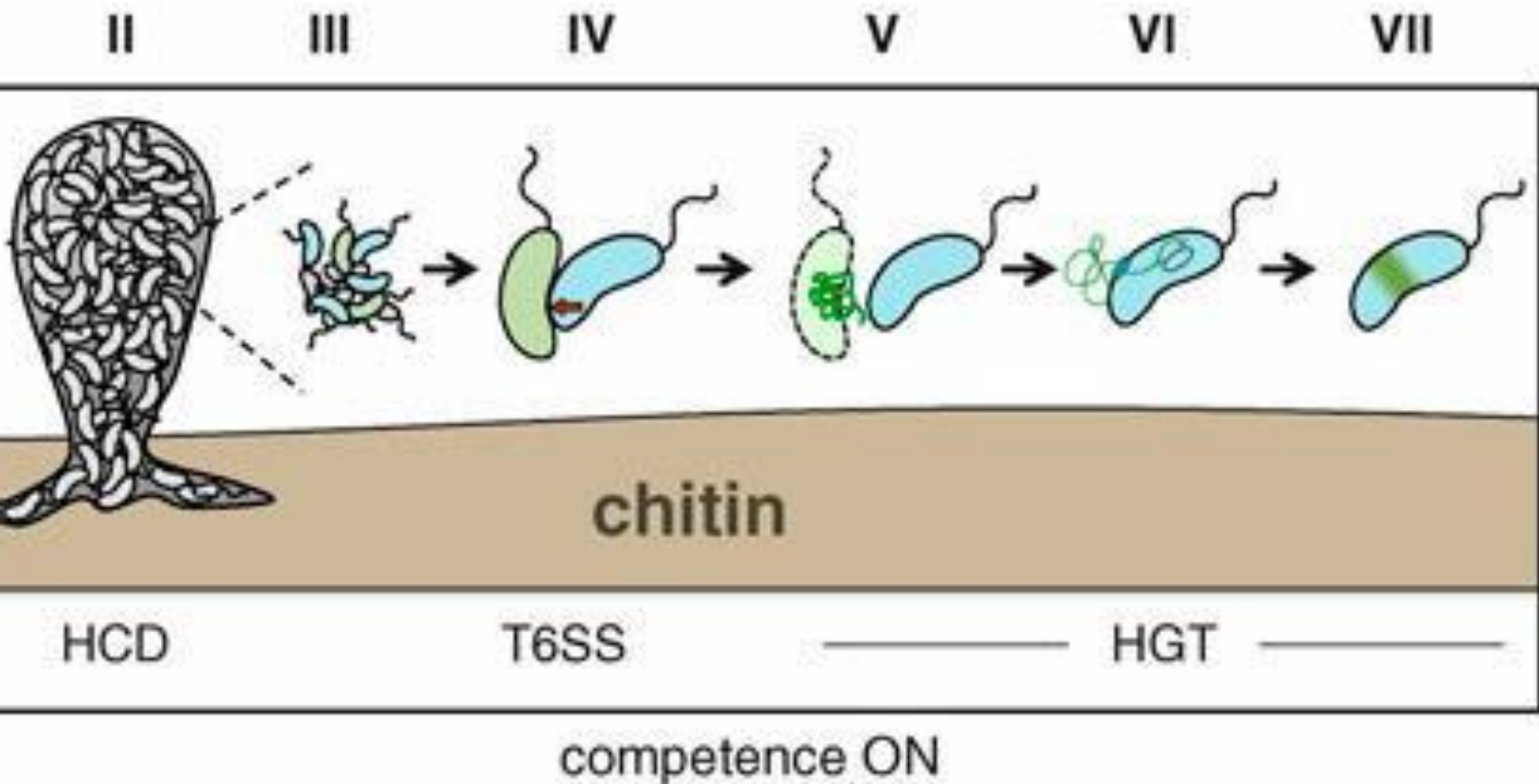
Permission pending from Sinaur Associates, Inc.

Figure 8.25 The mechanism of genetic transformation in bacteria. Some similarity is needed for the donor and recipient to align. Genes *a*, *b*, *c*, and *d* may be mutations of genes *A*, *B*, *C*, and *D*.

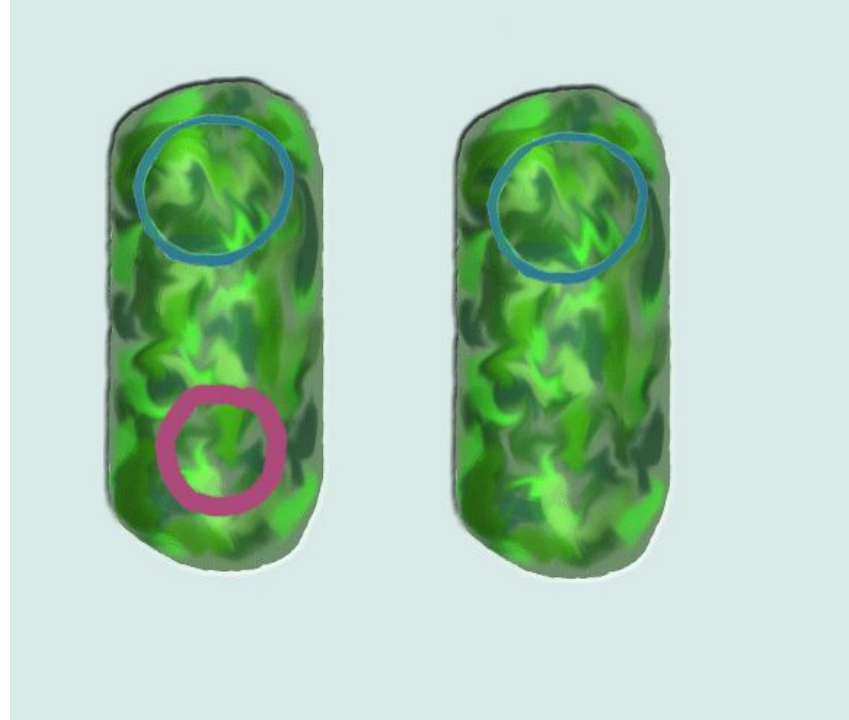
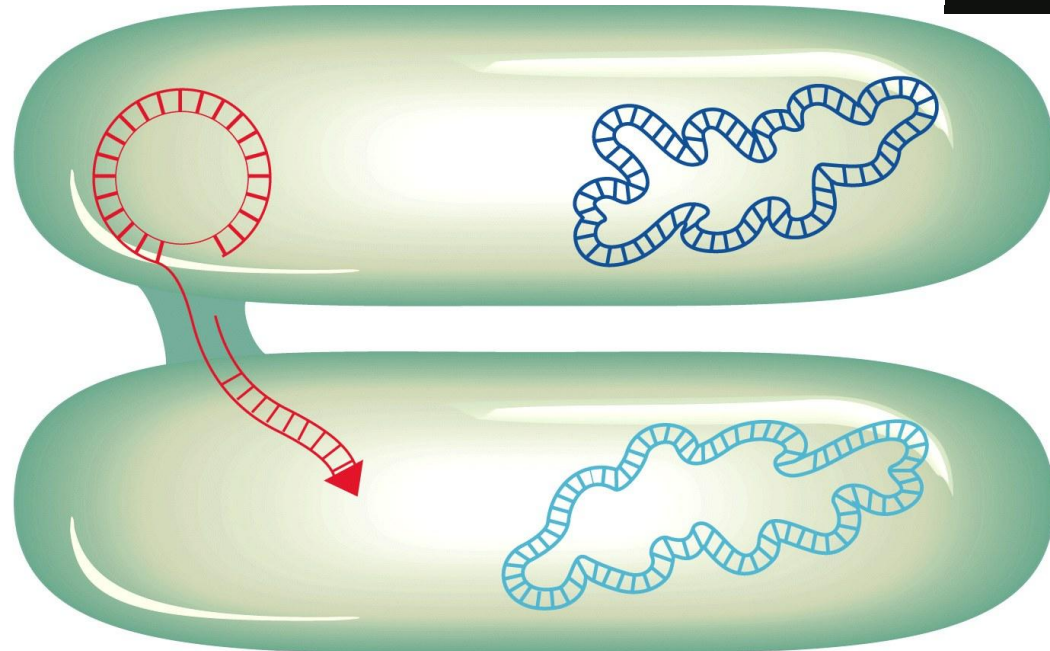
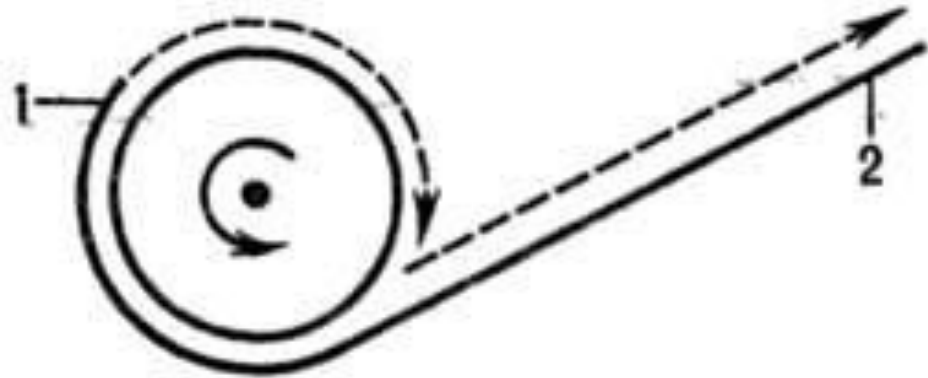
Як це могло еволюціонувати?

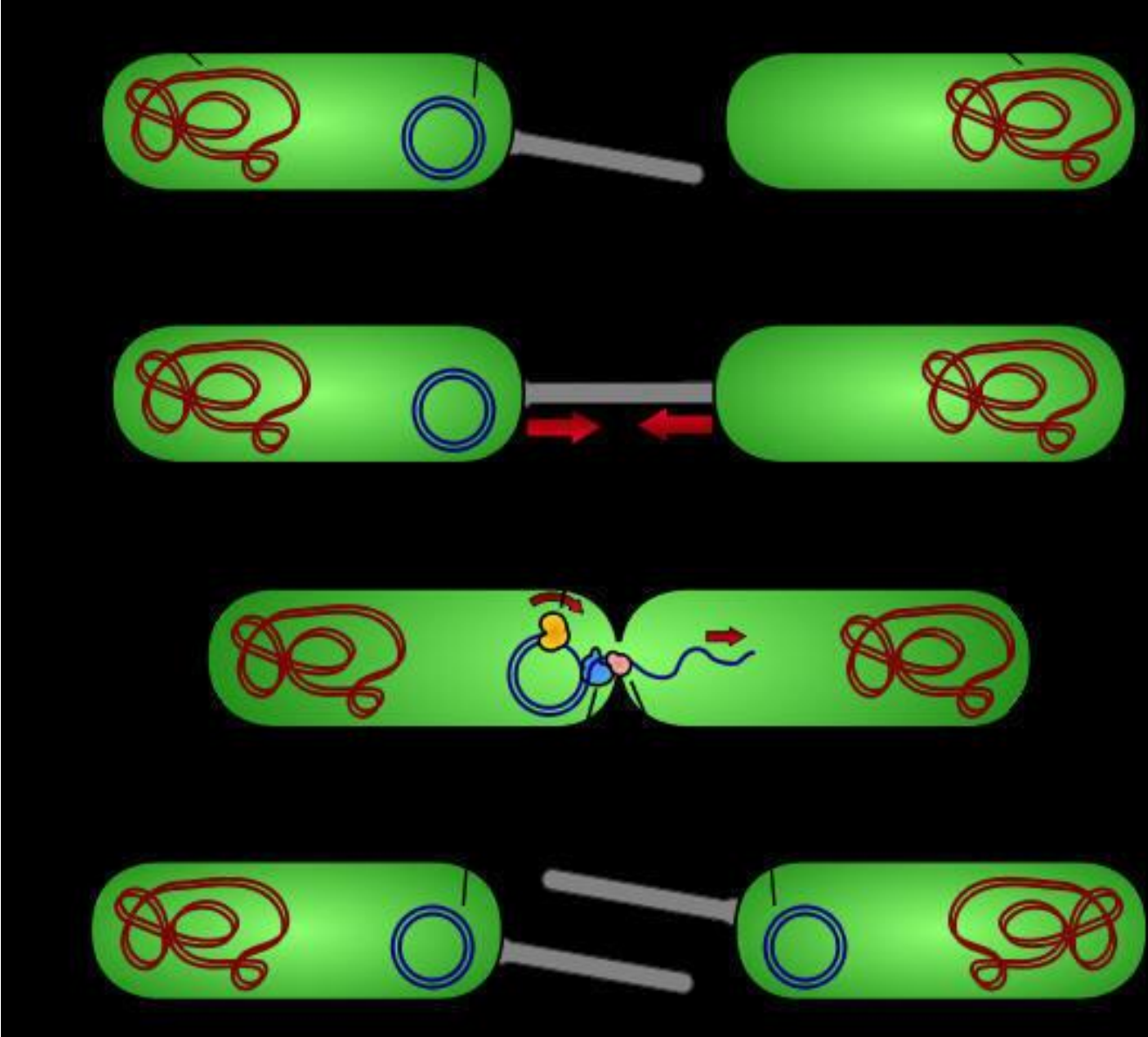
- 1) репарація – частота трансформації зростає після пошкодження днк
- 2) хочеться їсти
- 3) нові гени у несприятливих умовах

Вбивство заради генів

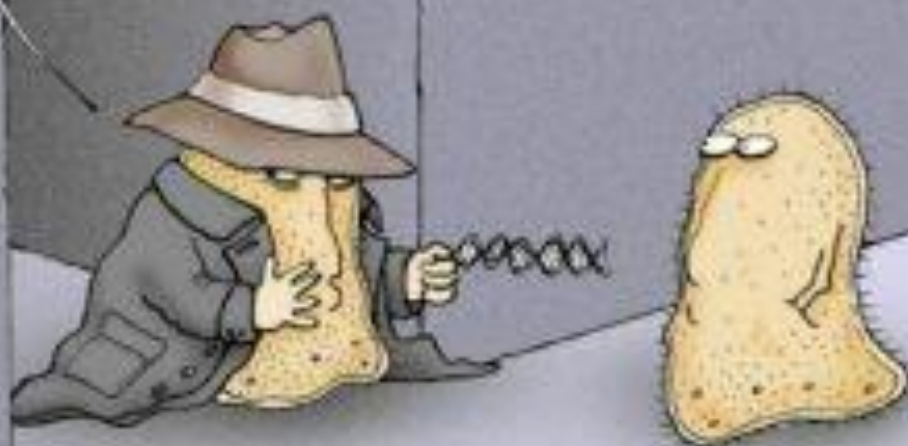


Поділишся зі мною генами?



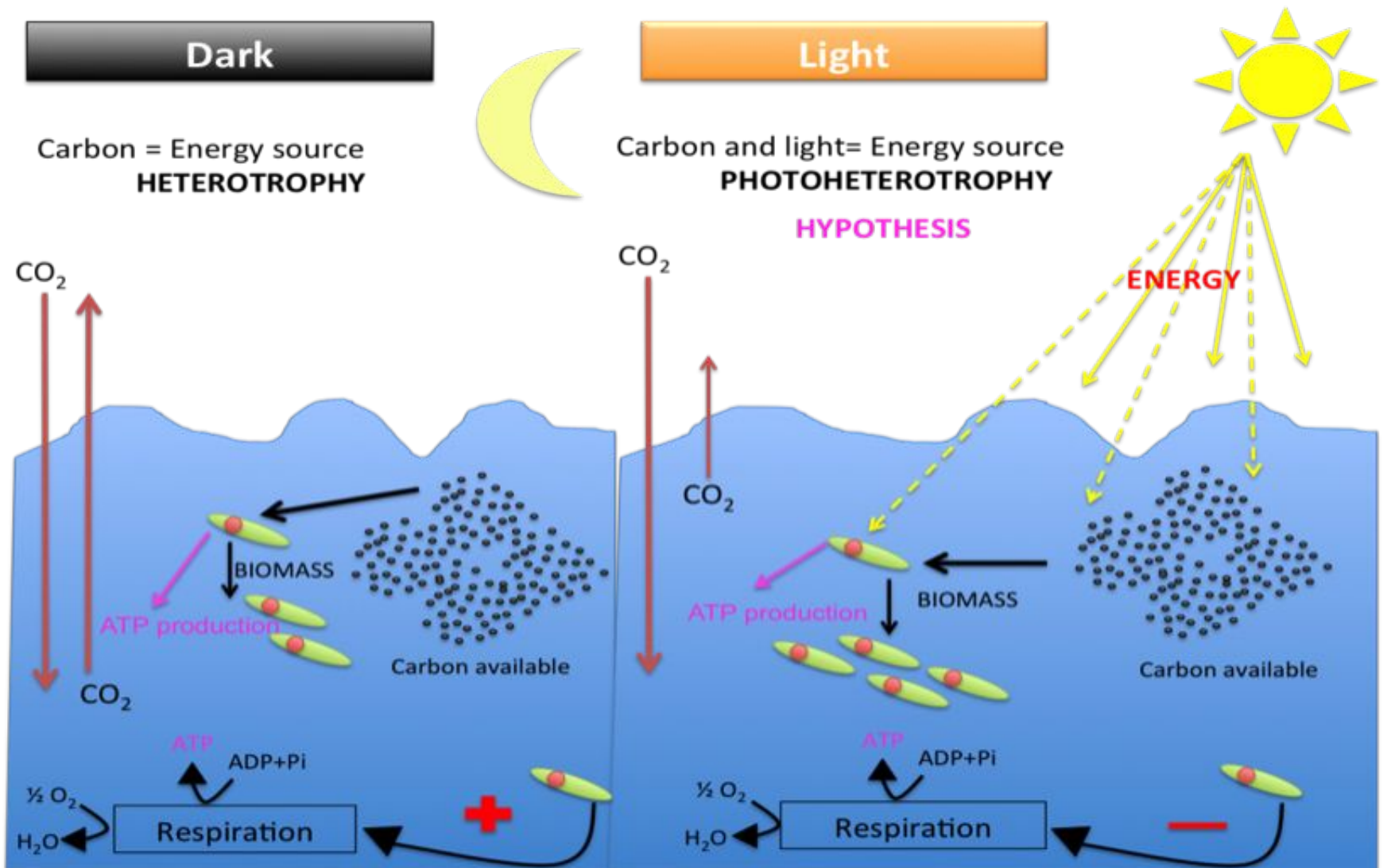


Pssst! Hey kid! Wanna be a Superbug...?
Stick some of this into your genome...
Even penicillin won't be able to harm you...!



It was on a short-cut through the hospital kitchens that Albert was first approached by a member of the Antibiotic Resistance.

Океан генів



Agrobacterium tumefaciens

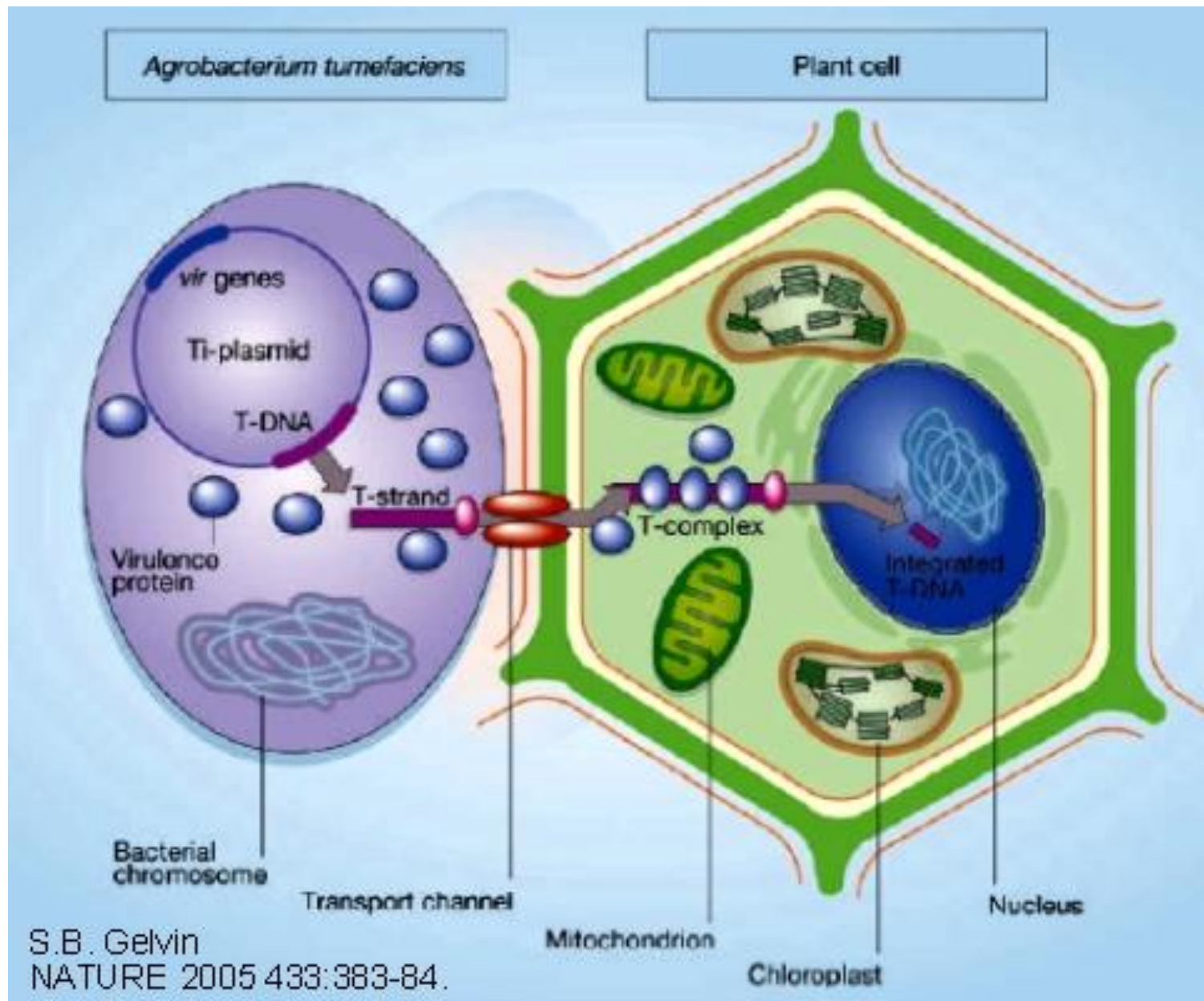
Природный генный инженер



**Опухоль, вызванная
внедрением бактериальной
ДНК в растительные клетки**



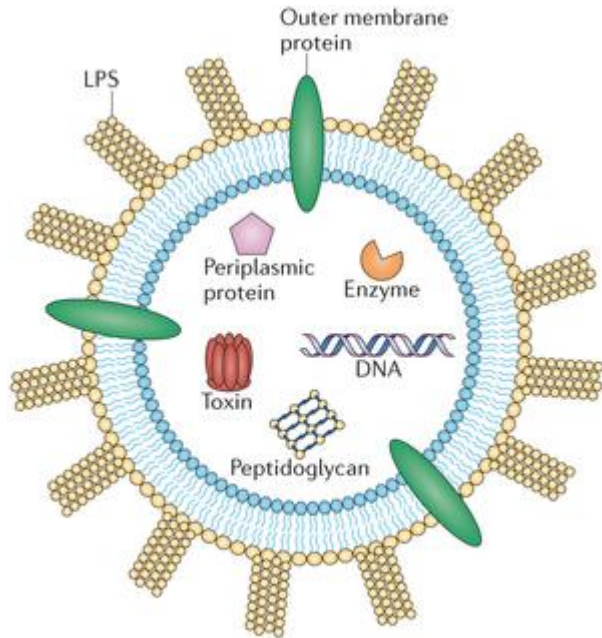
**Агробактерии на поверхности
растительной клетки**



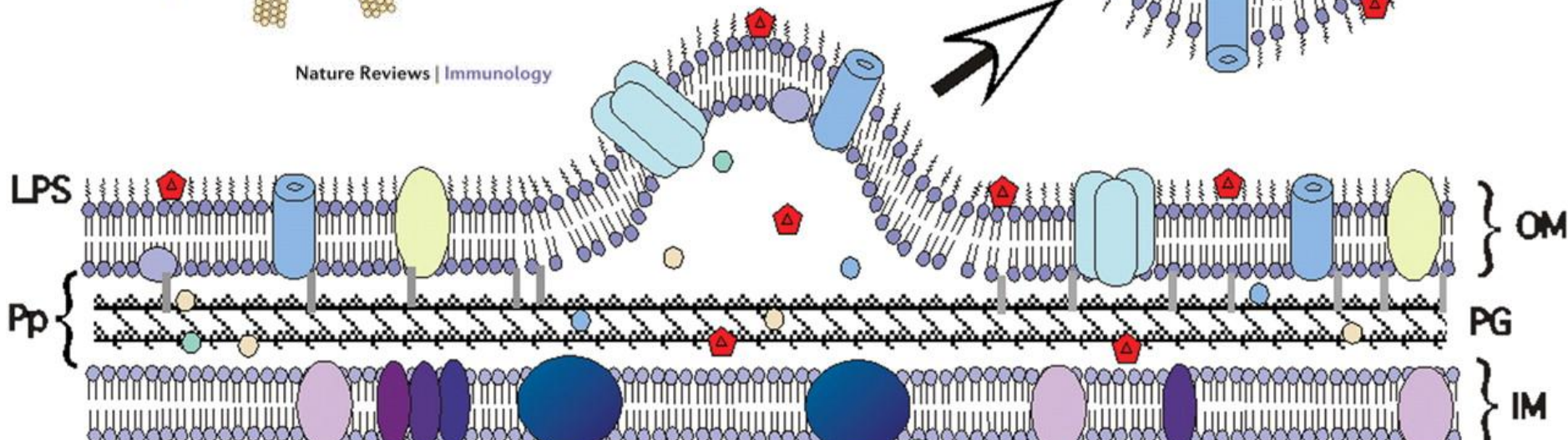
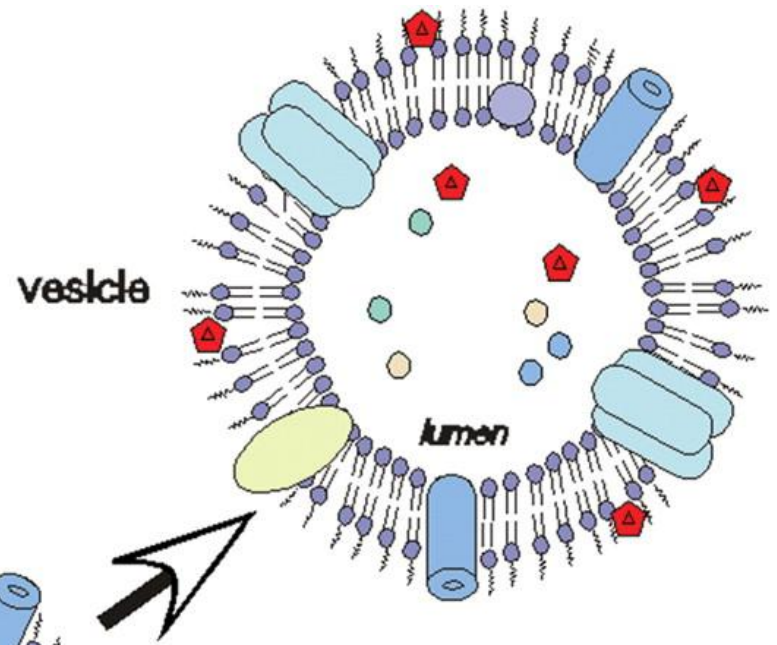
S.B. Gelvin
 NATURE 2005 433:383-84.



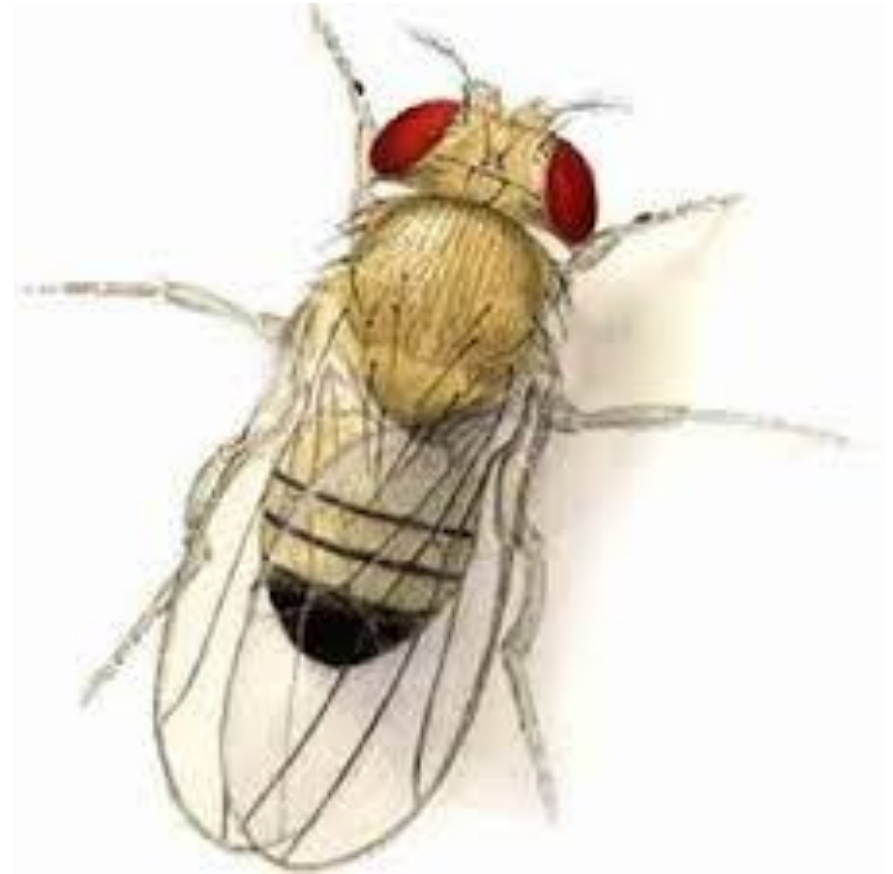
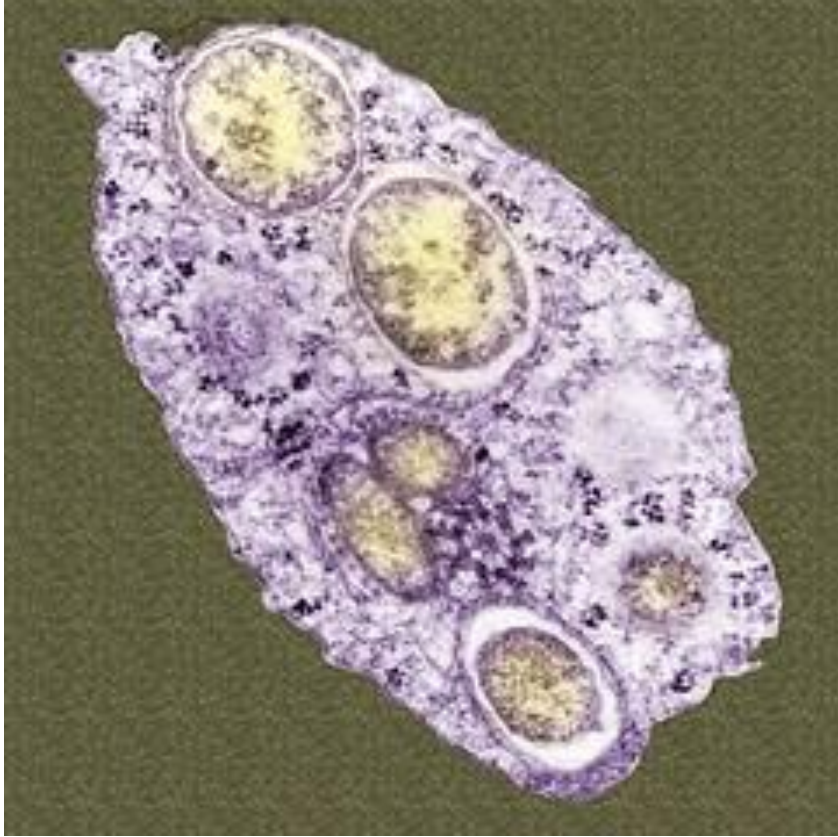
Outer membrane vesicles



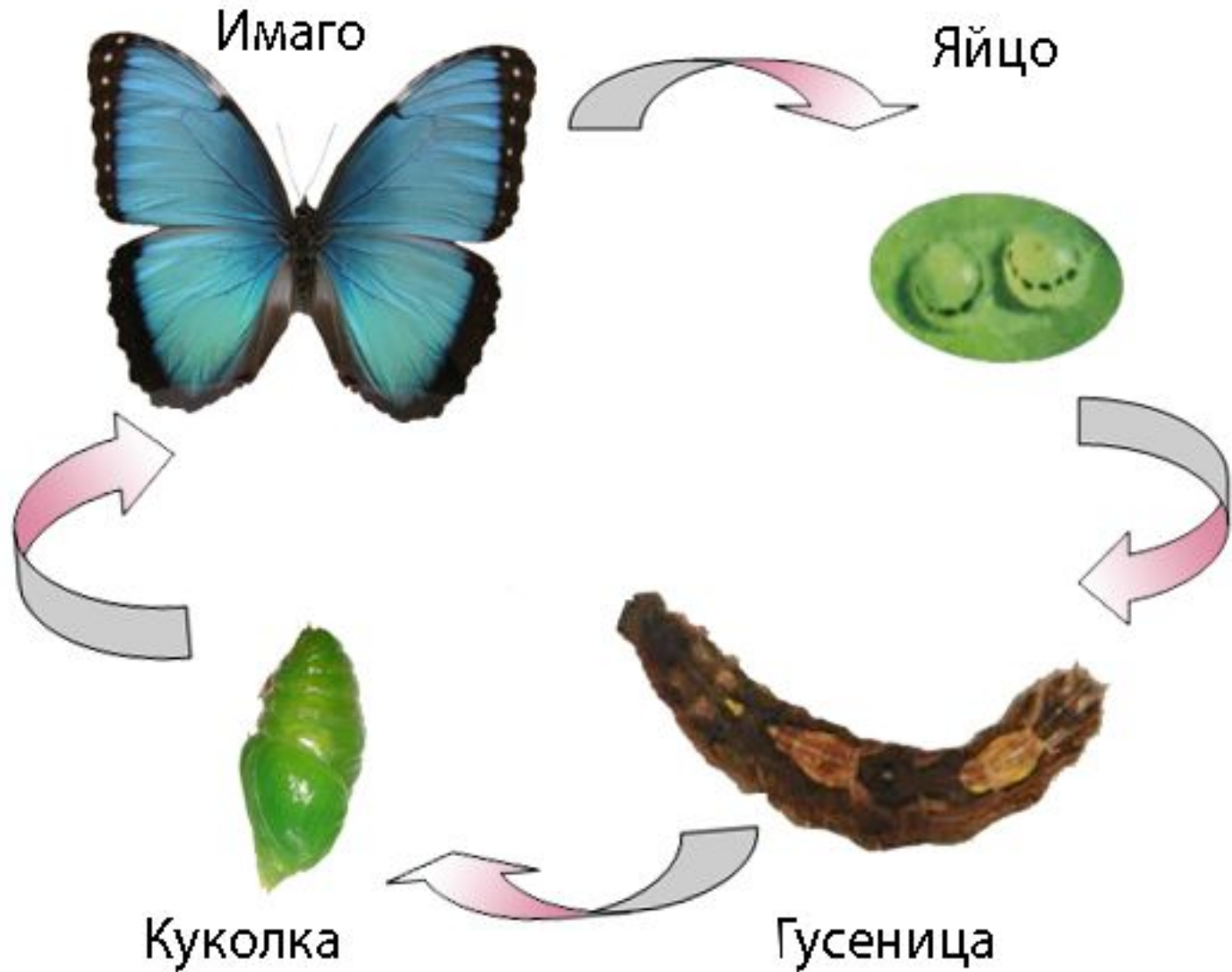
Nature Reviews | Immunology



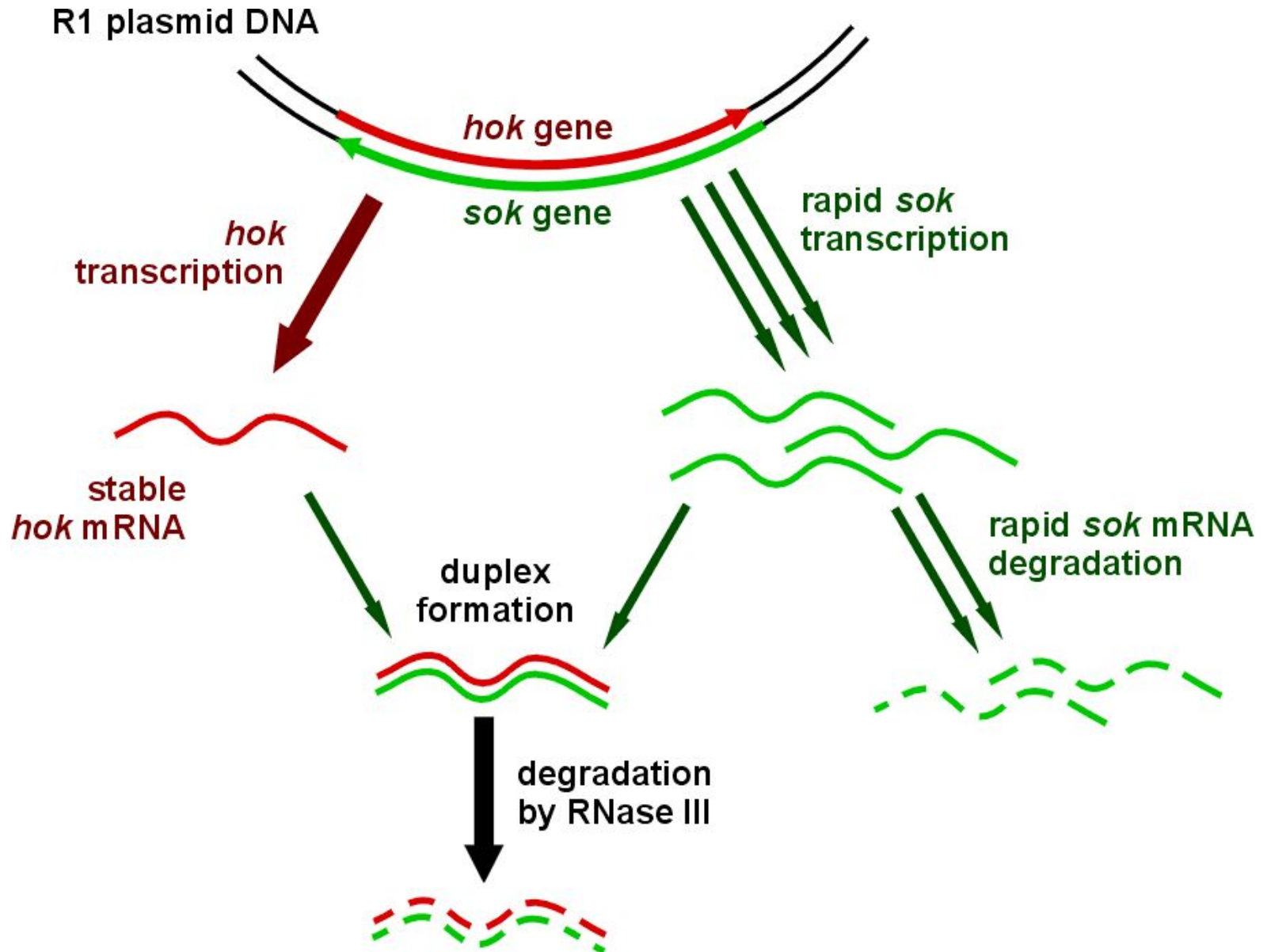
Повелитель мух



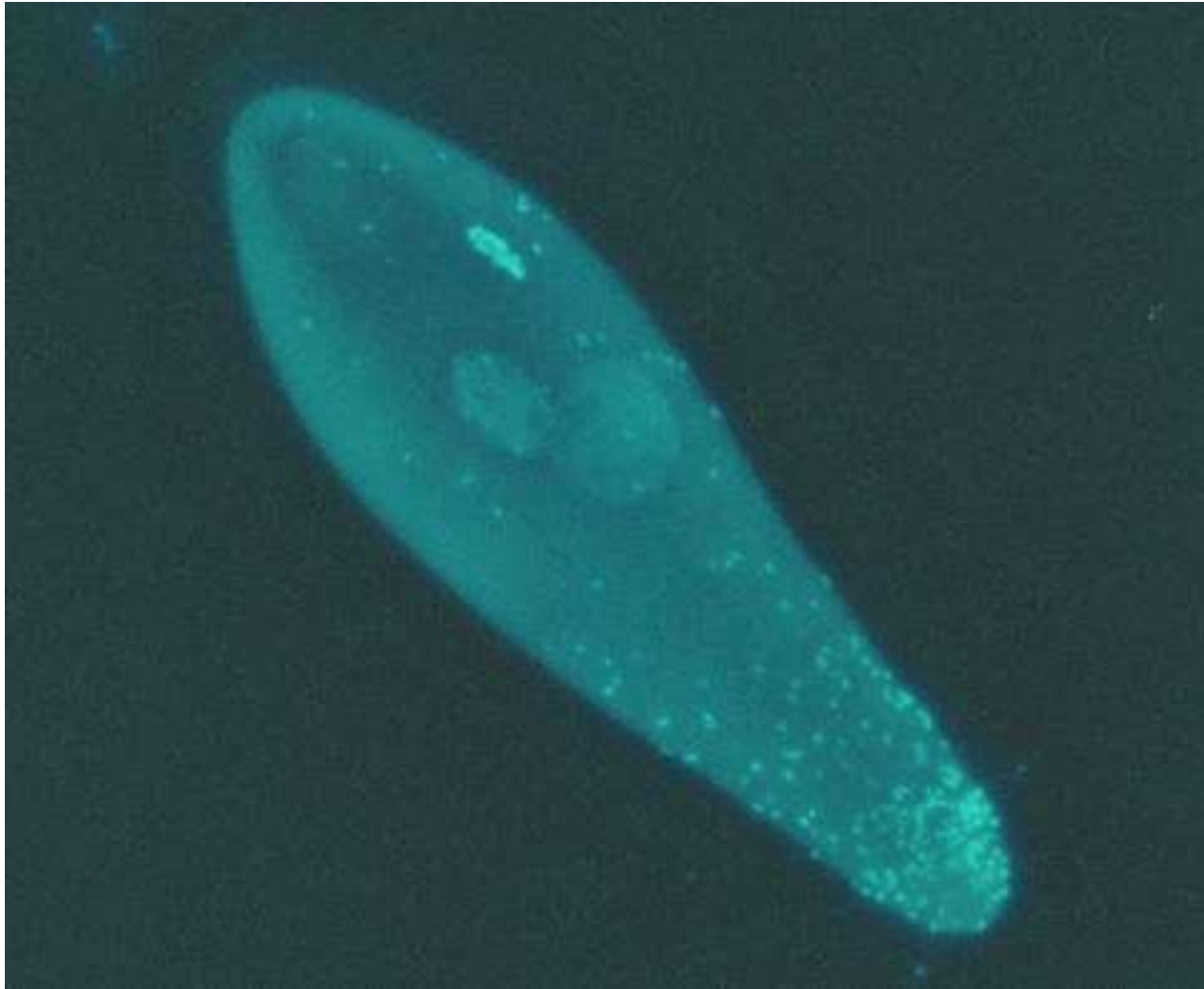
Повелитель мух



Без мене помреш!

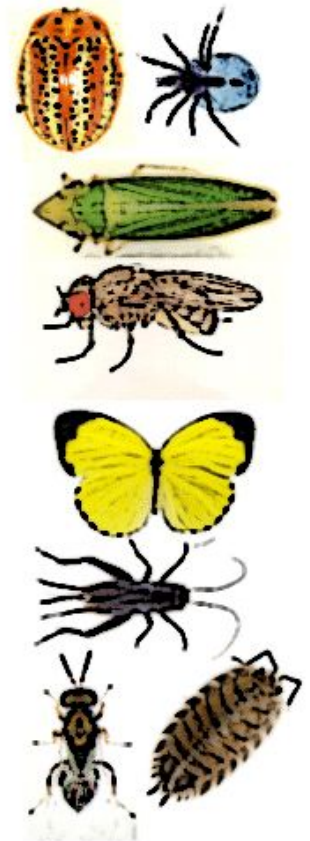
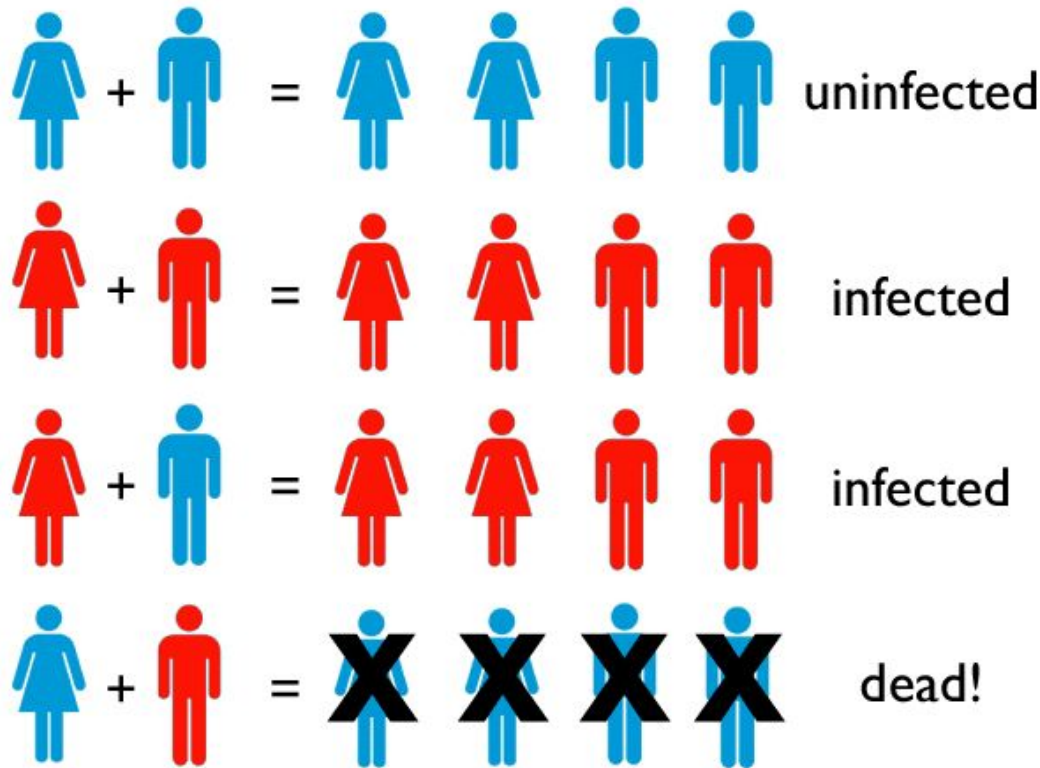


Змінюючи стать



Творці нових видів

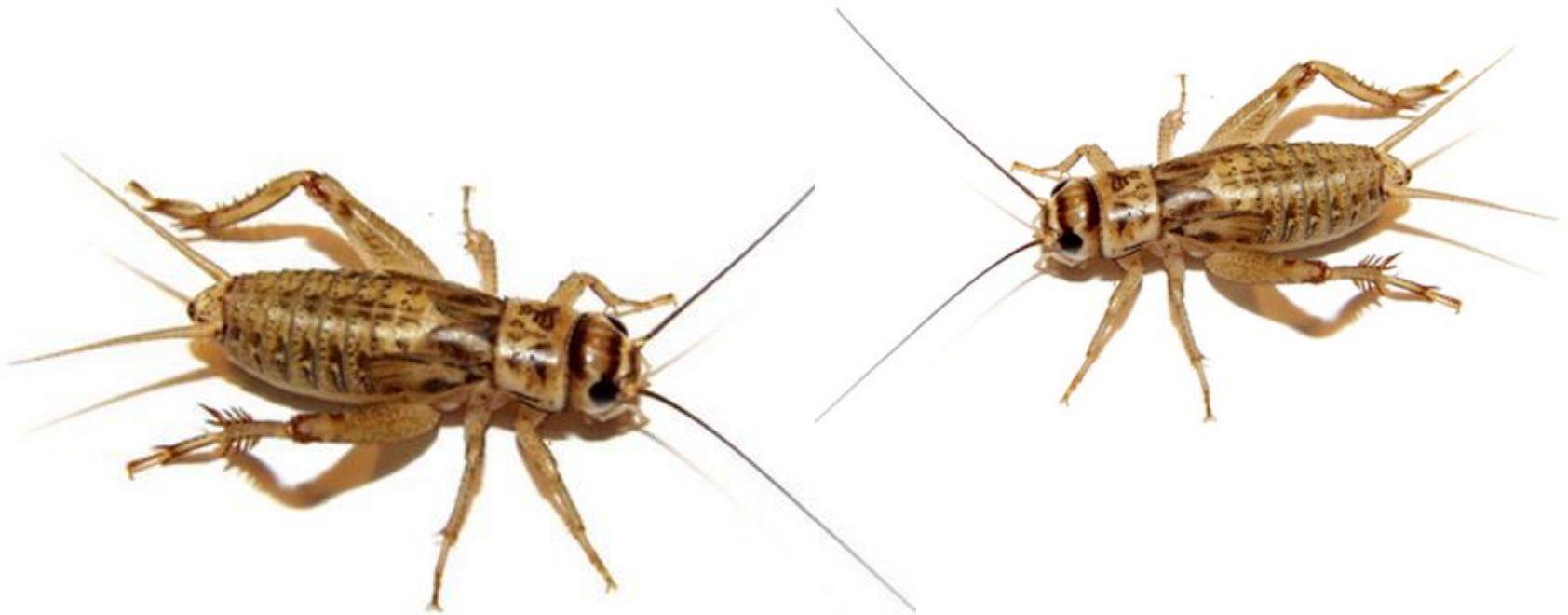
Cytoplasmic Incompatibility



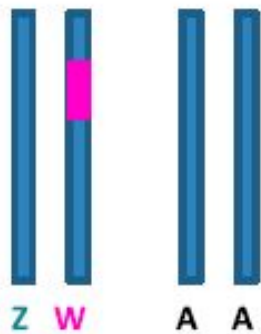
Infected males are incompatible with uninfected females

Творці нових видів

- в Північній Америці виявлені форми цвіркунів, не здатні схрещуватися один з одним, які, однак, після курсу лікування тетрацикліном раптово стають цілком сумісними і починають давати живе і здорове гібридне потомство ...



ancestral ZW chromosomal sex determination

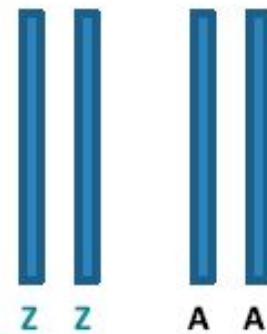


Acquisition of feminizing *Wolbachia*

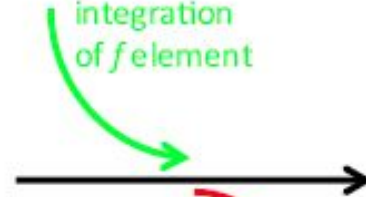


Loss of W chromosome

cytoplasmic sex determination

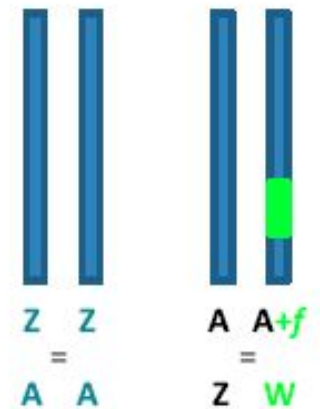


Nuclear integration of f element

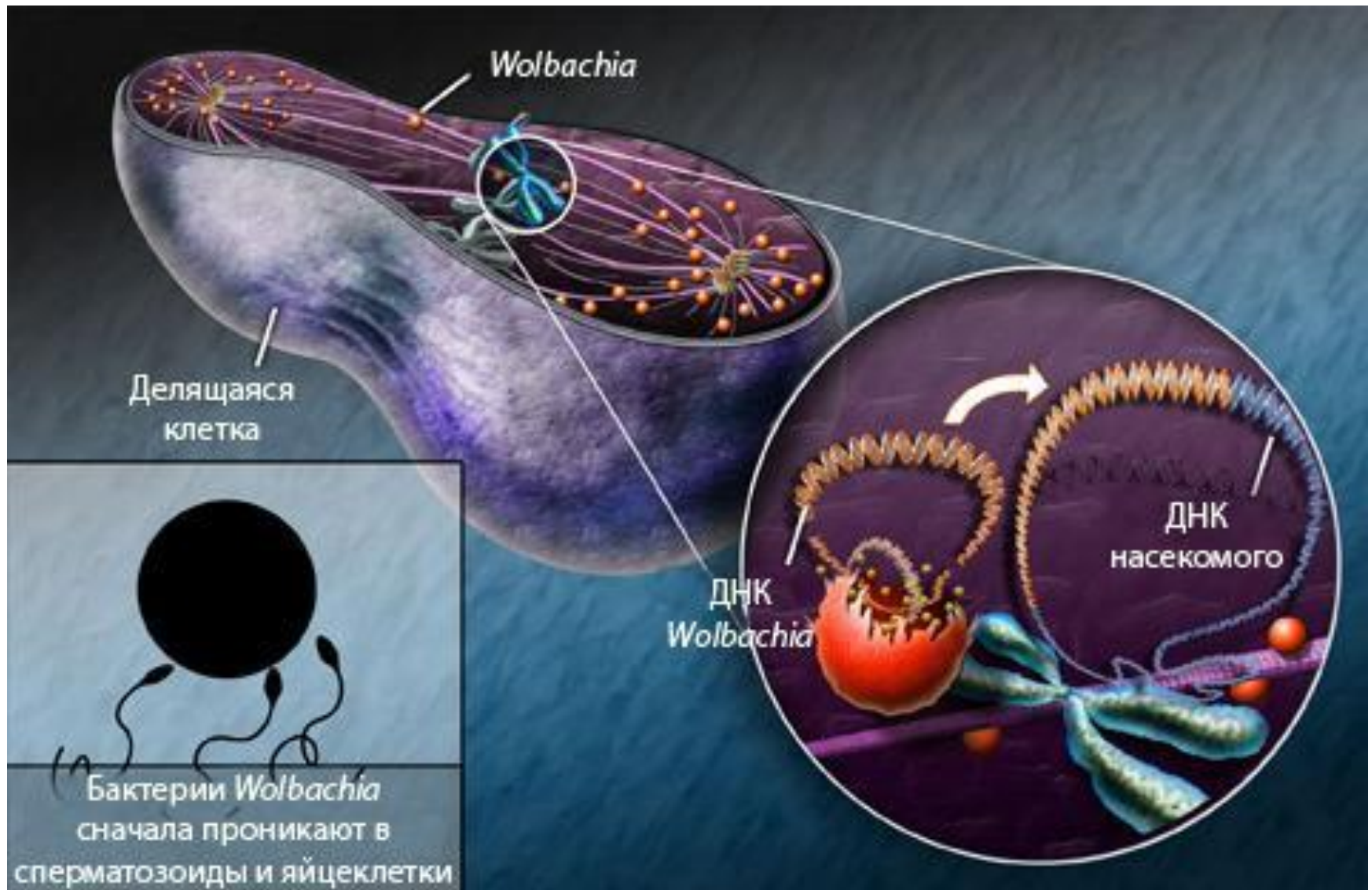


Loss of feminizing *Wolbachia*

new ZW chromosomal sex determination



А чи не занадто?

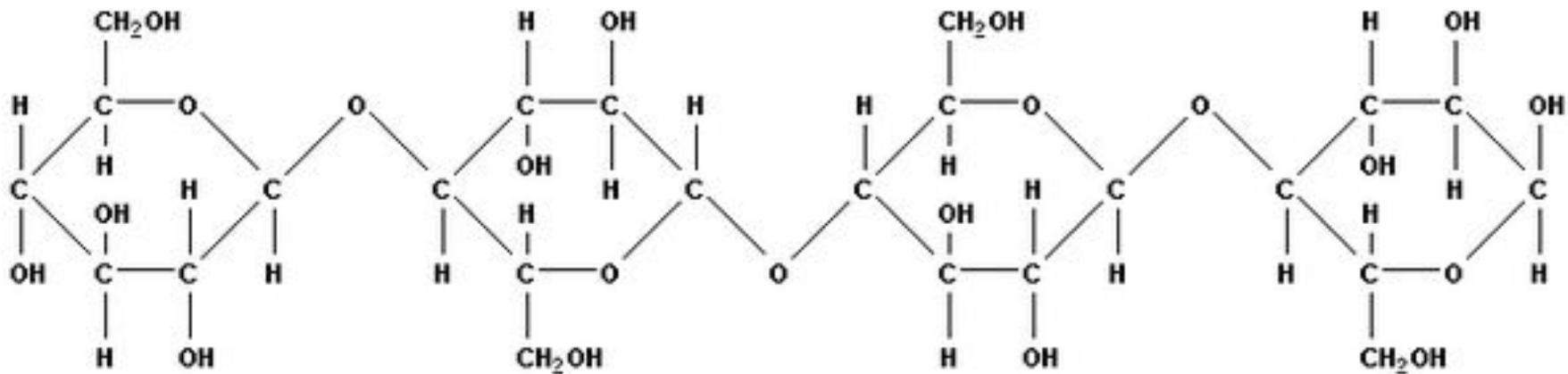


еукаріоти



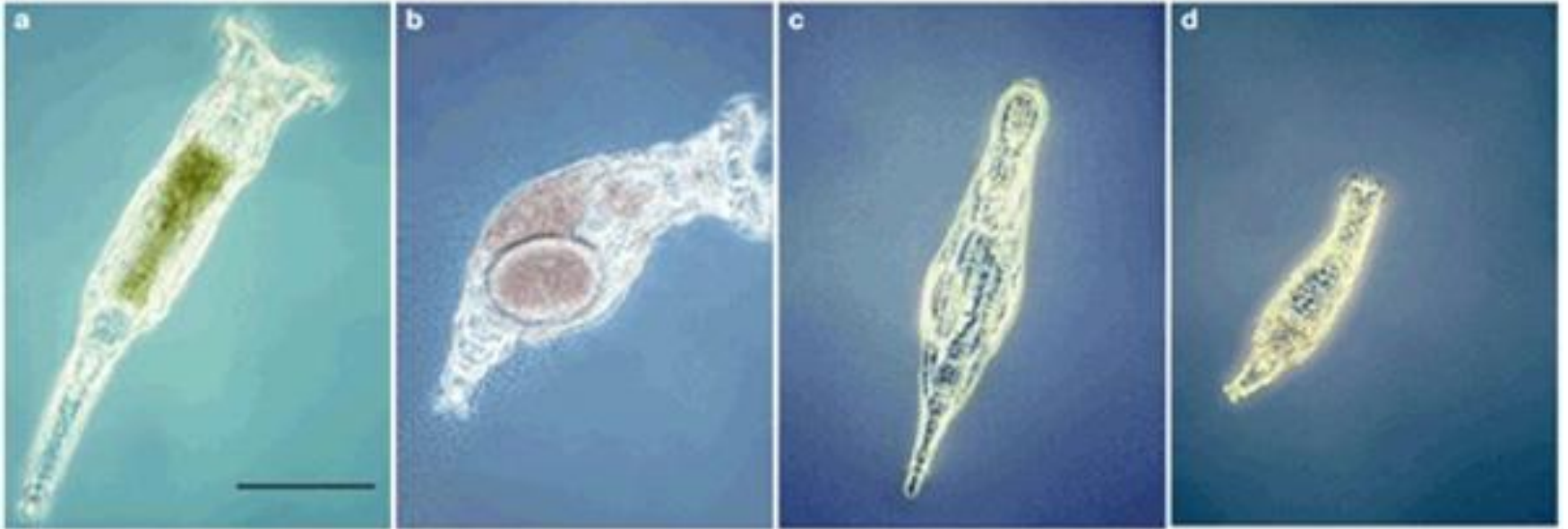
Download from Dreamstime.com
 This watermark-free image is for personal use only.

нематоди



Коловертки

Крадії генів тварин, рослин, грибів й бактерій



Факт №7. Раффлезия – паразитическое растение, получившее один из митохондриальных генов от своего хозяина – лианы *Tetrastigma*



Charles C. Davis and Kenneth J. Wurdack. **Host-to-Parasite Gene Transfer in Flowering Plants: Phylogenetic Evidence from Malpighiales**
// *Science*. 2004. V. 305. P. 676 – 678.

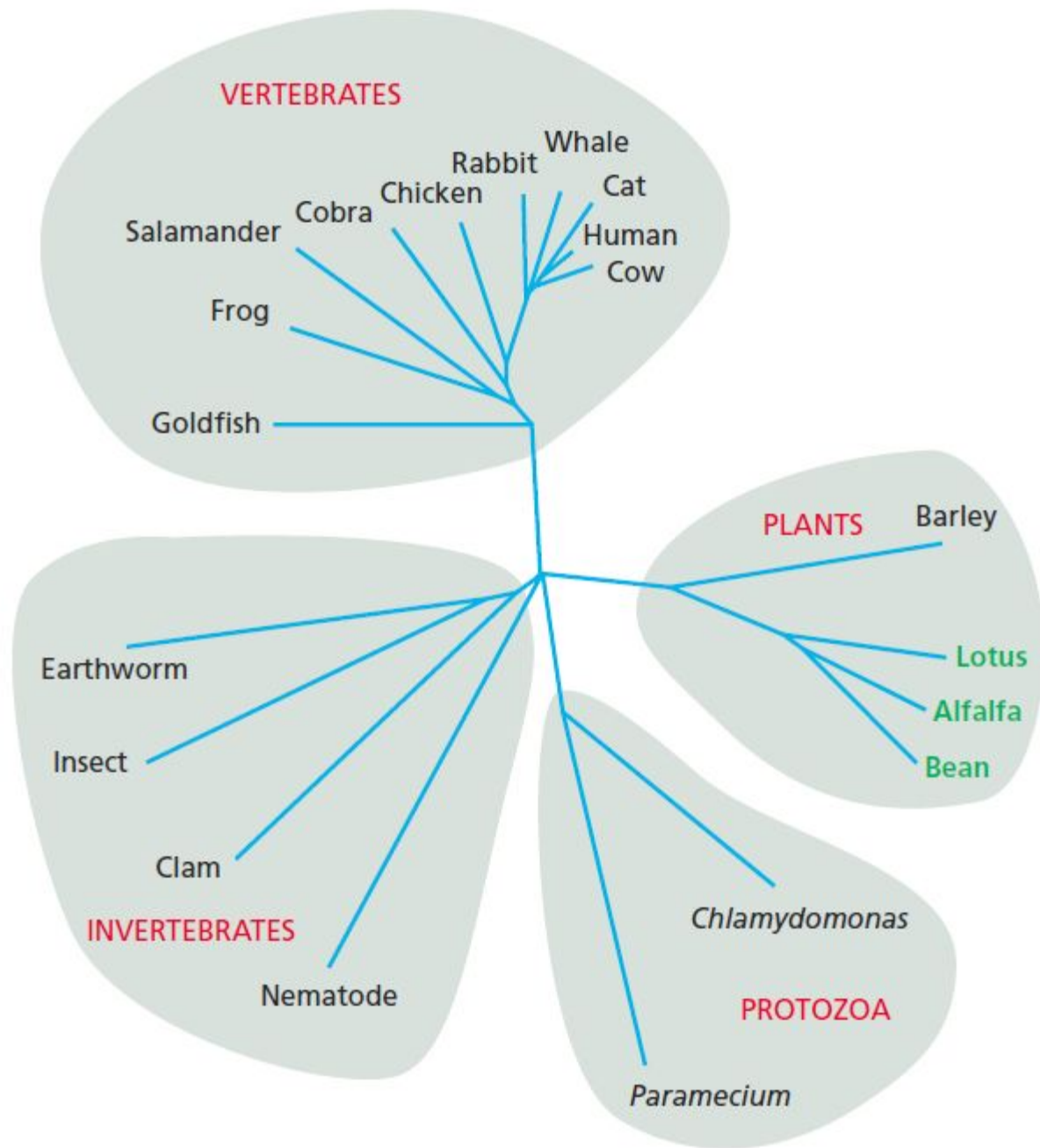
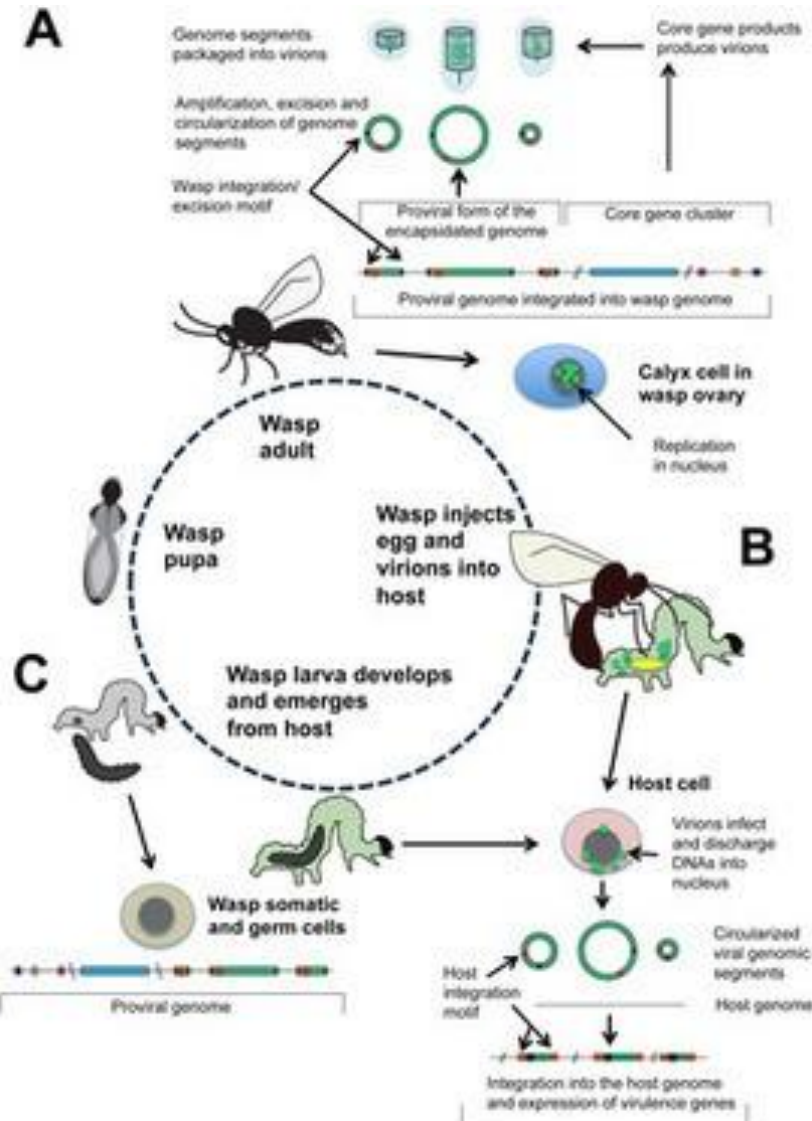
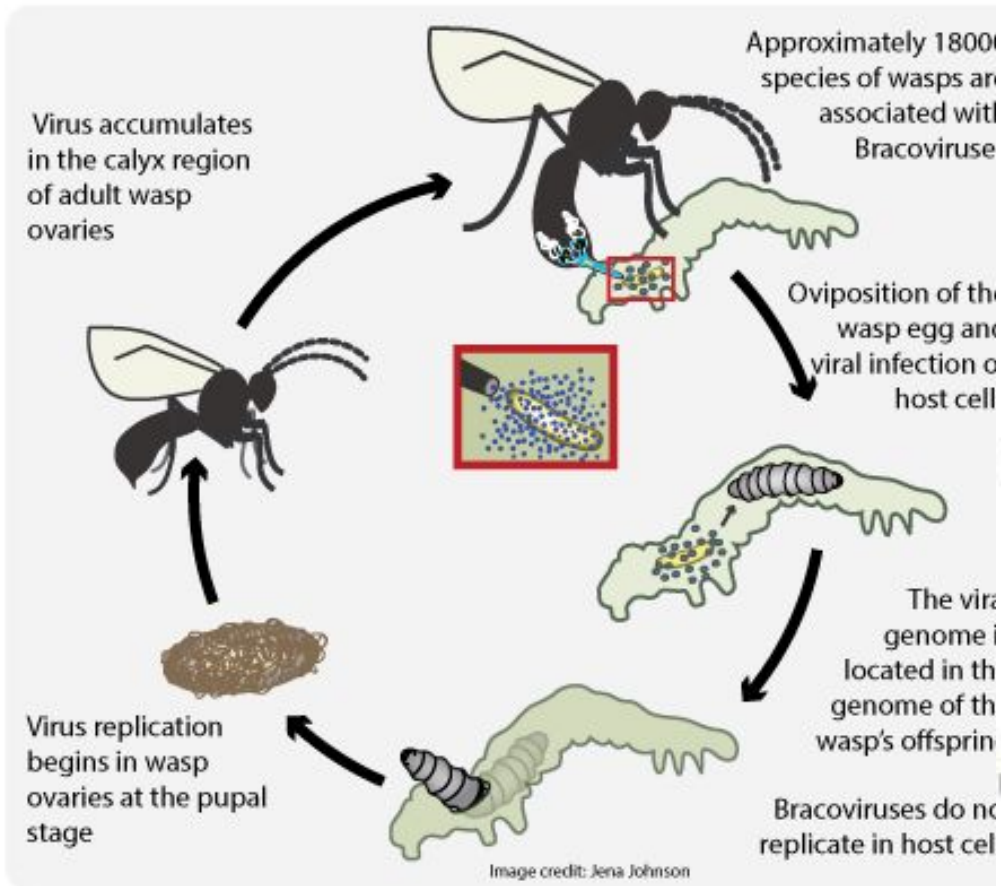
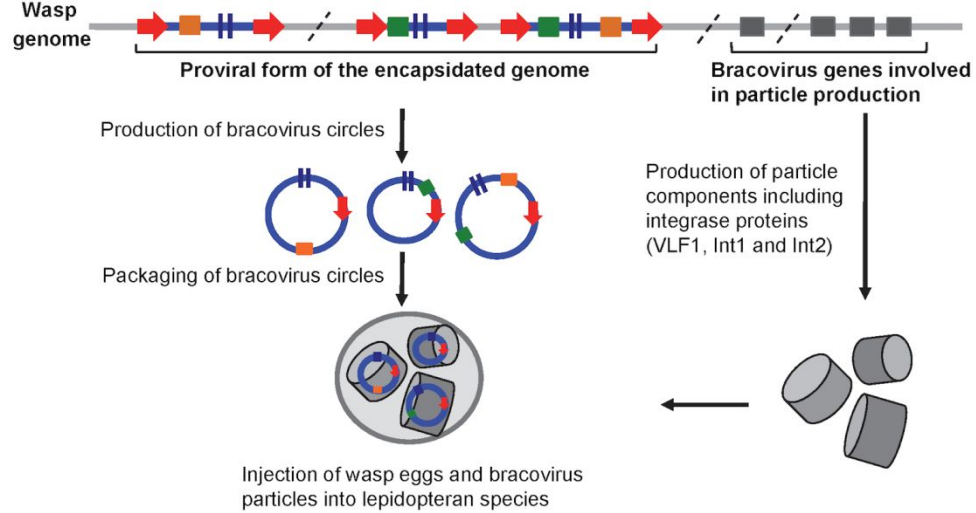


Figure O1-2 Phylogenetic tree for hemoglobin genes from a variety

Паразитичні наїздники та одомашнені віруси

Bracoviruses enable successful parasitism





1) Into regular host



Integration of bracovirus circles in host germline DNA



Hypothesis

2) Into non host

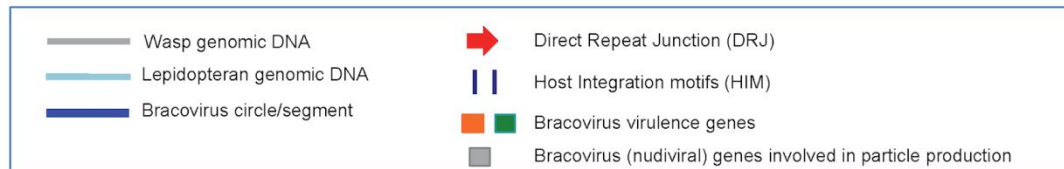


Integration of bracovirus circles in germline DNA of non-host species (or of host having survived parasitism)



No transmission
Caterpillar developmental arrest and death

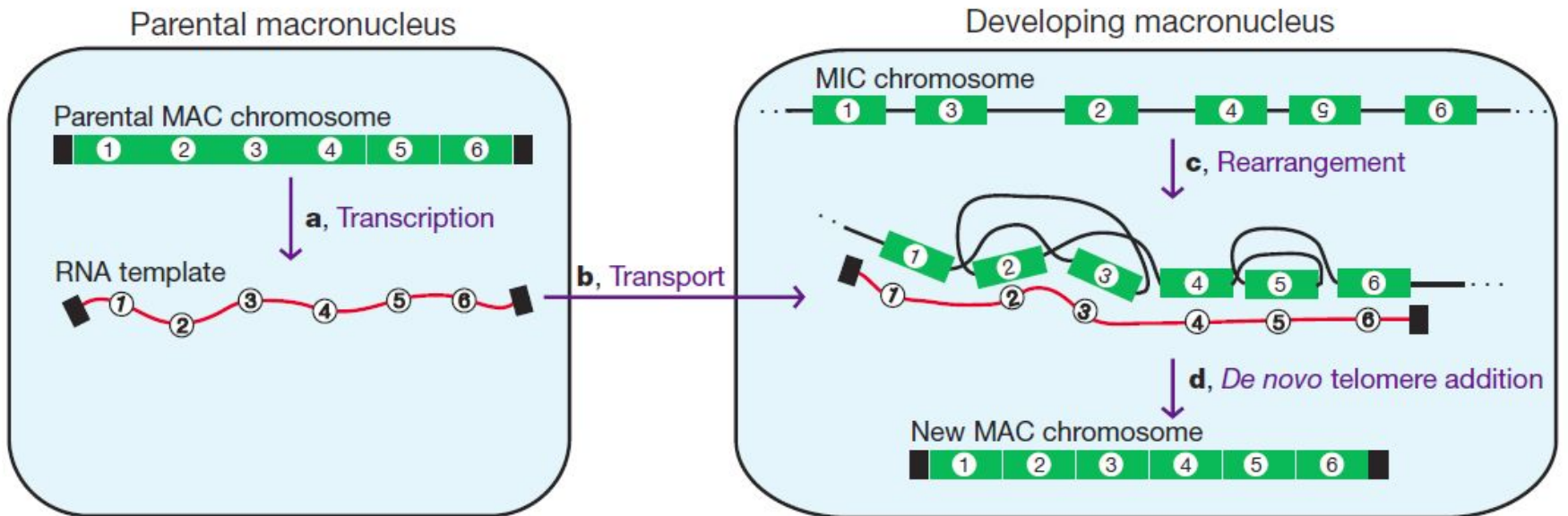
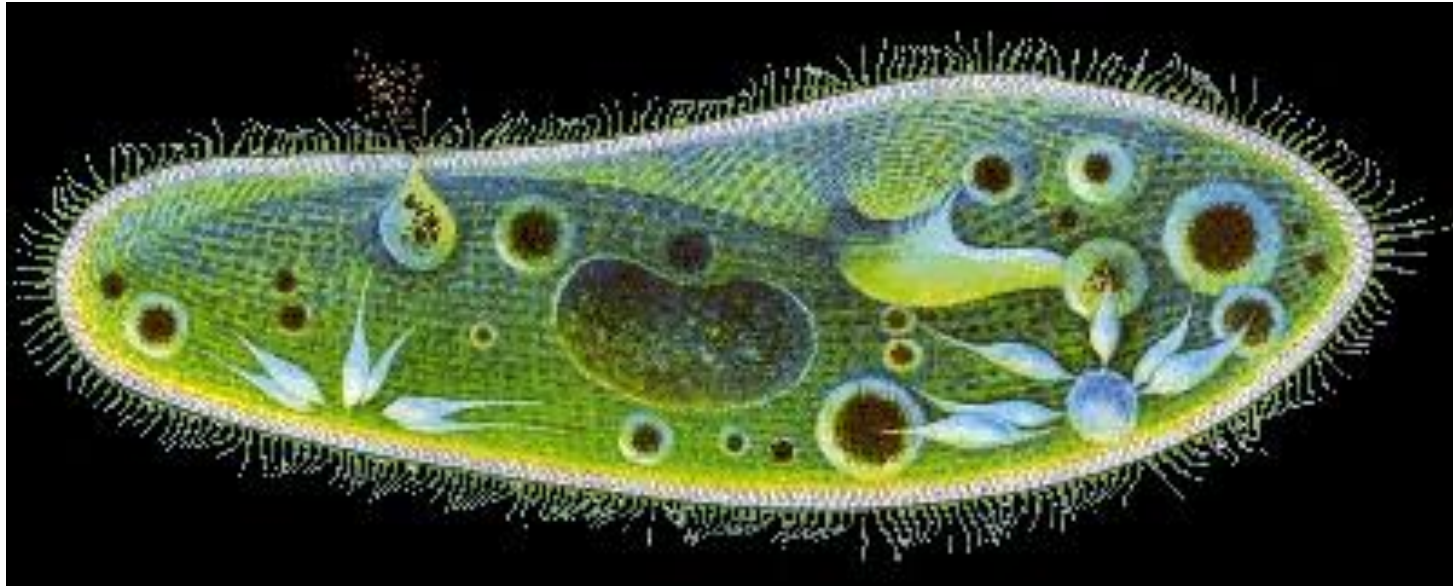
Reproductive adults
Bracovirus gene domestication
Integrated circle rearrangements
Several Million Years
BV2-5DRJ



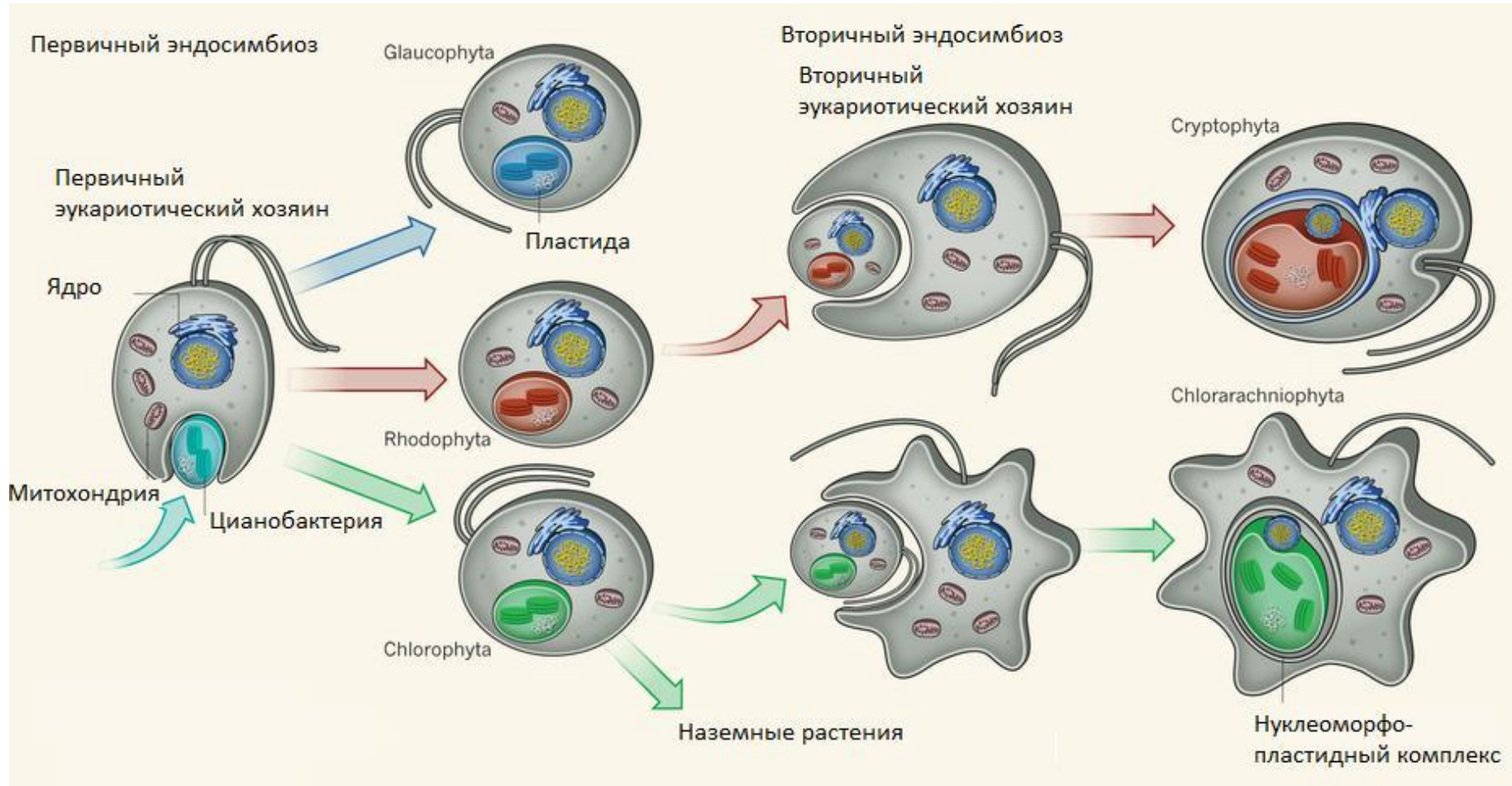
The final mark is successful because it works on many levels, some of which is subtle. It's credible, approachable and deeply layered. Starting with a **Monarch** butterfly perched on a green blade of grass, which is also a check mark and even a 'V' for verification. All positioned on a blue-sky background resulting in a powerful blend of eye-catching, positive colors that portrays "a better future."

The final designs for the verification seal and logo:

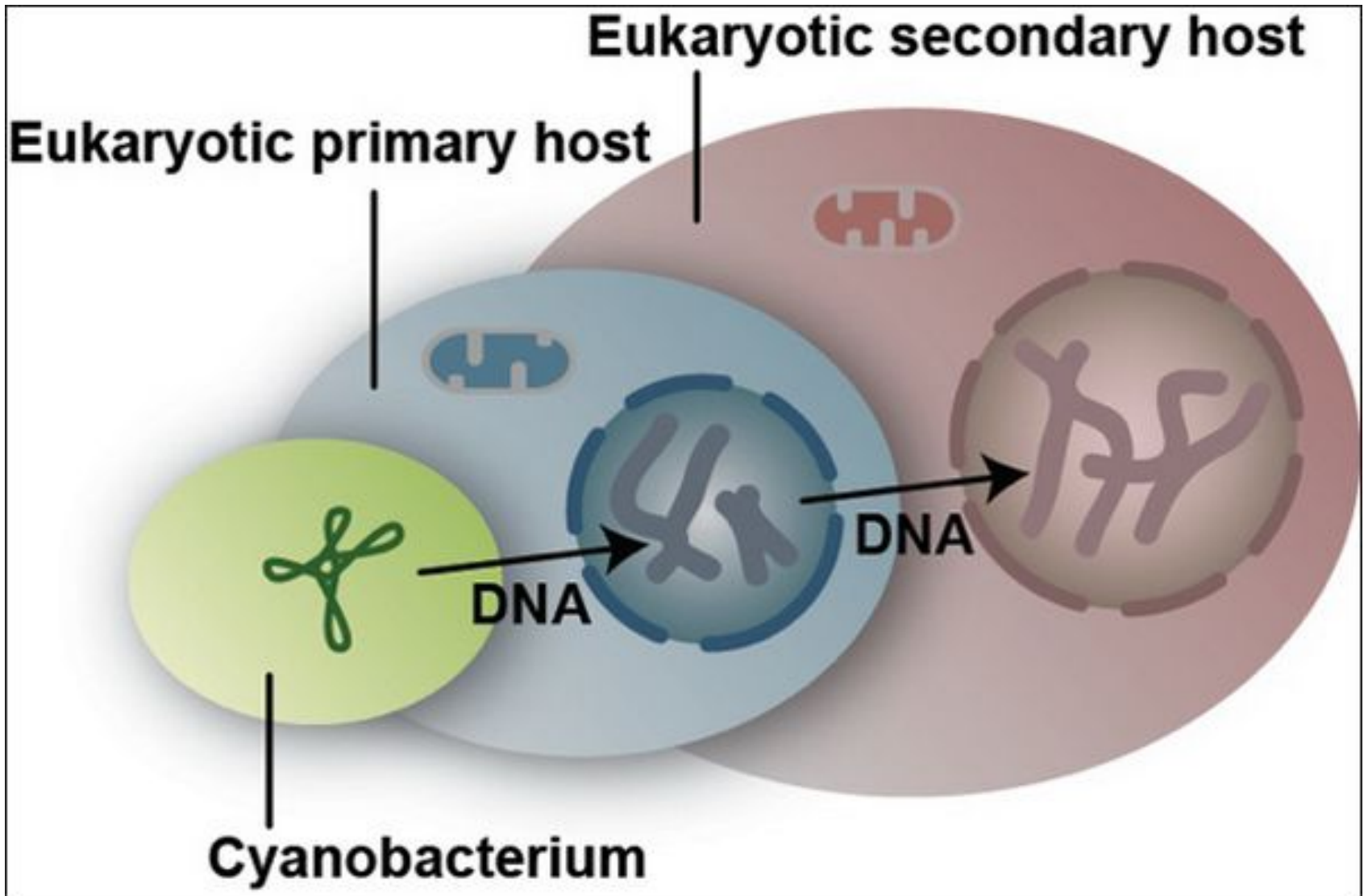




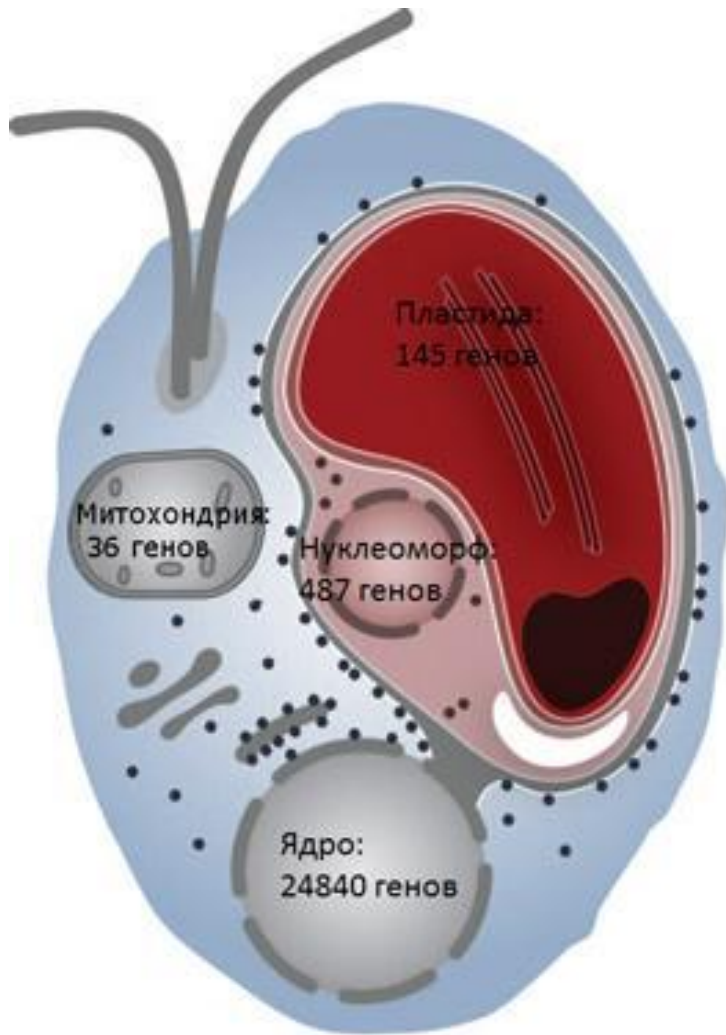
Предки прокариот у наших клетинах



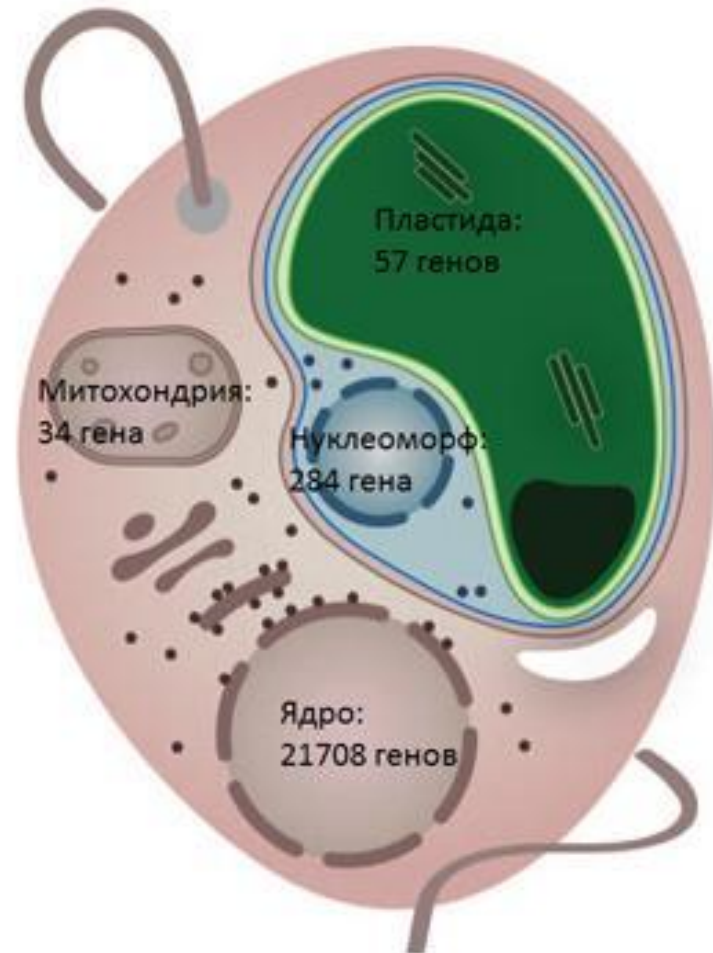
Вкладені конструкції



Матрёшки в природе



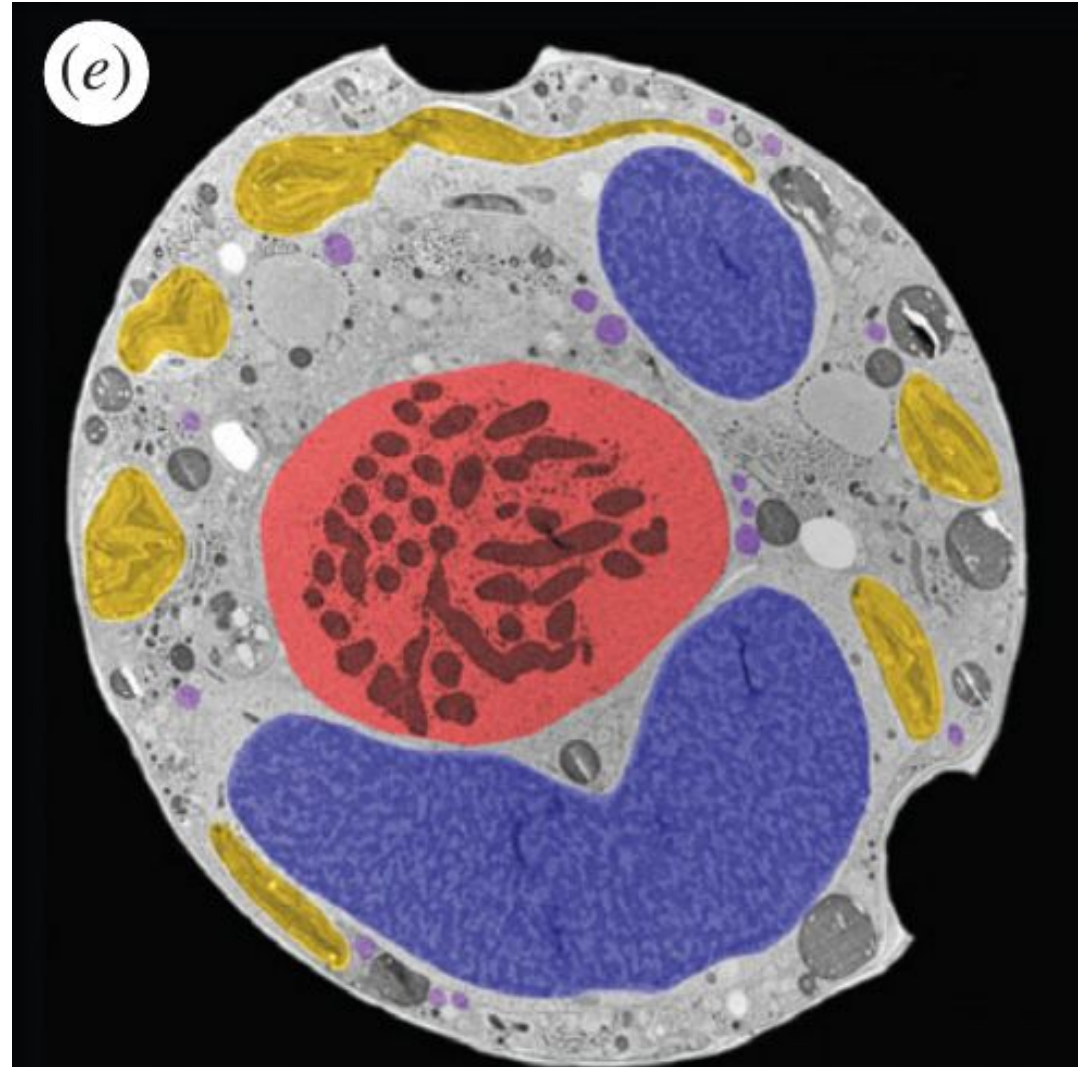
Криптофитовая водоросль *Guillardia theta*



Хлорарахниофитовая водоросль *Bigeloviella natans*

П'ять геномів в одному організмі

- Таким чином, всередині клітини дурінскіі на правах хлоропласта живе еукаріотна симбіонт, всередині якого - ще один еукаріотна симбіонт, і вже тільки всередині того - Прокаріотно симбіонт, який, власне, і фотосинтезує. Тут ендосимбіоз вже не вторинний, а третинний. У клітці дурінскіі генетично об'єднати чотири організму. І це якщо не вважати мітохондрій, які є як у дінофлагелляти, так і у діатомеї, причому і ті й інші функціонують



Ендосимбіоз

Прокаріотичні гомологи еукаріотичних генів

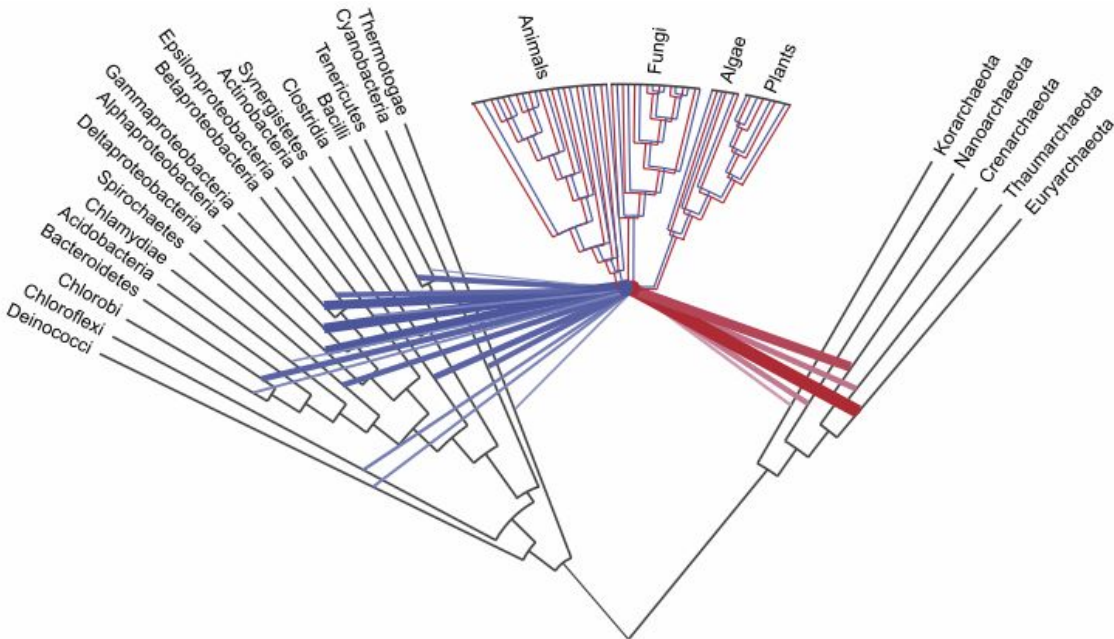


Fig. 8.—Network linking apparent prokaryotic donors to the eukaryote common ancestor according to the present findings. This network based on a traditional phylogenetic tree to which lateral edges were added. Color intensity and width of the lateral edges reflect the frequencies with which these groups appear as sisters to the eukaryotic clade.

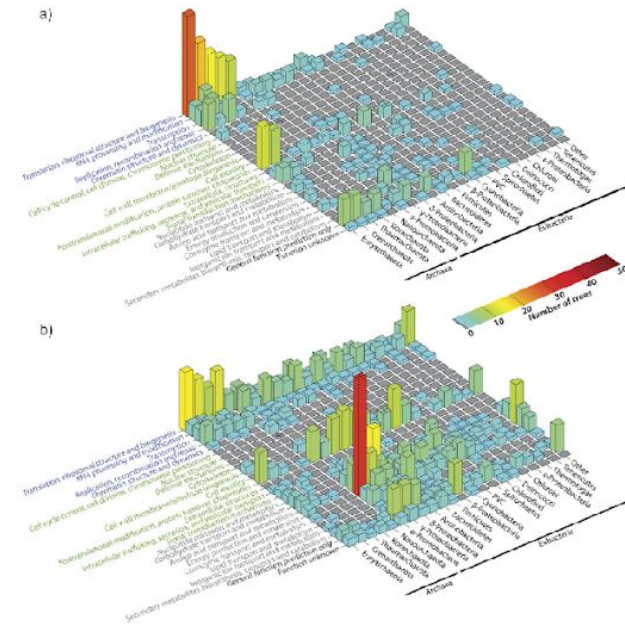
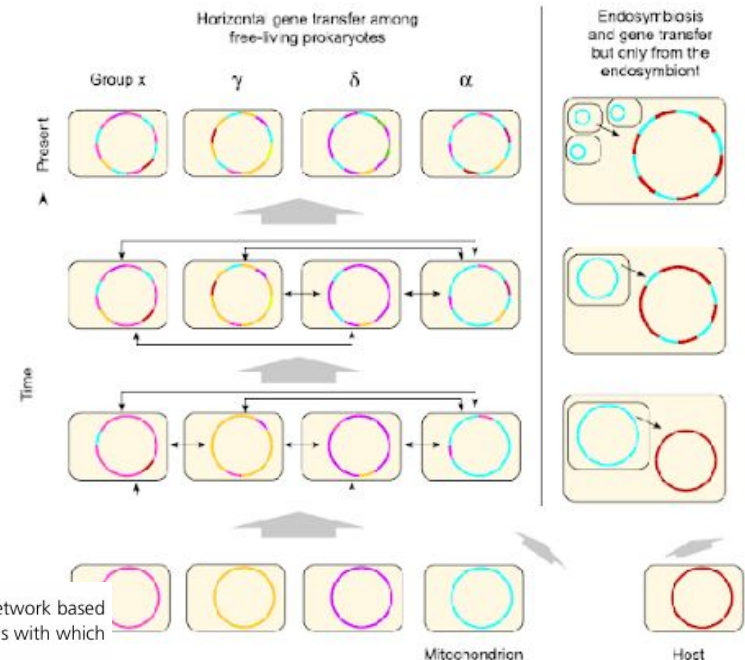
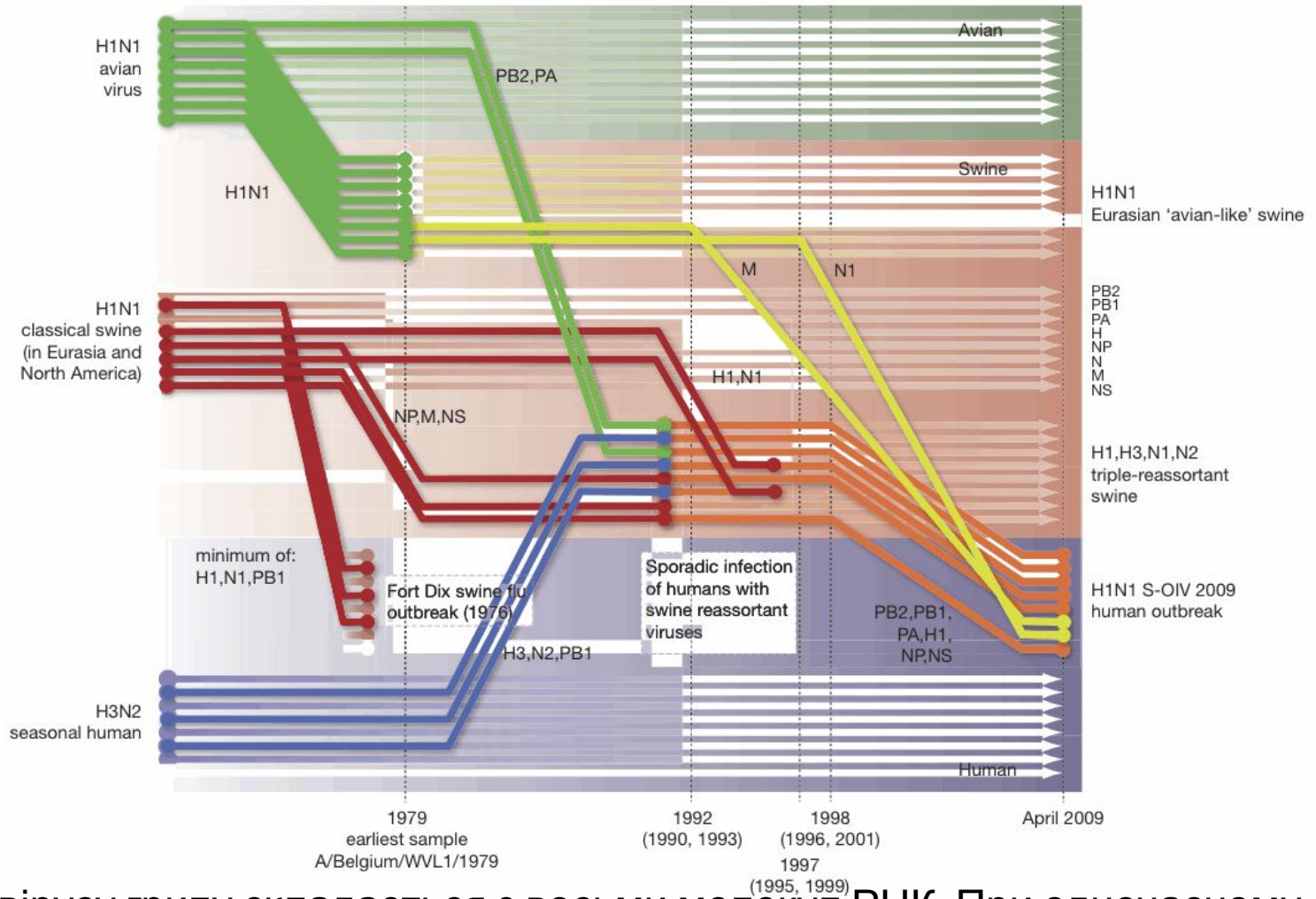


Fig. 4.—Three-dimensional bar graphs of prokaryotic groups found as sister groups to the eukaryotes distributed across functional categories according to KOG groups. The four main groups are information storage and processing (classes colored in blue), cellular processes and signaling (classes colored in green), metabolism (classes colored in gray), and poorly characterized proteins (classes colored in black). (a) Including the data from trees with 68 or fewer prokaryotic sequences. (b) Including the data from trees with more than 68 bacterial sequences. Bar height and color indicate how often a certain group was found in a tree belonging to a certain category.



Реасортація вірусів



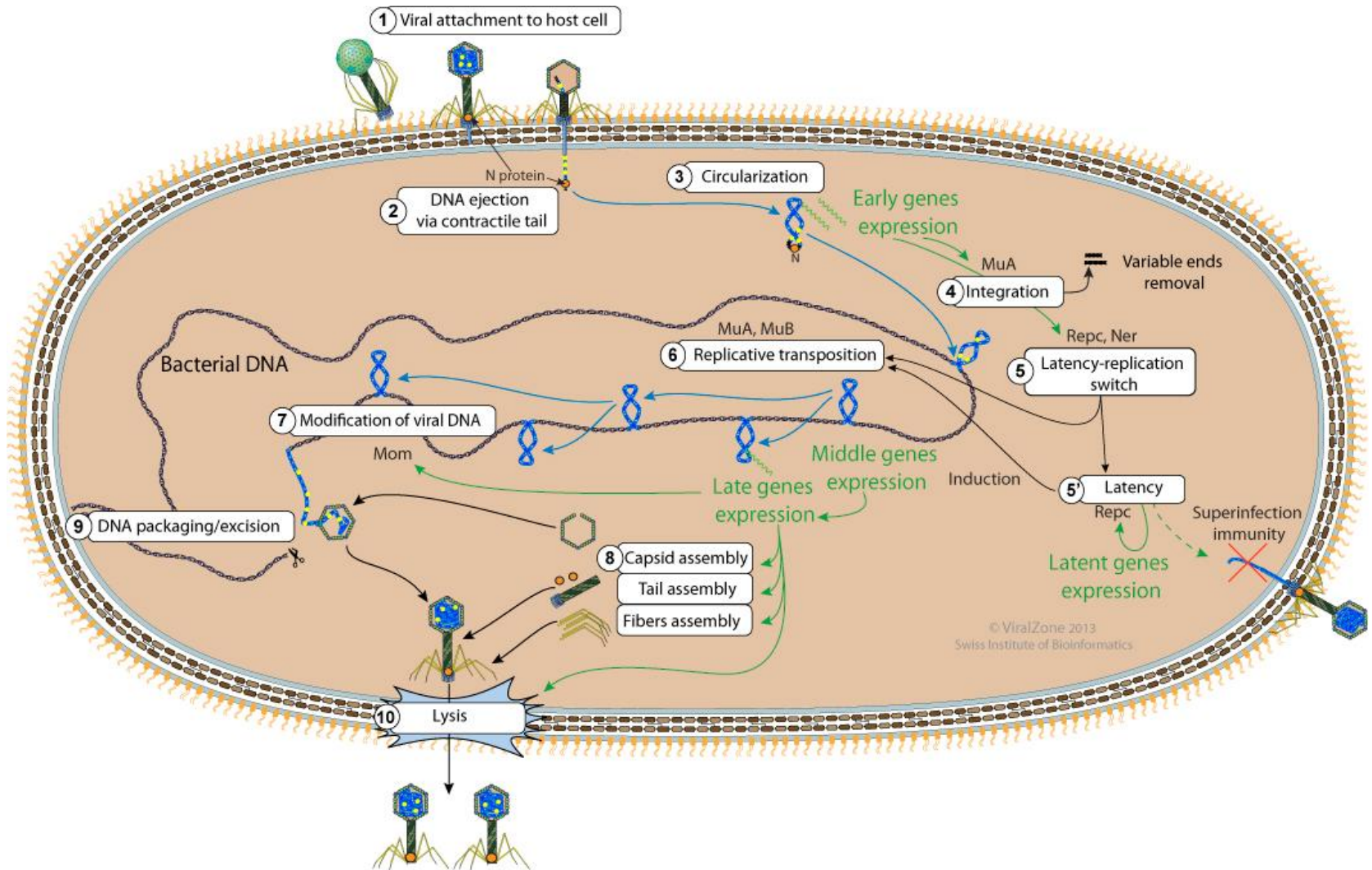
Геном вірусу грипу складається з восьми молекул РНК. При одночасному зараженні клітини двома штамми відбувається випадкова реасортація цих РНК у дочірніх віріонах

Хочу хлоропластів!



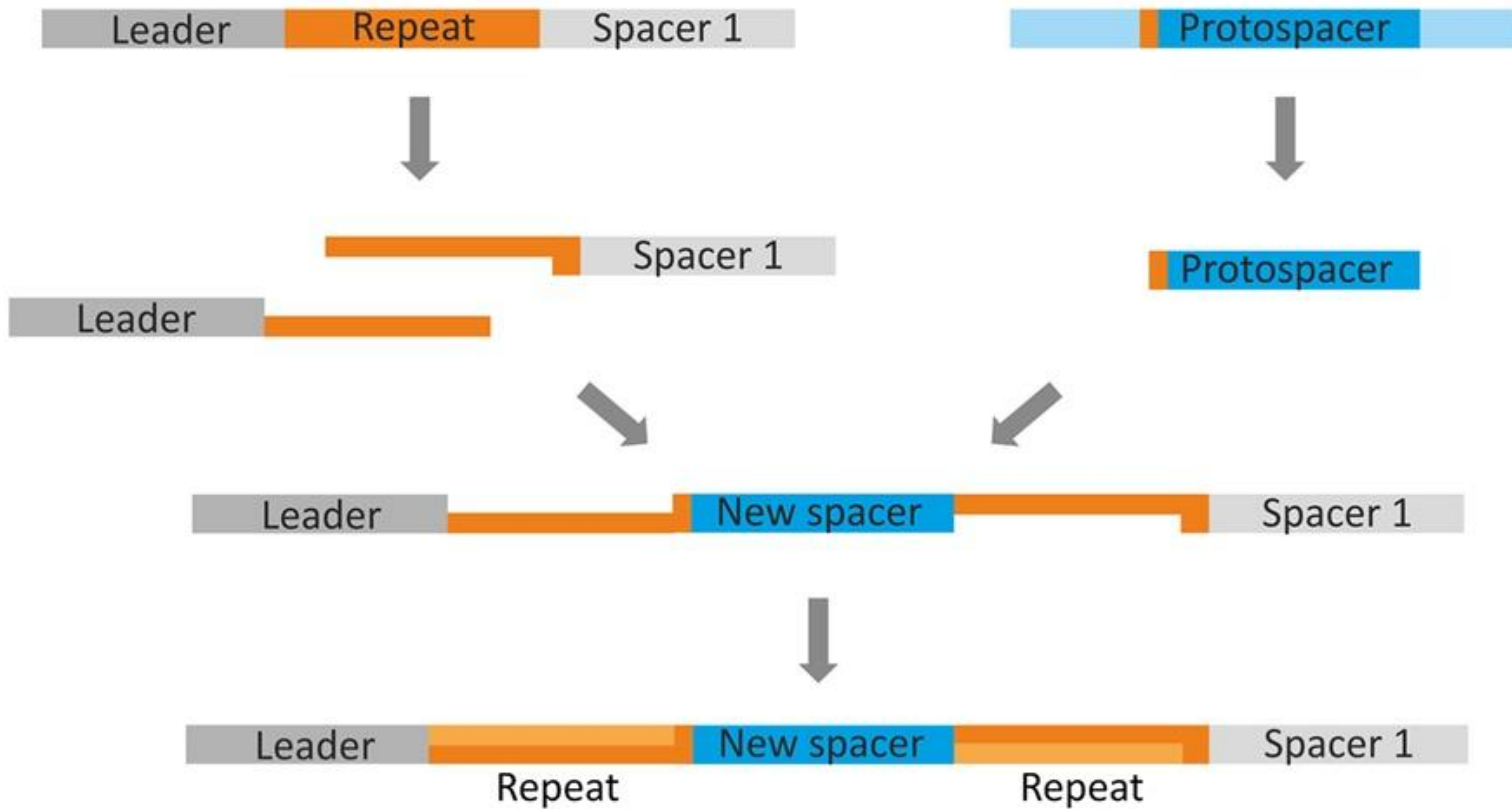
Про імунну систему

Проти вірусів їх же зброєю



CRISPR-CAS9

b





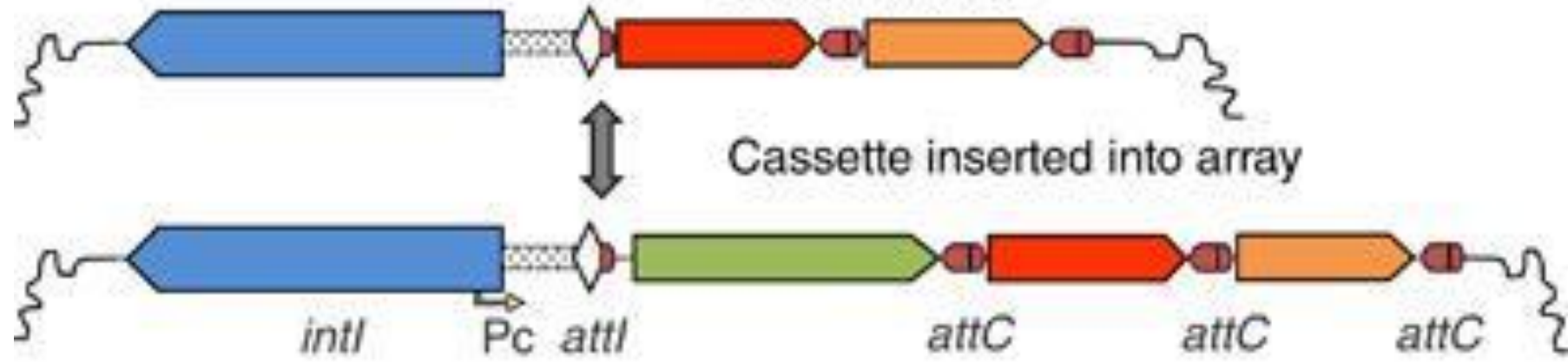
Circular gene cassette



Int1 mediated recombination



Cassette inserted into array



intl

Pc

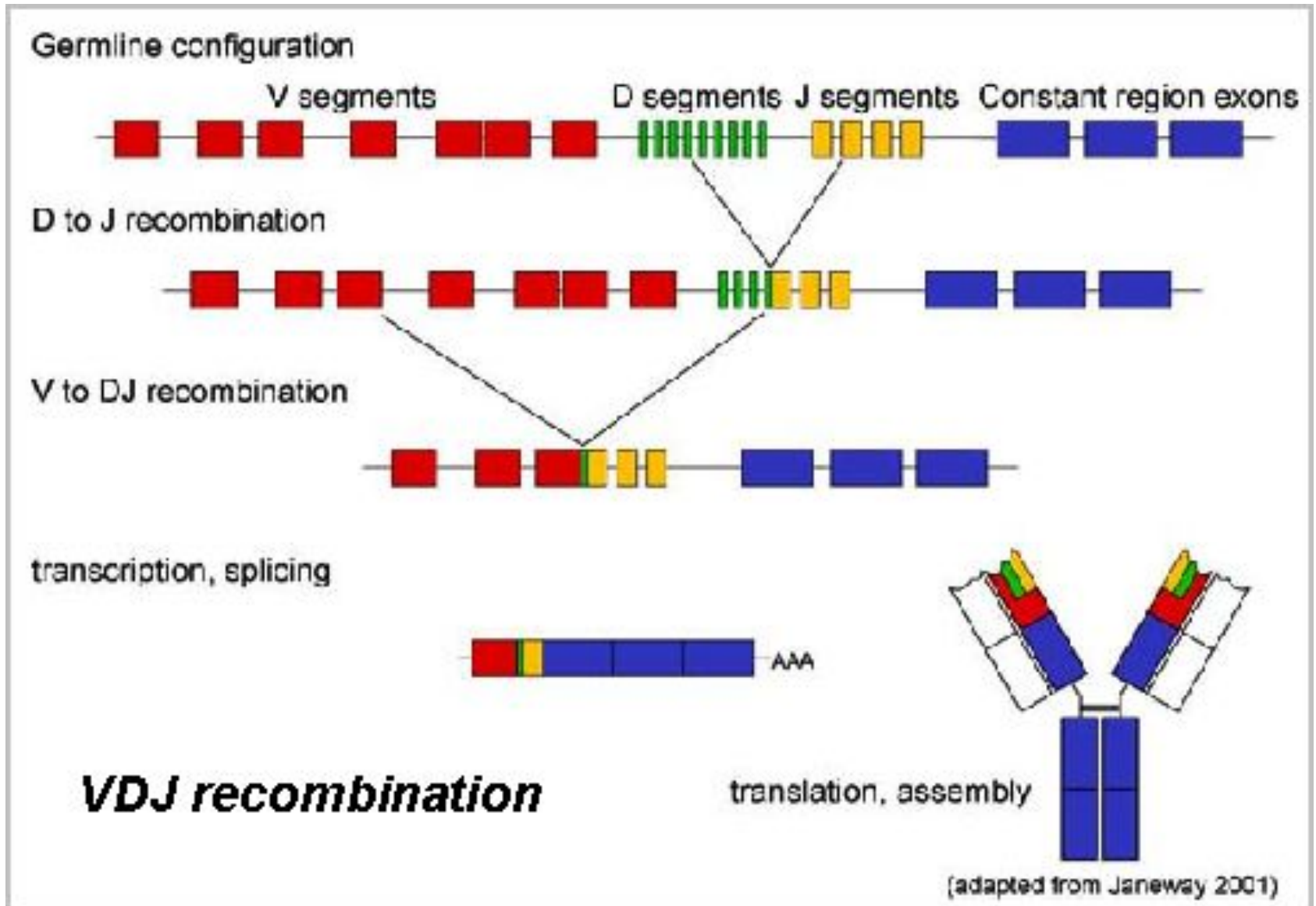
attI

attC

attC

attC

V(D)J-рекомбінація



D. Segmental VSG Conversion

Multiple silent VSG regions (pink, red, green),
up stream 70-bp repeat sequence



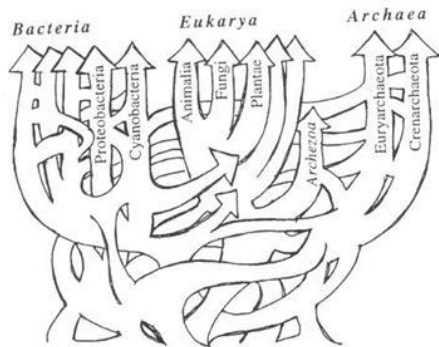
Expression Site
With active VSG (blue)



Transcription of gene conversion product with
novel mosaic VSG

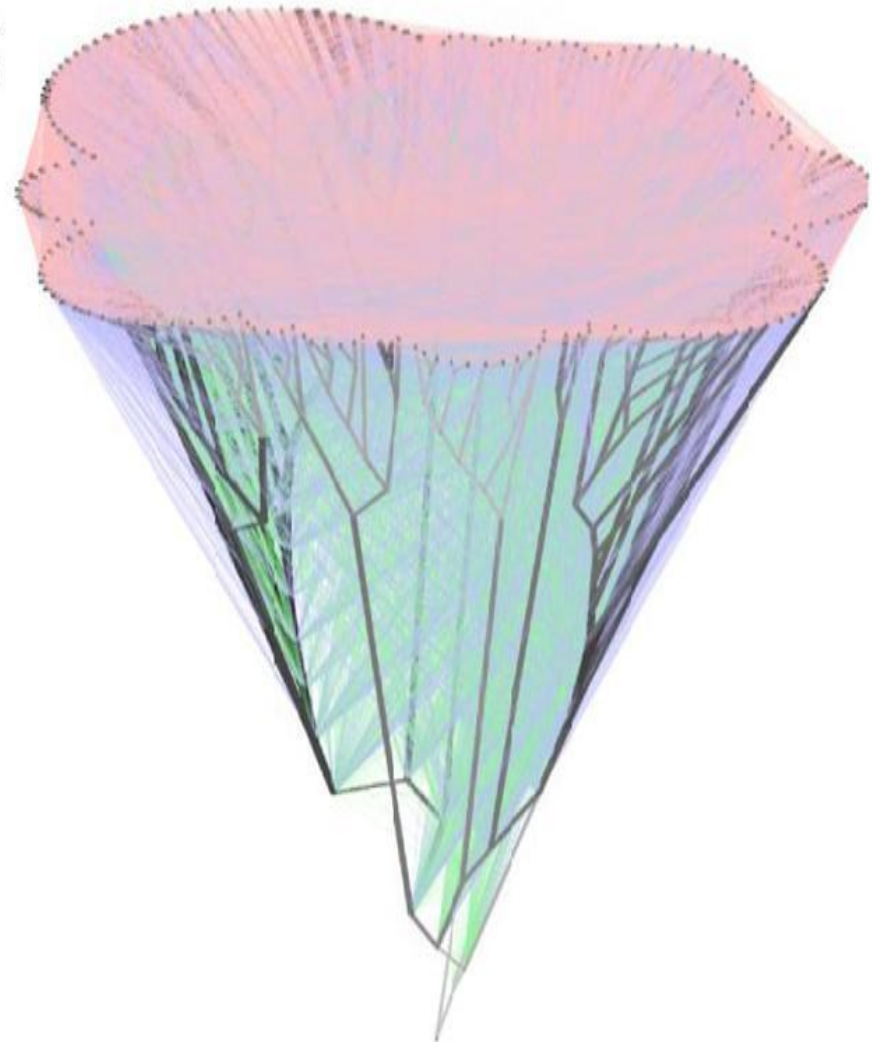
Еволюція-дерево чи сітка?

2. Данні геномики дозволяють утверждати, що в ході еволюції відбувалися масивні генні переноси як всередині царств, так і між ними.

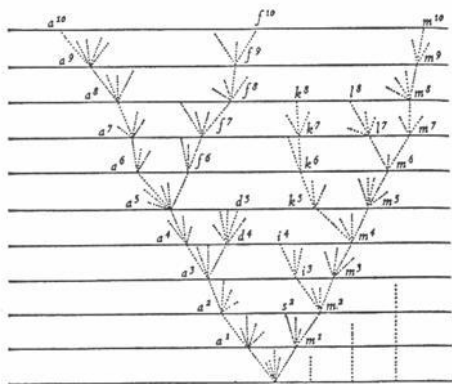


Картинка, що представляє собою складну мережу, а не дерево, що свідчить про горизонтальний перенос генів.

С



1. Традиційні представлення про філогенію, базуючись на представленнях про дивергенцію, недостаточні для розуміння генеалогії видів.

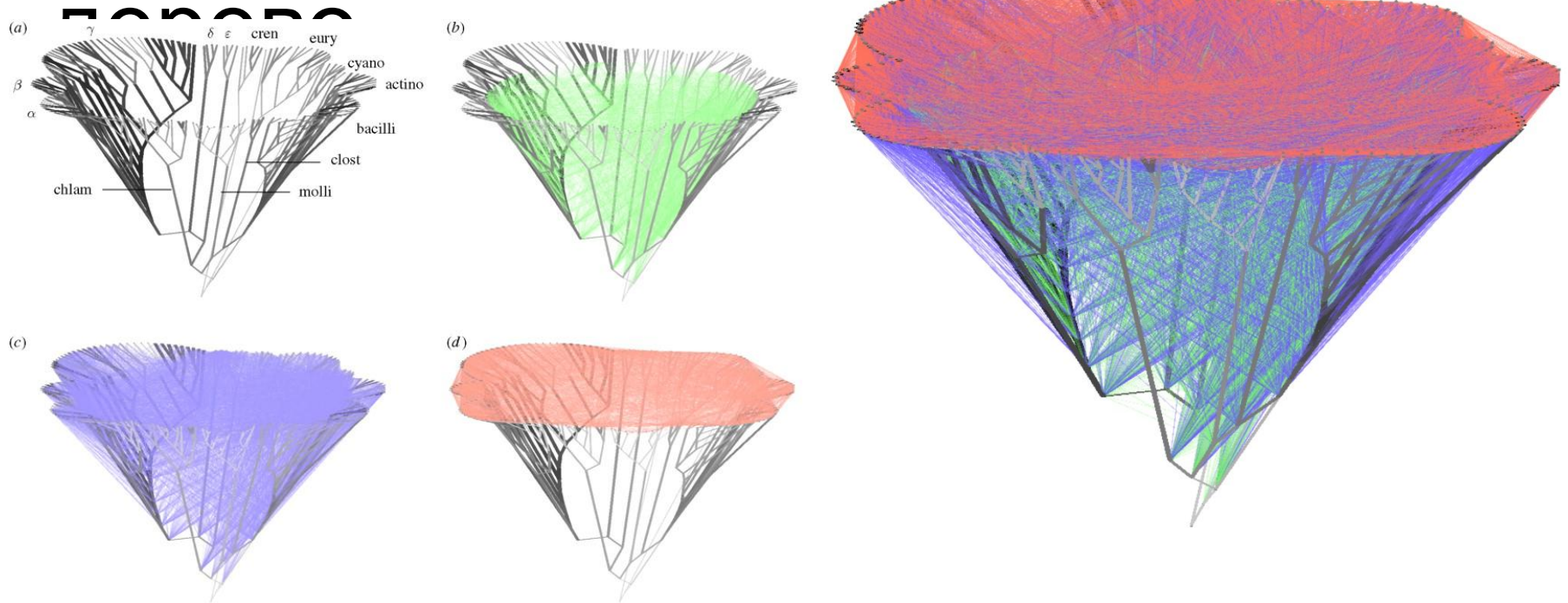


Дарвінівська схема дивергенції: гілки дерева розходяться, щоб більше ніколи не зустрілися.

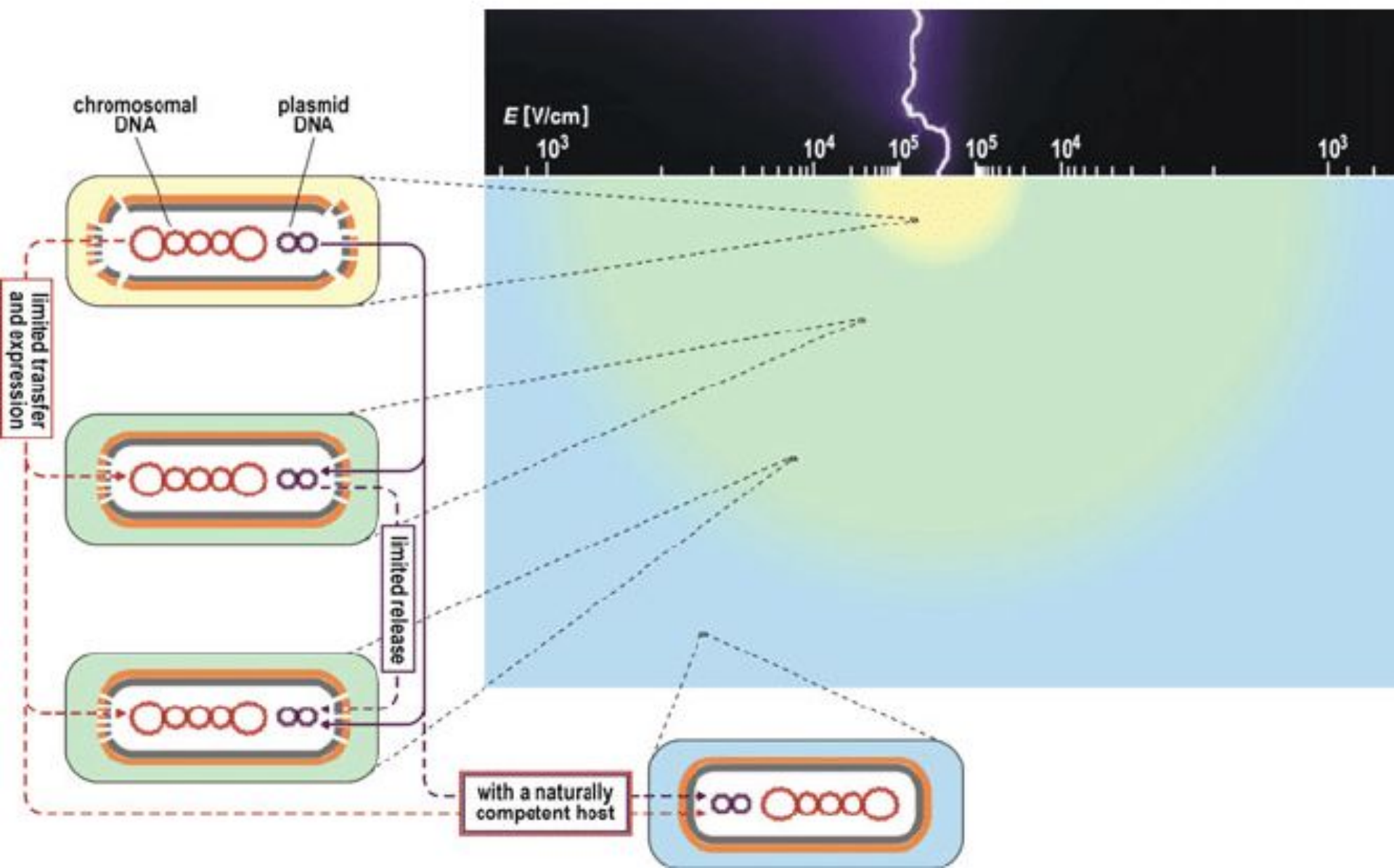
Трьохмерна схема еволюції прокариот

ГПГ

Еволюція прокаріот сітка а не



- among 539,723 genes distributed across 181 sequenced prokaryotic genomes at least 81 +/- 15% of the genes in each genome studied were involved in lateral gene transfer at some point in their history



Дякую за увагу!

