

Wiele aspektów biologii owadów determinowanych jest przez zamieszkujące ich tkanki mikroorganizmy, przede wszystkim bakterie i grzyby. Wielokrotnie wchodziły one w bliskie, długoterminowe związki z owadami (symbiozy), często tworząc wielogatunkowe zbiorowiska w tkankach tego samego gospodarza (mikrobiom). Ze względu na znaczenie symbioz dla biologii owadów istotnych dla funkcjonowania ekosystemów i gospodarki ludzkiej, mają one duże znaczenie nie tylko dla nauk podstawowych, ale też nauk stosowanych: rolnictwa czy medycyny. W ciągu ostatnich dwudziestu lat, głównie dzięki szybkiemu postępowi w technologiach sekwencjonowania DNA, znacznie poszerzył się zakres wiedzy o różnorodności i ewolucji symbioz owadów. W szczególności, badania nad organizmami modelowymi takimi jak pszczoły i mszyce pozwoliły na poznanie wielu aspektów biologii symbiontów. Jednak nie licząc tych systemów modelowych, nasza wiedza dotycząca zróżnicowania symbioz owadów jest fragmentaryczna.

Celem proponowanego projektu jest kompleksowy opis symbioz w bardzo dużej kolekcji owadów. Projekt będzie realizowany w bliskiej współpracy z projektem Insect Biome Atlas (IBA), który w roku 2019 prowadzić będzie zakrojony na dużą skalę zbiór owadów latających w Szwecji. IBA zapewni dostęp do danych dotyczących rozmieszczenia gatunków w czasie i przestrzeni, ale przede wszystkim do zebranych okazów. Wykorzystamy je do badania mikrobiomu przy użyciu nowoczesnych, wysokoprzepustowych technik sekwencjonowania nowej generacji. Po pierwsze, w celu opisanego wpływu taksonomii i biologii owadów na ich symbiozy, przeanalizujemy mikrobiomy kilku tysięcy gatunków owadów zebranych w tym samym czasie na terenie całej Szwecji. Następnie, aby zrozumieć zmienność sezonową i geograficzną oraz wpływ czynników środowiskowych na skład mikrobiomów, wybierzemy gatunki owadów obecne na wielu stanowiskach i zebrane przez IBA w różnych terminach, i dla każdego z tych gatunków scharakteryzujemy symbiozy dużej liczby osobników. Ostatnim etapem badań będzie rekonstrukcja transmisji symbiontów pomiędzy gatunkami owadów i opis mechanizmów transmisji. Osiągniemy to poprzez sekwencjonowanie genomów części okazów i porównanie drzew filogenetycznych symbiontów i gospodarzy.

Proponowany projekt poszerzy wiedzę dotyczącą różnorodności mikroorganizmów symbiotycznych kolonizujących tysiące gatunków owadów. Pozwoli na zrozumienie czynników które kształtują skład mikrobiomów, dostarczy informacji na temat ich zmienności w czasie i przestrzeni, oraz o wpływie symbioz na biologię gospodarzy. Uzyskane wyniki, ale także obszerny zbiór prób DNA utworzony w ramach tego projektu, będą cennym zasobem dla międzynarodowej społeczności badawczej w wielu dziedzinach nauk biologicznych. W połączeniu z danymi dotyczącymi bioróżnorodności owadów w Szwecji, nasze wyniki pomogą opisać pełen zakres czynników kształtujących skład zbiorowisk owadów. Co więcej, projekt ten umożliwi i wesprze opracowywanie protokołów laboratoryjnych, wytworzenie narzędzi obliczeniowych i pozyskanie doświadczenia w dziedzinie wysokoprzepustowego sekwencjonowania następnej generacji – jednej z najszybciej rozwijających się i najbardziej obiecujących technik w dziedzinie nauk biologicznych.