

Streszczenie w j. polskim

Wprowadzenie: Babeszjoza i kleszczowe zapalenie mózgu (KZM) to choroby przenoszone przez kleszcze, powiązane z korzystnymi warunkami siedliskowymi i obecnością żywicieli. Kleszcze to żywiące się krwią pajęczaki, które przenoszą szeroką gamę patogenów, w tym czynniki wywołujące boreliozę, KZM, anaplazmozę i babeszjozę. Wiadomo, że kleszcze *Ixodidae* (twarde) przenoszą większość patogenów przenoszonych przez kleszcze na ludzi i zwierzęta. *Ixodes ricinus* jest gatunkiem najczęściej przenoszącym patogeny wywołujące choroby przenoszone przez kleszcze (TBD) w Europie; jednak inne kleszcze, takie jak *Dermacentor reticulatus*, są również powiązane z rozprzestrzenianiem się TBD. Babeszjoza to wewnątrzerytrocytarna infekcja wywołana przez pasożyty *Babesia* spp. Kleszczowe zapalenie mózgu jest chorobą zakaźną ośrodkowego układu nerwowego, wywoływaną przez wirus kleszczowego zapalenia mózgu (TBEV). Zarówno babeszjoza, jak i KZM są przenoszone głównie przez pokłucie przez kleszcza. W Polsce, w ciągu ostatnich 20 lat, blisko połowa przypadków KZM została zgłoszona w województwie podlaskim. *Babesia* spp. w Afryce ogranicza się głównie do zwierząt i kleszczy, potwierdzono niewiele przypadków z objawową babeszjozą. Etiopia znana jest z wysokiej częstości występowania malarii, która ma większość cech wspólnych z babeszjozą.

Celem tego badania było zbadanie występowania *Babesia* spp. w Etiopii i lepsze zrozumienie patogenezы i epidemiologii tych dwóch chorób.

Cele: Niniejsze badanie miało na celu wykrycie i molekularną charakterystykę *Babesia* spp. i TBEV u kleszczy z Polski i Etiopii. Szczegółowymi celami były:

1. Wykrycie i charakterystyka *Babesia* spp. i TBEV przy użyciu testów PCR u kleszczy zebranych w Polsce i Etiopii.
2. Zbadanie częstości występowania i zmienności *Babesia* spp. w Polsce i Etiopii.
3. Analiza potencjalnych predyktorów (temperatura, wilgotność, stadium rozwojowe i gatunek) wykrywania patogenów przenoszonych przez kleszcze u kleszczy zebranych z Polski i Etiopii.

Material i metoda: Kleszcze wykorzystane w badaniach zostały zebrane z Knyszyńskiego Parku Krajobrazowego w północno-wschodniej Polsce oraz z wielu stanowisk w Etiopii. Ekologia miejsc zbierania kleszczy zawierała wszystkie niezbędne elementy bytowania kleszczy. DNA zostało wyekstrahowane z kleszczy zebranych zarówno w Polsce, jak i w Etiopii, podczas gdy RNA zostało wyekstrahowane z kleszczy zebranych tylko w Polsce. Kleszcze rozbito i z każdego kleszcza ekstrahowano kwas nukleinowy. Po

wykryciu *Babesia* spp. i TBEV przy użyciu konwencjonalnych metod PCR i jakościowych metod RT-PCR, zsekwencjonowano pozytywne próbki. Przeprowadzono analizę zależności między etapem rozwojowym kleszczy, temperaturą otoczenia podczas pobierania kleszczy, gatunkiem i płcią kleszczy, a wskaźnikiem wykrywalności TBEV.

Wyniki: W sumie zebrano 995 (727 z Polski i 268 z Etiopii) kleszczy i przeprowadzono w nich badania molekularne w celu wykrycia zakażenia TBEV i/lub *Babesia* spp. U 85 (9,51%) kleszczy z 894 wykryto DNA *Babesia* spp. Spośród 626 kleszczy z Polski 61 (9,74%) i spośród 268 kleszczy z Etiopii 24 (8,96%) było dodatnich w kierunku *Babesia* spp. U 7 (1,17%) z 601 kleszczy stwierdzono koinfekcję *Babesia* spp. i TBEV, podczas gdy u 86 (14,31%) kleszczy obserwowano monoinfekcję. Częstość występowania *Babesia* spp. u obu gatunków kleszczy wynosiła 9,51%, 9,59% u *I. ricinus* i 9,83% u *D. reticulatus*. W badaniu przeprowadzonym w północnej Polsce ogólny odsetek występowania *Babesia* spp. wynosił 10,6%, 7,7% u kleszczy *I. ricinus* i 18,9% u kleszczy *D. reticulatus*. *Babesia* spp. wykryto również u 2% kleszczy *I. ricinus* i 7% kleszczy *D. reticulatus* zebranych z lasu w północno-wschodniej Polsce, blisko obszaru badań. Analiza sekwencjonowania *Babesia* spp. wykazała *B. microti* w 70,59% (60/85) próbek ze średnią homologią 87,56%, która waha się między 82,29-100%. Oprócz *B. microti*, poprzez sekwencjonowanie zostały zidentyfikowane *Theileria velifera* 8,24% (7/85), *B. capreoli* 4,71% (4/85), *B. venatorum* i *B. canis* po 3,53% (3/85) oraz *Theileria mutans* 2,35% (2/85). Wieloczynnikowa regresja logistyczna wykazała o 93,7% mniejsze prawdopodobieństwo stwierdzenia wirusa KZM w *I. ricinus* w porównaniu z gatunkami kleszczy *D. reticulatus* ($p = 0,007$). W kleszczach zebranych w temperaturze otoczenia 15-17 °C było o 95,8% mniejsze prawdopodobieństwo stwierdzenia wirusa KZM w porównaniu z kleszczami zebranymi w temperaturze poniżej 15 °C ($p \leq 0,001$). Jeśli chodzi o etap rozwojowy kleszczy dostosowany do gatunku i temperatury, dorosłe kleszcze (OR=23,66) były bardziej narażone na zakażenie TBEV ($p < 0,001$). Częstość występowania *Babesia* spp. jest różna w różnych częściach świata, gdzie *B. divergens* jest powszechna w Europie, podczas gdy *B. microti* jest powszechna w Stanach Zjednoczonych. To badanie i inne badania, w których analizowano próbki kleszczy i ludzi, wykazały, że *B. microti* jest najczęściej wykrywanym gatunkiem *Babesia* spp. we wschodniej i północno-wschodniej części Polski. Wszystkie TBEV były podtypem europejskim.

Wnioski: *Babesia microti* była najczęściej wykrywanym gatunkiem u kleszczy pobranych zarówno z Polski, jak i z Etiopii. *Theileria* spp. wykryto u kleszczy z obu krajów.

Wszystkie TBEV wykryte u kleszczy z Polski były podtypami europejskimi. Temperatura podczas zbierania kleszczy, gatunki kleszczy i ich stadia rozwojowe decydują o wykrywalności TBEV. Wskaźnik wykrywalności *Babesia* spp. i TBEV u kleszczy wzrasta w ostatnich latach, co wymaga dalszych badań nad interakcjami kleszczy i żywicieli. Interwencje w zakresie zdrowia publicznego, w tym kampanie promujące szczepienia, są istotne dla zapobiegania rosnącej częstości występowania TBD.