

Dwie ścieżki odpowiedzi immunologicznej gospodarzy na pasożyty z typu mikrosporydia oraz zakażenia współwystępujące z mikrosporydiozami.

Mikrosporydiozy stanowią jedno z najpoważniejszych zagrożeń dla światowego pszczelarstwa, powodowane przez obligatoryjne pasożyty wewnątrzkomórkowe z rodzaju *Nosema*. Te mikroskopijne grzyby infekują komórki nabłonka jelita środkowego pszczół, prowadząc do znaczących strat ekonomicznych w gospodarce pszczelarskiej na całym świecie. Zakażenia *Nosema ceranae* skutkują skróceniem życia pszczół robotnic nawet o jedną trzecią, osłabieniem rodzin pszczelich, zmniejszeniem produkcji miodu oraz pogorszeniem zdolności zapylania roślin uprawnych. Pomimo rosnącego znaczenia problemu w kontekście globalnego spadku populacji pszczół, mechanizmy odpowiedzi immunologicznej różnych gatunków owadów na mikrosporydiozy oraz ewolucyjne aspekty interakcji pasożyt-żywiciel pozostają słabo poznane.

Podstawowym celem projektu jest dokładne zbadanie fizjologicznych, biochemicznych i molekularnych odpowiedzi różnych gatunków na mikrosporydiozę poprzez porównanie reakcji pszczoły miodnej (*Apis mellifera* L.), naturalnego gospodarza, z reakcjami barciaka większego (*Galleria mellonella* L.), przypadkowego gospodarza tego pasożyta. Badania skupią się na analizie adaptacji ewolucyjnych w interakcjach pasożyt-gospodarz, identyfikacji markerów biochemicznych umożliwiających wczesną diagnozę infekcji oraz określeniu wpływu mikrosporydioz na funkcje poznawcze pszczół, szczególnie związane z pamięcią, która stanowi podstawę zachowań higienicznych w kolonii.

W badaniu zastosowano porównawczy projekt eksperymentalny obejmujący *A. mellifera* i *G. mellonella* zakażone tymi samymi mikrosporydiami. Analizowane będą zarówno stadia larwalne, jak i dorosłe, a próbki będą pobierane w dniach 6, 12, 18 i 24 po zakażeniu. Metodologia integruje szereg najnowocześniejszych podejść analitycznych, obejmujących: analizę molekularną z zastosowaniem ilościowej reakcji łańcuchowej polimerazy (qPCR) oraz sekwencjonowania transkryptomu; obrazowanie rezonansem magnetycznym wysokiej rozdzielczości (MRI) w celu wykrywania zmian anatomicznych; analizę emisji biofotonów; sekwencjonowanie mikrobioty jelitowej; badania pamięci pszczół z wykorzystaniem reakcji wyciągania języeczka (PER); a także profilowanie związków lotnych przy użyciu technologii elektronicznego nosa.

Badania koncentrują się na pytaniu, dlaczego owady społeczne polegają na zachowaniach higienicznych obejmujących całą rodzinę, zamiast na odporności poszczególnych pszczół. W ramach badania postawiono hipotezę, że mikrosporydioza może osłabiać funkcje poznawcze pszczół, w szczególności ich pamięć przestrzenną i społeczną. Taki stan rzeczy mógłby osłabić system odporności kolonialnej, który opiera się na zbiorowym rozpoznawaniu i eliminacji patogenów.

Innowacyjne, porównawcze podejście badawcze projektu umożliwia bezpośrednie porównania odpowiedzi tego samego gatunku pasożyta u gospodarzy naturalnych i przypadkowych, co ułatwi identyfikację adaptacji ewolucyjnych w interakcjach pasożyt-gospodarz. Integracja zaawansowanych technik analitycznych, takich jak genomika, obrazowanie medyczne i analiza chemometryczna, stanowi kompleksowe podejście metodologiczne, które nie było wcześniej stosowane w badaniach nad mikrosporydiozą.

Spodziewane efekty obejmują identyfikację nowych biomarkerów diagnostycznych umożliwiających wczesne wykrywanie mikrosporydiozy, poznanie ewolucyjnych mechanizmów koewolucji pasożyt-żywiciel, zrozumienie związków między funkcjami kognitywnymi a odpornością kolonijną oraz opracowanie praktycznych narzędzi diagnostycznych dla pszczelarstwa. Wyniki badań przyczynią się do rozwoju nauk o ewolucji, parazytologii oraz immunobiologii owadów, a także dostarczą praktycznych rozwiązań dla ochrony zdrowia pszczół i zrównoważonego rozwoju pszczelarstwa.

