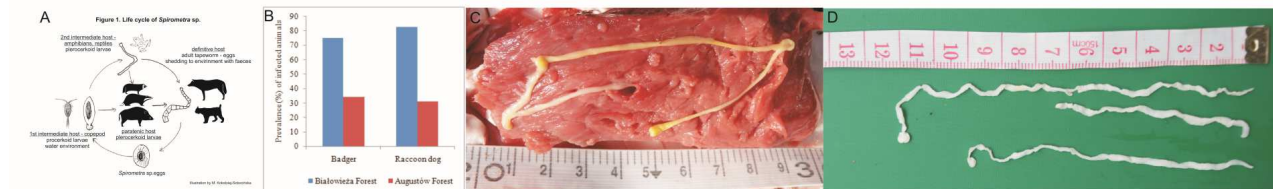


POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU (W JĘZYKU POLSKIM)

Celem projektu jest poznanie czynników biologicznych i środowiskowych wpływających na rozprzestrzenianie się oraz poziom zarażenia tasiemcem *Spirometra erinaceieuropaei* wybranych dziko żyjących ssaków – borsuków i jenotów, będących żywicielami paratenicznymi, u których, pod skórą, rozwijają się larwy tego tasiemca zwane plerocerkoidami. Materiał zebrany od borsuków, jenotów oraz innych żywicieli pośrednich (dzików, płazów i gadów) oraz ostatecznych (wilki, rysie) pozwoli na zbadanie zmienności pasożyta w skali geograficznej oraz dróg transmisji pasożyta w zespołach dzikich zwierząt. Tasiemiec wywołuje chorobę – sparganozę, która może być groźna dla człowieka.



Ryc. 1. Cykl rozwojowy tasiemca (A), wyniki badań wstępnych (B) oraz zdjęcia larw znalezionych u dzików i borsuków (C i D).

W prezentowanym projekcie zamierzamy również zbadać, czy i jaką drogą pasożyty są przenoszone na nowe tereny i do nowych żywicieli oraz w jaki sposób, jak szybko i jak często kolejni żywielele zarażają się tasiemcem *S. erinaceieuropaei*. Analizy genetyczne wskazujące na zróżnicowanie poszczególnych larw pozyskanych od różnych żywicieli (ssaki, płazy, gady) i w różnych lokalizacjach: Puszcza Białowieska, Puszcza Augustowska i tereny pomiędzy puszczami, a także badanie diety oraz wieku borsuków i jenotów pozwolą odpowiedzieć na powyższe pytania.

Wstępne badania przeprowadzone w Instytucie Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk (IBS PAN) na 40 jenotach i 20 borsukach wskazują na różny poziom zarażenia pasożytem w P. Białowieskiej i P. Augustowskiej oraz międzygatunkowe i międzyosobnicze zróżnicowanie intensywności zarażenia (Ryc.1). Nasza hipoteza badawcza zakłada, że: dieta, wiek oraz płeć zwierząt wpływa na poziom zarażenia – zwierzęta starsze będą miały więcej oraz większych rozmiarów larwy w związku z możliwością wielokrotnego zarażenia się pasożytem oraz wzrost larw w organizmie żywiciela. Ponadto zakładamy, że różnice genetyczne larw *S. erinaceieuropaei* izolowanych z tego samego żywiciela wskażą na wielokrotne zarażenia i zróżnicowane źródła infekcji, a na podstawie zmienności genetycznej między populacjami poznamy drogi rozprzestrzeniania się tasiemca w środowisku.

Materiał badawczy będą stanowić tusze: 200 jenotów, 50 borsuków, 30 dzików, 150 płazów i gadów oraz 1200 larw *S. erinaceieuropaei*, które pozyskamy od żywicieli z P. Białowieskiej i P. Augustowskiej oraz obszarów między badanymi puszczami. Żadne zwierzę nie zostanie zabite specjalnie do celów tego projektu. Zwierzęta zostaną pozyskane od myśliwych lub będą znajdowane martwe na drogach (m. in. płazy i gady).

Badane zwierzęta zostaną zmierzone i poddane sekcjom w celu określenia ekstensywności i intensywności zarażenia i wyizolowania pasożytów oraz innego materiału do badań – żołądków (do analizy składu diety) i zębów (do oceny wieku). Analizy genetyczne pasożytów zostaną wykonane na podstawie badań: mitochondrialnego DNA, które pozwolą na identyfikację haplotypów oraz ocenę ich zróżnicowania na poziomie populacji oraz mikrosatelitarnego DNA, które pozwolą oszacować stopień zróżnicowania genetycznego pasożytów na poziomie pojedynczego żywiciela i populacji. Zespół badawczy ma doświadczenie w stosowaniu metod planowanych w projekcie a aparatura niezbędna do wykonania planowanych badań jest dostępna w IBS PAN.

Planowany projekt będzie pierwszą analizą: (1) czynników biologicznych (gatunek, wiek, płeć) i środowiskowych (dieta, środowisko, lokalizacja) wpływających na rozprzestrzenianie się, częstość i poziom zarażenia *S. erinaceieuropaei* w populacjach dzikich zwierząt, (2) zależności filogenetycznych tasiemców *S. erinaceieuropaei* pozyskanych od żywicieli żyjących na różnych obszarach oraz (3) dróg rozprzestrzeniania się pasożyta w przyrodzie. Badania mają charakter interdyscyplinarny a zastosowane różnorodne metody badawcze: parazytologiczne, genetyczne i ekologiczne pozwolą na kompleksowe zbadanie interakcji pasożyt-żywiciel. Badania zostaną przeprowadzone na obszernym i unikalnym materiale pochodzącym od dziko żyjących w północno-wschodniej Polsce borsuków, jenotów, dzików, płazów i gadów. Wyniki te będą niezwykle cenne, ponieważ niewiele badań z Europy opisuje żywicieli pośrednich, paratenicznych i ostatecznych *S. erinaceieuropaei* a ze wstępnych badań można przypuszczać, że jest on rozprzestrzeniony w polskiej przyrodzie. Nie badano do tej pory przebiegu, dróg transmisji, poziomu zarażenia oraz zróżnicowania genetycznego *S. erinaceieuropaei* w Europie, dlatego kompleksowe podejście do prezentowanego problemu badawczego łączące badania z zakresu biologii, ekologii i filogenetyki pasożytów oraz biologii i ekologii kręgowców jest wysoce nowatorskie i pozwoli na znaczne poszerzenie stanu wiedzy dotyczącej tego mało znanego pasożyta, który jest czynnikiem etiologicznym groźnej zoonozy – sparganozy.