

Kleszcze są nie bez powodu są uważane za najgroźniejszych przenosicieli (wektory) patogenów na półkuli północnej. Przenoszą wiele różnych gatunków bakterii, wirusów i pasożytów (*Babesia*, *Theileria*), patogennych dla ludzi i zwierząt. Ryzyko dla zdrowia wynika z wachlarza patogenów przenoszonych przez dany gatunek kleszcza, a także z zagęszczeń kleszczy w środowisku i wysokości odsetka zakażeń, który może się bardzo różnić dla różnych patogenów i lokalizacji. Niektóre patogeny są ściśle związane z jednym gatunkiem kleszczy, a więc ryzyko zarażenia zależy będzie od występowania danego gatunku kleszcza i jego zakażenia. Kleszcze, podobnie jak ssaki, w tym ludzie, są skolonizowane przez wiele mikroorganizmów, które tworzą mikrobiotę kleszczy. Mikrobiota ta może być niezbędna do zakończenia cyklu życiowego kleszczy, wpływając np. na proces żerowania kleszczy. Niektóre składniki mikrobioty są kluczowymi endosymbiontami kleszczy, ale mogą również wchodzić w interakcje z mikroorganizmami patogennymi dla ssaków (patogeny przenoszone przez kleszcze). Zamierzamy poszukiwać takiego związku między niepatogennymi i chorobotwórczymi mikroorganizmami występującymi w różnych kleszczach z różnych regionów świata za pomocą nowoczesnych technik molekularnych (sekwencjonowanie nowej generacji, NGS).

W Europie coraz częściej opisywane są przypadki pojawiania się 'egzotycznych' kleszczy, które wraz z ociepleniem klimatu, znajdują dla siebie dogodne warunki do przeżycia. Do takich gatunków należą mało poznane gatunki z rodzaju *Hyalomma* czy *Haemophysalis*. Obecność tych kleszczy może stanowić nowe zagrożenie dla zdrowia ludzi i zwierząt, choć brakuje danych na temat ich zarażenia patogenami. W naszych badaniach z 2019 roku wykryliśmy na Zachodzie Polski nowe stanowiska kleszcza *Haemaphysalis concinna*, zarażonego nowym, nieopisanym dotąd gatunkiem *Babesia*, niepokojąco przypominającym pierwotniaki izolowane od ludzi z babeszjozą z Chin i Słowenii. U kleszczy tych wykryliśmy również krętki *Borrelia afzelii*, wywołujące boreliozę. Wyniki tych badań wskazują na potrzebę badań nad mało poznanymi gatunkami kleszczy.

W tym eko-epidemiologicznym projekcie chcemy przebadać szeroki wachlarz różnych gatunków kleszczy z całego świata, z naciskiem na kleszcze z mało poznanych rodzajów, jak *Haemaphysalis*, *Hyalomma*, *Amblyomma* czy *Rhipicephalus*. W kleszczach tych istnieje duża szansa na wykrycie (i opisanie) nowych dla nauki gatunków patogenów z rodzajów *Babesia* i *Theileria*. Zastosowanie techniki NGS powinno umożliwić rozpoznanie koinfekcji (współzarażenia) różnymi patogenami u kleszczy, ale także znaleźć związek między obecnością patogennych i niepatogennych mikroorganizmów w różnych kleszczach. Dodatkowo, chcemy sprawdzić czy te rodzaje kleszczy mogą brać udział w przenoszeniu krętków *Borrelia*.

Podsumowując, nasze badania pomogą określić wektorową rolę mało poznanych a rozprzestrzeniających się gatunków kleszczy i odkryć niebadane wcześniej powiązania między mikrobiotą kleszczy a patogenami przenoszonymi przez nie w różnych rejonach świata.