

Borelioza z Lyme (BL) jest jedną z najczęściej diagnozowanych chorób odkleszczowych w Europie. Zapadalność na boreliozę w Polsce wzrosła znacząco z 20.3/ 100 tys. mieszkańców w 2007 roku do 56/ 100 tys. mieszkańców w 2017 roku (liczba przypadków zachorowań wzrosła z 7 735 w 2007 roku do 21 516 w roku 2017). Jednak faktyczne dane epidemiologiczne wydają się niedoszacowane ze względu na trudności w diagnostyce boreliozy z Lyme. Co najmniej pięć gatunków z kompleksu *Borrelia burgdorferi* sensu lato - *Borrelia burgdorferi* sensu stricto, *Borrelia garinii*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia spielmani* i *Borrelia bavariensis* - uznanych jest za gatunki patogenne dla człowieka i wydaje się, że każdy z nich jest związany z odmiennym obrazem klinicznym BL. Nowym gatunkiem opisanym ostatnio w Europie jest *Borrelia miyamotoi*, czynnik etiologiczny wywołujący gorączki powrotne (boreliozę miyamotoi, BM). Pomimo wzrastające liczby przypadków zachorowań wśród ludzi, nadal niewiele wiadomo o ekologii i epidemiologii tych bakterii.

Wektorem dla *B. burgdorferi* i *B. miyamotoi* w Europie jest kleszcz pospolity *Ixodes ricinus*, który jest odpowiedzialny za przenoszenie także wielu innych gatunków patogenów (*Babesia*, *Anaplasma*). W konsekwencji pojedynczy kleszcz jest często zakażony więcej niż jednym patogenem, co może mieć istotne znaczenie w diagnostyce i leczeniu chorób odkleszczowych. W ostatnich latach kleszcze stały się obiektem licznych badań ze względu na swoje znaczenie medyczne i weterynaryjne, jednak wciąż pojawiają się doniesienia o nowych patogenach przez nie przenoszonych, które wywołują tzw. szybko rozprzestrzeniające się choroby zakaźne. Wyniki ostatnich badań sugerują, że na transmisję gatunków patogennych z kleszcza na żywiciela wpływ ma różnorodność mikrobiomu tych pajęczaków, który definiowany jest jako społeczność endosymbiontów i przenoszonych transowarialnie bakterii, często blisko spokrewnionych z gatunkami patogennymi. Głównym celem proponowanego projektu jest oszacowanie, po raz pierwszy w świecie, wpływu mikrobiomu kleszczy, współzakażeń z udziałem *Anaplasma*, *Babesia*, *Rickettsia* i *Neohelminthospora* oraz międzygatunkowej konkurencji na występowanie *Borrelia* u kleszczy *Ixodes ricinus* oraz na sukces transmisji krętków na drodze kleszcz-człowiek. Planujemy także zbadać wpływ takich czynników jak czas żerowania kleszczy oraz liczba i gatunek krętków na skuteczność transmisji *Borrelia* z kleszcza do człowieka. Proponowane badania z zakresu parazytologii, biologii molekularnej, bioinformatyki i epidemiologii zakażeń odkleszczowych mają wymiar interdyscyplinarny zgodnie z globalną koncepcją 'One health'.

Pomimo rosnącej liczby badań, mikrobiomy większości gatunków kleszczy pozostają nieznane. Dotychczas większość strategii zwalczania chorób odkleszczowych, jak i samych kleszczy, koncentruje się na stosowaniu środków roztoczobójczych i szczepionek. Jednak populacje kleszczy mogą stać się odporne na stosowane środki chemiczne, a opracowanie szczepionki zajmuje wiele lat. Wyniki badań proponowanego projektu poszerzą naszą dotychczasową wiedzę w zakresie transmisji krętków *Borrelia* na drodze kleszcz-człowiek oraz czynników mogących mieć wpływ na ten proces. W przyszłości wyniki tego typu badań mogą zostać wykorzystane w celu manipulowania mikrobiomem kleszczy, aby m. in. ograniczyć rolę wektorową kleszczy poprzez utrudnianie pozyskiwania, rozwoju oraz poziomej i pionowej transmisji patogenów, co może mieć z kolei wpływ na transmisję patogenów odkleszczowych, a w efekcie zmniejszenie zachorowalności na choroby odkleszczowe.