

**Tytuł:** Molekularne mechanizmy neuropatogenności SDAV (Sialodacryoadenitis Virus) na modelu *in vitro* hodowli pierwotnej komórek centralnego układu nerwowego – badania podstawowe

Trwająca pandemia zademonstrowała, po raz kolejny, rolę rodziny *Coronaviridae* jako niezwykle niebezpiecznego czynnika etiologicznego ludzkich chorób odzwierzęcych. Duża zmienność genetyczna oraz zdolność do mutacji w genomie doprowadziły do szybkiej adaptacji i transmisji koronawirusów u nowych gospodarzy oraz tworzeniu się nowych szczepów w zróżnicowanych warunkach środowiskowych. Celem niniejszego projektu jest poznanie molekularnych mechanizmów neurotropizmu i neuropatogenności szurczego koronawirusa (SDAV- Sialodacryoadenitis Virus) na modelu *in vitro* – hodowli pierwotnej mysich neuronów, astrocytów i mikrogleju.

Wirus ten, jest czynnikiem etiologicznym wywołującym częste zakażenia wśród szczurów laboratoryjnych. Do tej pory jego rolę upatrywano wyłącznie w badaniach nad zakażeniami układu oddechowego. Skromne dane literaturowe, obejmujące głównie dane z ubiegłego wieku, nie poruszały wystraszająco tematu zakażenia w ośrodkowym układzie nerwowym. Dotychczas nie zostały określone mechanizmy wnikania, replikacji i uwalniania wirionów potomnych SDAV z komórek centralnego układu nerwowego. Warto tutaj podkreślić fakt, iż głównym gospodarzem zakażenia jest wspomniany szczur. Szczury zamieszkują duże aglomeracje miejskie powodując ogromne zagrożenie epidemiczne. Spośród 2277 istniejących gatunków gryzoni, 217 gatunków jest rezerwuarem 66 chorób odzwierzęcych wywoływanych przez wirusy, bakterie, grzyby i pierwotniaki. W przeciwieństwie do najczęściej wskazywanego nosiciela SARS-CoV-2, nietoperza, szczury występują licznie na całym świecie i również należy mieć je na uwadze jako potencjalne zagrożenie. Dodatkowo, fakt ułatwionej zdolności koronawirusów do przekraczania bariery gatunkowej oraz zmiany gospodarza powszechnie występującego w bliskim otoczeniu człowieka podkreśla konieczność prowadzenia badań nad charakterystyką infekcji wywołanych przez SDAV.

Wyniki projektu umożliwiłyby uzupełnienie wiedzy na temat interakcji szurczego koronawirusa z komórkami centralnego układu nerwowego. Potencjalne zmiany jakie będą zachodzić w cytoszkielecie trzech populacji komórek nerwowych oraz poznanie szlaków replikacji wirusa, staną się istotnym uzupełnieniem wiedzy na temat patogenności SDAV. Dodatkowo, projekt ten stanowiłby istotny wkład w koncepcje „One Health Approach”, której jednym z założeń jest przeciwdziałanie zoonozom.