

Nicienie z rodzaju *Trichinella* należą do szeroko rozpowszechnionych pasożytów na całym świecie. Mogą występować u wielu gatunków zwierząt lądowych, morskich, a nawet u ptaków. Cykl życiowy włośnia składa się z dwóch faz: jelitowej oraz mięśniowej, a zarażenie następuje po spożyciu surowego lub niedogotowanego mięsa zawierającego larwy *Trichinella* spp. Zarażenia włościami notowane są także u ludzi na wszystkich kontynentach z wyjątkiem Antarktydy. Włośnica u ludzi jest zaliczana do chorób ostrych, a jej objawy kliniczne są niespecyficzne (obrzęk powiek, gorączka, bóle mięśni i głowy). Rocznie, na całym świecie notuje się ponad 10 000 zarażeń włościami, a śmiertelność wynosi 0,2%. Jednak niespecyficzne objawy choroby wskazują, że liczba zachorowań na włośnicę wśród ludzi może być znacznie wyższa.

Szczególne miejsca w cyklu życiowym włośni zajmują zwierzęta mięsożerne i wszystkożerne gdyż to one są głównym rezerwuarem włośnicy w środowisku naturalnym. Wstępne badania naszego zespołu wykazały, że zarażenie zwierząt leśnych przez *Trichinella* spp. wynosi ok. 20%. Dodatkowo, migrując, zwierzęta te mogą przenosić nowe gatunki włośni na dalekie odległości i powodować powstawanie nowych ognisk włośnicy. Dlatego niezwykle istotny jest stały monitoring zwierząt wolno żyjących pod względem występowania włośni. W Polsce dominującymi gatunkami włośni są *T. spiralis* i *T. britovi*. Z punktu epidemiologicznego ważne jest poznanie źródła inwazji w środowisku naturalnym, gdyż pozwoli to ocenić drogi migracji pasożyta. Jest to konieczne, gdyż na terenie Polski w 2013 stwierdzono występowanie dwóch nowych gatunków włośni : *T. nativa* – odpornego na długotrwałe mrożenie, oraz *T. pseudospiralis* – włośnia nie tworzącego charakterystycznych torebek. Stwarza to nowe zagrożenie dla zdrowia ludzi, gdyż różne gatunki włośni powodują różne objawy kliniczne i wymagają różnych schematów leczenia.

Celem projektu jest zbadanie zakresu występowania włośni u zwierząt wolno żyjących oraz analiza różnicowania genetycznego w obrębie rodzaju *Trichinella*, co pozwoli dokładnie poznać drogi transmisji pasożyta w środowisku naturalnym oraz ocenić ryzyko realnego zagrożenia zdrowia ludzi i zwierząt domowych.

Badania będą prowadzone z wykorzystaniem metod parazytologii klasycznej, biologii molekularnej oraz analizy bioinformatycznej. Materiał do badań będą stanowił mięśnie pobierane od zwierząt wolno żyjących. Następnie mięśnie będą trawione w sztucznym soku żołądkowym w celu izolacji larw. Uzyskane larwy będą liczone, aby określić intensywność inwazji. Z uzyskanych larw będzie izolowane DNA, które zostanie użyte w szeregu testów molekularnych mających na celu określenie gatunku włośnia oraz umożliwiających określenie różnicowania genetycznego oraz pokrewieństwa uzyskanych larw *Trichinella* spp, np. Multiplex-PCR czy amplifikacja z wykorzystaniem starterów specyficznych dla 5S rDNA i genu CO1. Analiza filogenetyczna uzyskanych izolatów włośni pozwoli dokładnie określić drogi przenoszenia nowych gatunków włośni na terenie Polski.

Niniejszy projekt pozwoli bardzo dokładnie zbadać ryzyko zarażenia się ludzi i zwierząt domowych nowymi gatunkami włośni, co jest bardzo istotne dla zdrowia publicznego. Analiza pokrewieństwa uzyskanych izolatów umożliwi poznanie źródła oraz dróg zarażenia w środowisku leśnym. Dodatkowo wyniki badań pozwolą ocenić szybkość rozprzestrzeniania się nowych gatunków włośni na terenie Polski.