

## Streszczenie

*Anaplasma phagocytophilum* to powszechnie występujący wewnątrzkomórkowy pasożyt bakteryjny z rzędu Rickettsiales. Ta Gram – ujemna bakteria, bytująca głównie w granulocytach obojętnochłonnych wywołuje stany patologiczne u ludzi i zwierząt. Te mikroorganizmy mogą być przenoszone między żywicielami przez transmisję wektorową, za którą głównie odpowiadają kleszcze z rodzaju *Ixodes*. Stałą obecność i krążenie *A. phagocytophilum* w środowisku naturalnym, zapewniają naturalne rezerwuary tych bakterii, do których należą m.in. dziko żyjące zwierzęta kopytne.

Badania przedstawione w cyklu trzech publikacji wchodzących w skład niniejszej rozprawy doktorskiej dotyczą określenia prewalencji i genotypowania *A. phagocytophilum* wśród populacji dzikich kopytnych: jeleni szlachetnych (*Cervus elaphus*), saren europejskich (*Capreolus capreolus*), danieli zwyczajnych (*Dama dama*), dzików euroazjatyckich (*Sus scrofa*), łosi euroazjatyckich (*Alces alces*) i żubrów europejskich (*Bison bonasus*); oraz zwierząt fermowych: jeleni szlachetnych i danieli zwyczajnych.

**Pierwsza publikacja**, otwierająca cykl prac, dotyczyła wykrywania bakterii *Anaplasma phagocytophilum* u dzików euroazjatyckich. Wykazano obecność bakterii u 20% badanych osobników. Genotypowanie oraz analiza filogenetyczna trzech markerów genetycznych: *16S* rDNA, *groEL* i *ankA* pozwoliła na stwierdzenie, że *A. phagocytophilum* izolowane od dzików euroazjatyckich są potencjalnie chorobotwórcze dla ludzi i należą do ekotypu i klastra I. **W drugim artykule** opisano występowanie *A. phagocytophilum* wśród jeleniowatych. U saren i jeleni prewalencja wyniosła ponad 50%, u łosi było to 18%, a u danieli zwyczajnych nie wykryto obecności bakterii z rodzaju *Anaplasma*. W badanej grupie fermowych jeleni i danieli tylko u pierwszego gatunku wykryto obecność *A. phagocytophilum*. Opisano 3 haplotypy fragmentu *16S* rDNA, dwa z nich notowano już wcześniej, a trzeci został opisany po raz pierwszy. Ostatnia z cyklu, **trzecia publikacja**, dotyczyła genotypowania i prewalencji szczepów *A. phagocytophilum* izolowanych od dwóch gatunków największych dzikich przeżuwaczy, to jest żubra europejskiego i łosia euroazjatyckiego. Prewalencja wśród żubrów wyniosła 24%, a przebadanie dodatkowych dwóch osobników łosi euroazjatyckich, uzupełniła dane z publikacji drugiej i prewalencja u tego gatunku wyniosła ponad 30%. Analiza amplifikowanych markerów genetycznych z izolatów *A. phagocytophilum* od żubrów europejskich scharakteryzowała te szczepy jako należące do ekotypu I i klastra IV, a izolaty

od łośi euroazjatyckich do dwóch ekotypów – I i II i do klastra I. Wszystkie trzy markery genetyczne: *groEL*, *ankA* i *16S* rDNA, zarówno od łośi jak i żubrów, są identyczne lub grupują się ze szczepami HGA, oznacza to, że wykryte szczepy *Anaplasma phagocytophilum* mogą być potencjalnie chorobotwórcze dla ludzi.

Aby kompleksowo opisać problematykę podjętą w rozprawie, dołączono niepublikowane wyniki z genotypowania szczepów *A. phagocytophilum* od jeleni szlachetnych i saren europejskich. Genotypowanie szczepów od jeleni wykazało, że obecne u tych gospodarzy bakterie *A. phagocytophilum* należą do ekotypu i klastra I. Większą różnorodnością wykazały izolaty od saren europejskich, które przypisano do ekotypu I i II i do klastra I i II.

Podsumowując, przebadano 305 osobników z 6 gatunków zwierząt kopytnych. Wszystkie bakterie wykryte, metodami molekularnymi, należały do jednego gatunku bakterii – *Anaplasma phagocytophilum*. Analiza sekwencji genu *16S* rDNA oraz analiza filogenetyczna genów *ankA* i *groEL*, pozwoliła na potwierdzenie, że zwierzęta kopytne w Polsce są naturalnymi rezerwuarami *A. phagocytophilum* oraz że są wśród nich szczepy potencjalnie zoonotyczne.