

Streszczenie

Babeszjoza jest ciężką, transmisyjną chorobą pierwotniaczą, przenoszoną przez kleszcze. Wywoływana jest przez pasożyty z rodzaju *Babesia*. Należą one, podobnie jak pierwotniaki *Plasmodium sp.* wywołujące malarię u ludzi, do typu *Apicomplexa*. Różne gatunki pierwotniaków *Babesia sp.* zarażają liczne gatunki kręgowców, w tym ludzi, będąc przyczyną choroby o przebiegu od łagodnego, do nadostrego. Babeszjoza psów w Polsce powodowana jest przez gatunek *Babesia canis*.

W ostatnich latach obserwuje się pojawianie babeszjozy psów na terenach dotychczas od niej wolnych, co tłumaczy się wędrówką wektorów choroby - kleszczy *Dermacentor spp.* Istotnym, zarówno z naukowego, jak i lekarsko-weterynaryjnego punktu widzenia problemem jest coraz większa różnorodność objawów babeszjozy oraz coraz częstsze przypadki oporności pierwotniaków *B. canis* na standardowe leczenie.

Badania nad genomem pierwotniaków *B. canis* i proteomem surowicy psów w przebiegu zarażenia pasożytami pokazały, że w istocie problem babeszjozy psów w Polsce jest większy niż można przypuszczać. Badania nad genomem pierwotniaków z przypadków choroby o subklinicznym lub atypowym przebiegu pokazały, że pierwotniaki *B. canis* mutują, co ma odzwierciedlenie w ich zjadliwości, a utrwalenie mutacji może prowadzić do powstawania nowych szczepów i ich dyspersji w rejony kraju, gdzie wcześniej nie występowały. W badaniach własnych wykryto nieopisany dotąd szczep *B. canis* na Lubelszczyźnie, a rok później wyizolowano pierwotniaki tego samego szczepu również w Województwie Mazowieckim. Badania własne pozwoliły m in. zróżnicować pod względem genetycznym rodzime szczepy pierwotniaków i wykazać związek pomiędzy sekwencją nukleotydową genu 18S RNA, a przebiegiem choroby u psów. Dodatkowo wykazano, że różnice w sekwencjach nukleotydowych badanych szczepów pierwotniaków, przekładają się na różnice ich sekwencji aminokwasowych, co świadczy o stałej ewolucji pasożytów oraz konieczności monitorowania ich zmienności przy wykorzystaniu zarówno technik biologii molekularnej, jak i proteomiki.

Słowa kluczowe: *Babesia canis*, 18S rRNA, Pies, PCR, proteomika, sekwencjonowanie