

Kleszcze przenoszą wiele drobnoustrojów, które są niebezpieczne dla zwierząt hodowlanych i domowych. Wśród nich znajdują się pierwotniaki z rodzajów *Babesia* i *Hepatozoon* – pasożyty wywołujące choroby u bydła, psów, kotów, a czasem również u ludzi. Wciąż jednak niewiele wiadomo o ich prawdziwej różnorodności oraz o tym, jakie gatunki zwierząt pełnią rolę ich naturalnych rezerwuarów. Wynika to między innymi z ograniczeń dotychczas stosowanych metod laboratoryjnych, które często nie wykrywają wszystkich zarażeń czy koinfekcji.

Nasz projekt ma na celu szczegółowe zbadanie tych pasożytów na obszarze Polski i Czech. Wykorzystamy nowoczesne techniki sekwencjonowania DNA (NGS), które umożliwiają wykrycie nawet bardzo rzadkich lub współwystępujących gatunków. Badania obejmą dwa ważne układy ekologiczne:

1. Układ jeleniowate – bydło – kleszcz pospolity *Ixodes ricinus*

Jelenie, sarny, daniela i jelenie sika przenoszą wiele gatunków *Babesia*. Niektóre z nich są blisko spokrewnione z groźnym dla bydła i ludzi gatunkiem *Babesia divergens*, ale nie wiadomo, czy są to te same pasożyty, czy dotąd nieopisane linie. Chcemy wyjaśnić, jakie gatunki naprawdę występują w populacjach dzikich jeleniowatych oraz czy mogą one odpowiadać za przypadki śmiertelnej babeszjozy u bydła. Po raz pierwszy podejmiemy również próbę odczytania pełnego genomu *B. divergens* pochodzącego od jeleni.

2. Układ drapieżniki – kleszcz łakowy *Dermacentor reticulatus*

U lisów, wilków, psów i kotów występują pasożyty takie jak *Babesia canis*, *B. vulpes* i *Hepatozoon canis*. Niektóre z nich powodują ciężkie choroby psów, jednak nie wiadomo, które dzikie gatunki zwierząt odgrywają kluczową rolę w ich rozprzestrzenianiu. Chcemy także ustalić, czy koty naprawdę mogą zarazić się *B. canis* (typowo występującym u psów) czy raczej innym, podobnym gatunkiem, którego dotychczas nie potrafimy rozpoznać