

Pasożyty stanowią ważny czynnik ewolucyjny poprzez wywieranie presji selekcyjnej na gospodarza, jak również utrzymywanie jego zmienności genetycznej. Pierwszą linię obrony przeciwko pasożytniczym infekcjom stanowi wrodzony układ odpornościowy, który poprzez receptory rozpoznające wzorce (ang. pattern recognition receptors; PRR) jest w stanie wykryć patogeny i rozpocząć reakcję immunologiczną. Do grupy receptorów rozpoznających wzorce należą receptory toll-like (TLR) rozpoznające konserwatywne wzorce molekularne związane z patogenami (ang. pathogen associated molecular patterns; PAMP). Poszczególne grupy receptorów toll-like odpowiadają za rozpoznawanie różnych ligandów. Dotychczasowe badania pokazują związek pomiędzy podatnością bądź odpornością na różne choroby u ludzi, a występowaniem specyficznych alleli receptorów toll-like. U ptaków najlepiej poznanym gatunkiem pod względem receptorów toll-like jest kura domowa, ale rośnie liczba badań na innych gatunkach. Pomimo to, związek pomiędzy naturalnymi pasożytami a zmiennością genetyczną receptorów toll-like u dziko żyjących ptaków jest słabo poznany.

W naszych badaniach chcemy sprawdzić czy istnieje związek pomiędzy zmiennością genetyczną receptorów toll-like a infekcjami wywoływaną przez powszechnie występujące pierwotniaki (rodzaje *Leucocytozoon*, *Haemoproteus*, *Plasmodium*, *Trypanosoma*). Jeśli tak, to jak ten związek wygląda. Czy większa zmienność receptorów toll-like wiąże się z odpornością na infekcje / zdolnością do ich całkowitego zwalczania, czy może wpływa tylko na obniżenie intensywności zapasożycenia? Czy ten wpływ jest zróżnicowany w zależności od rodzaju analizowanego pasożyta? Czy koinfekcje pasożytów mają znaczenie? Interesujące jest również, czy receptory toll-like poprzez wpływ na odporność / podatność na infekcje wpływają też pośrednio na przeżywalność i sukces reprodukcyjny posiadających je ptaków.

Odpowiedzi na powyższe pytania będziemy szukać poprzez przeprowadzenie badań na trzech gatunkach dziko żyjących ptaków wróblowych (modraszce, bogatce i muchołówce białoszyjej) i naturalnie występujących infekcjach pierwotniakowych. Do oceny zapasożycenia i zmienności genetycznej receptorów toll-like zastosujemy narzędzia molekularne: PCR, ilościowy PCR w czasie rzeczywistym, tradycyjne sekwencjonowanie i sekwencjonowanie nowej generacji - MiSeq Illumina. Warto zaznaczyć, że będą to pierwsze tego typu badania prowadzone na dziko żyjących ptakach i ich naturalnie występujących pasożytach, a ich wyniki pozwolą na lepsze poznanie koewolucji pasożyta i gospodarza.