Streszczenie

Strzyżaki (syn. jelenice) należą do rodzaju *Lipoptena* Nitzsch, 1818. Owady te są potencjalnymi wektorami patogenów o znaczeniu epizoonotycznym. Szczególną uwagę należy zwrócić na *Lipoptena cervi* (Linnaeus, 1758) - rodzimy gatunek owada oraz *Lipoptena fortisetosa* (Maa, 1965) - gatunek inwazyjny rozprzestrzeniający się po Europie. Strzyżaki są ektopasożytami żywiącym się krwią. Ich żywicielami specyficznymi są jeleniowate w tym: jeleń sika, jeleń szlachetny, daniel zwyczajny, sarna europejska i łoś euroazjatycki. Opisywane ektopasożyty identyfikowano również u niespecyficznych żywicieli takich jak: koń, żubr, krowa i pies. W literaturze odnotowano również przypadki infestacji ludzi. Ugryzienia *Lipoptena* spp. mogą powodować ostre lub przewlekłe, eozynofilowe lub limfocytarne zapalenie skóry, łysienie, a nawet wstrząs anafilaktyczny. Ich rola w przenoszeniu patogenów nie została do tej pory dokładnie zbadana. W badaniach nad *L. cervi* wykazano obecność materiału genetycznego wielu patogenów w tym: *Anaplasma* spp., *Bartonella* spp., *Borrelia* spp., *Rickettsia* spp., *Theileria* spp. i *Trypanosoma* spp. Określono również warunki środowiskowe wpływające na aktywność tego gatunku w środowisku, jednak dalsze prace badawcze nad przenoszeniem patogenów i biologią tej muchówki nie były kontynuowane. Należy również zauważyć, że w odniesieniu do *L. fortisetosa* nie przeprowadzono podobnych badań. Na brak zainteresowania tym owadem wskazuje nawet brak oficjalnej polskiej nazwy.

W Polsce *L. fortisetosa* została po raz pierwszy zidentyfikowana na terenie Dolnego Śląska pod koniec lat 80. XX wieku. W latach 2007–2012 obecność tego gatunku potwierdzono w południowej i północnej Polsce. Ektopasożyt ten został zidentyfikowany na terenie Wielkopolski w 2017 roku

Celem przeprowadzonych badań była ocena korelacji między liczebnością *L. fortisetosa* poszukujących żywicieli w środowisku a wybranymi warunkami czasowo-mikroklimatycznymi w lasach na początku okresu poszukiwania żywicieli. Celem badań była również ocena występowania *L. fortisetosa* w północno-wschodniej Polsce oraz określenie związków filogenetycznych z innymi sekwencjami *L. fortisetosa* uzyskanymi w poprzednich badaniach. Kolejnym celem badań była identyfikacja materiału genetycznego patogenów o potencjale zoonotycznym u *L. fortisetosa* pozyskanych z żywicieli specyficznych i ze środowiska. Ostanim celem badań była ocena różnic genetycznych między populacjami *L. cervi* oraz określenie związków filogenetycznych z innymi sekwencjami *L. cervi* uzyskanymi w poprzednich badaniach.

Dane do badań nad fenologią *L. fortisetosa* pozyskiwano w okresie od 6 maja do 15 lipca 2019 i 2020 roku w naturalnym lesie mieszanym. W trakcie badań rejestrowano liczbę zebranych strzyżaków, datę pobrania próbki (czas w dniach), temperaturę (°C), wilgotność względną (%), ciśnienie powietrza (hPa) i prędkość wiatru (km/h). Do badań molekularnych nad próbkami *L. fortisetosa* i *L. cervi* pozyskanych z różnych regionów Polski wykorzystano gen 16S rRNA. Uzyskane wyniki poddano analizie filogenetycznej. Pozyskane w trakcie badań DNA przeanalizowano na obecność następujących patogenów: *Anaplasma ovis, Anaplasma phagocytophilum, Babesia* spp., *Bartonella* spp., *Borellia* spp., *Coxiella burnetii, Francisiella tularensis*, *Mycoplasma* spp., *Rickettsia* spp. i *Theileria* spp. przy użyciu reakcji łańcuchowej polimerazy i sekwencjonowania.

Wyniki przedstawionych badań dostarczają dodatkowych dowodów na to, że populacje *L. fortisetosa* w Europie Środkowej mają różne linie genetyczne. Wyniki dotychczasowych badań wskazują, że *L. fortisetosa* utworzyła stabilne i zróżnicowane genetycznie populacje w całej Polsce. Genetyka populacji *L. fortisetosa* powinna być dalej badana w celu śledzenia migracji tych ektopasożytów na terenie Europy Północnej i Zachodniej. Potrzebne są dalsze badania, aby wykryć nowe lokalizacje i przeanalizować linie genetyczne *L. fortisetosa*. Sekwencje zidentyfikowane w tych badaniach wskazują, że populacja *L. fortisetosa* kontynuuje rozprzestrzenianie się, pomimo

ograniczeń geograficznych. Prezentowane badania ujawniają zmienność genetyczną w genie 16S rRNA populacji *L. fortisetosa* i *L. cervi* w wybranych województwach Polski. Badane regiony były skolonizowane przez dwa dominujące haplotypy *L. cervi*, które zidentyfikowano w innych krajach Europy Środkowej, a lokalne haplotypy wykryto w pojedynczych przypadkach. W analizowanych próbkach *L. fortisetosa*, pobranych od zwierząt i ze środowiska, znajdował się materiał genetyczny *A. phagocytophilum*, *Babesia* spp., *Bartonella* spp., *Borellia* spp., *Coxiella*-like endosymbionts, *Francisiella tularensis*, *Mycoplasma* spp., *Rickettsia* spp., oraz *Theileria* spp. Przyszłe badania mogą ujawnić kompetencje *L. fortisetosa* jako wektora biologicznego lub mechanicznego. Rola *L. fortisetosa* jako wektora patogenów wymaga dalszych, bardziej rozległych badań ze względu na ich nowe miejsca kolonizacji oraz loty na ludzi i zwierzęta. Są to istotne kwestie, które wymagają dalszej uwagi.

Słowa kluczowe: strzyżaki; ekofizjologia; ektopasożyty; Hippoboscidae; choroby zakaźne; narzępikowate; fenologia; filogenetyka; zmienność czasowo-klimatyczna; wektory; choroby przenoszone przez wektory