

Babeszjoza psów jest najczęściej występującą chorobą odkleszczową u psów w Polsce. Wywołuje ją *Babesia canis*, pasożyt atakujący erytrocyty. Psy ulegają zarażeniu poprzez ukłucie kleszcza łąkowego, *Dermacentor reticulatus*, który jest głównym przenosicielem tego pasożyta. Głównymi objawami psiej babeszjozy są niedokrwistość, gorączka, apatia, utrata apetytu, blade błony śluzowe czy zaburzenia neurologiczne, a ich nasilenie może być bardzo zróżnicowane. Niektóre psy niemal nie wykazują objawów, natomiast w ciężkich przypadkach, nawet mimo leczenia, śmiertelność może sięgać 10%. Jednocześnie duża grupa psów może być zarażona pasożytem, nie rozwijając objawów choroby. Leczenie staje się coraz trudniejsze, ponieważ *B. canis* wykazuje oznaki oporności na dostępne leki. Lepsze zrozumienie tego, jak układ odpornościowy psa reaguje na *B. canis* oraz jak różnorodność genetyczna pasożyta wpływa na przebieg choroby, jest kluczowe dla poprawy metod zapobiegania i leczenia. Dotychczasowe badania sugerują, że nadmierna reakcja zapalna odgrywa kluczową rolę w rozwoju ciężkiej niedokrwistości, jednego z najgroźniejszych powikłań babeszjozy. Innym czynnikiem mogącym wpływać na przebieg choroby jest obecność różnych wariantów genetycznych *B. canis*. Co więcej, rozmieszczenie kleszcza łąkowego w Polsce jest unikatowe: gatunek ten tworzy dwie oddzielne populacje, zachodnią i wschodnią, z przerwą w zasięgu biegnącą w centralnej części kraju. Dotychczas DNA *B. canis* wykrywano jedynie we wschodniej populacji, gdzie przypadki psiej babeszjozy są częste, zwłaszcza w wiosennym szczycie aktywności kleszcza łąkowego. Pomimo tego, w zachodniej Polsce kliniki weterynaryjne również obserwują psy chore na babeszjozę, choć pasożyt ten nie został jeszcze wykryty w zachodniej populacji kleszcza *D. reticulatus*.

W ramach projektu chcemy połączyć dwa kluczowe aspekty: odpowiedź immunologiczną psa oraz różnorodność genetyczną pasożyta. Będziemy analizować komórki immunologiczne i cytokiny biorące udział w odpowiedzi na *B. canis* u naturalnie zarażonych psów, wykorzystując zaawansowane techniki, takie jak cytometria przepływową i sekwencjonowanie RNA na poziomie pojedynczej komórki. Naszym celem jest również potwierdzenie obecności *B. canis* w populacji zachodniej kleszcza łąkowego. Dlatego zastosujemy wysoce czułą metodę cyfrowego PCR w kroplach (ddPCR). Dodatkowo przeanalizujemy mikrobiotę kleszczy z obu regionów, ponieważ obecność określonych bakterii lub endosymbiontów może wpływać na zdolność kleszczy do przenoszenia *B. canis*.

Badania chorób psów są ważne nie tylko ze względu na silną więź emocjonalną między ludźmi a zwierzętami towarzyszącymi, ale także z powodu ich znaczenia ekonomicznego (hodowla, psy pracujące, dogoterapia). Wiedza zdobyta w tym projekcie będzie stanowić podstawę do opracowania nowych strategii zapobiegania i leczenia babeszjozy psów w przyszłości.