

Streszczenie:

Sarna europejska jest najliczniejszym reprezentantem rodziny jeleniowatych. Na terenie Polski występują dwa uznane behawioralne ekotypy saren: sarna polna – stale bytująca na terenach polno-łąkowych oraz sarna leśna, która bytuje stale w lesie. Jako ssaki, sarny stanowią ważną grupę żywicieli dla kleszczy, które mogą być wektorami i/lub rezerwuarami m. in. dla *Borrelia burgdorferi* sensu lato, *Anaplasma phagocytophilum* i *Babesia microti*. Patogeny te są czynnikami etiologicznymi takich chorób jak borelioza z Lyme, anaplazmoza oraz babeszjoza.

Celem pracy było określenie roli sarny europejskiej jako potencjalnego rezerwuaru dla czynników patogennych wywołujących choroby odkleszczowe.

Badania prowadzono na wybranych terenach w województwie wielkopolskim. Materiał badawczy pochodził z obszarów Nadleśnictwa Podanin, gdzie występuje sarna leśna oraz terenów należących do PZŁ Czempin, gdzie stale bytuje sarna polna. Badania obejmowały analizy faunistyczne i molekularne. Do badań faunistycznych zaliczono: zbiór kleszczy z roślinności oraz z żywicieli. Natomiast badania molekularne obejmowały izolację DNA z kleszczy *I. ricinus* zebranych z roślinności i ze zwierząt oraz detekcję patogenów w kleszczach i tkankach saren (krew i śledziona) wykrywanych metodą PCR i nested PCR. W przeprowadzonym badaniu zainteresowano się również stopniem infestacji poszczególnych części ciała u sarny, uwzględniając podział na sarnę polną oraz sarnę leśną.

Z saren zebrano dwa gatunki kleszczy *I. ricinus* oraz *I. hexagonus*. Do badań molekularnych wykorzystano jedynie kleszcze z gatunku *I. ricinus*. W kleszczach zebranych z saren patogeny wykazano w 35%. *Anaplasma phagocytophilum* została wykazana w 31,9%, natomiast *B. microti* w 3,1%, nie stwierdzono obecności *B. burgdorferi* s. l. w badanym materiale. Natomiast ogółem w tkankach pobranych od saren patogeny wykazano w 52,4%. Zarówno *A. phagocytophilum* jak i *B. microti* były częściej stwierdzane w śledzionie niż w krwi badanych zwierząt. Riketsje tą wykazano w 49,4% badanych śledzionach, natomiast *B. microti* w 15,2% badanych prób śledzion. Ponadto u jednej sarny polnej w śledzionie wykazano obecność krętków *B. burgdorferi* s. l. Analiza genogatunku wykazała, że była to *B. burgdorferi* s. s.



Z roślinności zebrano kleszcze z gatunku *I. ricinus*, wyjątek stanowił pojedynczy przedstawiciel gatunku *D. reticulatus*. Do analiz molekularnych wzięto jedynie osobniki *I. ricinus*. W kleszczach zebranych z roślinności patogeny wykazano ogółem w 22,8% badanych okazów. *Babesia microti* była najczęściej stwierdzanym patogenem w kleszczach na obu badanych terenach. Pierwotniak ten został stwierdzony u 40,0% badanych kleszczy z terenu Podanina oraz u 46,6% badanych kleszczy z terenu Czempinia. *Anaplasma phagocytophilum* występowała w kleszczach z mniejszą częstotliwością, została stwierdzona odpowiednio u 10,0% badanych kleszczy z terenu Podanina oraz u 13,3% kleszczy z terenu Czempinia, na badanym terenie *Borrelia burgdorferi* s. l. nie została stwierdzona w badanym materiale.

Przeprowadzone badania potwierdziły rezerwuarową rolę sarny europejskiej dla *A. phagocytophilum*. Ponadto stwierdzenie obecności innych patogenów wywołujących choroby odkleszczowe może świadczyć o potencjalnej roli jaką odgrywa ten ssak w krążeniu *B. burgdorferi* s. l. oraz *B. microti* w środowisku. Wykazanie obecności *B. microti* i *A. phagocytophilum* w kleszczach świadczy o potencjalnym ryzyku narażenia ludzi i zwierząt na odkleszczową infekcję tymi patogenami na badanych terenach województwa wielkopolskiego.

