

ZAŁĄCZNIK NR 2

AUTOREFERAT W JĘZYKU POLSKIM

Alicja Gryczyńska
Zakład Ekologii, Instytut Zoologii
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

Warszawa, 2019

I. IMIĘ I NAZWISKO

Alicja Gryczyńska

(w latach 2002-2014 nosiłam nazwisko Gryczyńska-Sięmiątkowska)

II. POSIADANE DYPLOMY, STOPNIE NAUKOWE

2000 - stopień doktora nauk biologicznych.

Rozprawa doktorska pt. „Udział ptaków wróblowych w rozprzestrzenianiu bakterii *Borrelia burgdorferi* s.l. w środowisku leśnym”.

Zakład Ekologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Warszawski

Promotor: prof. dr hab. Michał Kozakiewicz

1995 – tytuł magistra nauk biologicznych.

Praca magisterska pt. „Zawartość pierwiastków śladowych w zależności od pigmentacji piór na przykładzie gołębia domowego (*Columba livia domestica*)”.

Zakład Ekologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Warszawski

Opiekun: dr hab. Krzysztof Dmowski

III. INFORMACJE O DOTYCHCZASOWYM ZATRUDNIENIU W JEDNOSTKACH NAUKOWYCH

1.10.2015 – do chwili obecnej – asystent na Wydziale Biologii UW

01.10.2000 – 30.09.2015 – adiunkt na Wydziale Biologii UW

01.10.1995 – 30.09.2000 – studentka studiów doktoranckich na Wydziale Biologii UW

**IV. WSKAZANIE OSIĄGNIĘCIA WYNIKAJĄCEGO Z ART. 16
UST. 2 USTAWY Z DNIA 14 MARCA 2003R. O STOPNIACH
NAUKOWYCH I TYTULE NAUKOWYM ORAZ O STOPNIACH I
TYTULE W ZAKRESIE SZTUKI (DZ.U.NR 65 POZ.595 ZE ZM.)**

a) tytuł osiągnięcia naukowego / artystycznego:

**Wybrane grupy kręgowców jako rezerwuár zoonotyczny
bakterii *Borrelia* spp. w środowisku leśnym i miejskim.**

b) publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:

- IF podany według bazy Web of Science
- liczba punktów MNiSW podana według danych na stronie www.nauka.gov.pl

1. Gryczyńska A. & Welc-Falęciak R. 2016. Long-term study of the prevalence of *Borrelia burgdorferi* s.l. infection in ticks (*Ixodes ricinus*) feeding on blackbirds (*Turdus merula*) in NE Poland. Exp Appl Acarol. 70 (3): 381-394. doi: 10.1007/s10493-016-0082-x

IF₂₀₁₆ = 1.760; IF_{5Y} = 1.908; punkty MNiSW₂₀₁₆ = 35; punkty MNiSW₂₀₁₃₋₂₀₁₆ = 35.
liczba cytowań: wg Web of Science = 6;

Wkład habilitantki: 95% - autorstwo koncepcji badań, przeprowadzenie etapu terenowego całego projektu, analiza molekularna części zebranego materiału, opracowanie statystyczne uzyskanych danych, współudział w interpretacji wyników badań, przygotowanie i złożenie manuskryptu, korespondencja z recenzentami, autorka korespondencyjna.

2. Gryczyńska A. & Kowalec M. 2019. Different competency as a Lyme borreliosis causative agent reservoir found in two thrush species: the blackbird (*Turdus merula*) and the song thrush (*Turdus philomelos*). Vector-borne Zoonot. 19 (on line). doi: 10.1089/vbz.2018.2351

IF₂₀₁₇ = 2.171; IF_{5Y} = 2.365; punkty MNiSW₂₀₁₆ = 25; punkty MNiSW₂₀₁₃₋₂₀₁₆ = 30
liczba cytowań: wg Web of Science = 0;

Wkład habilitantki: 85% - autorstwo koncepcji badań, przeprowadzenie etapu terenowego całego projektu, analiza molekularna części zebranego materiału, opracowanie statystyczne uzyskanych danych, współudział w interpretacji wyników badań, przygotowanie i złożenie manuskryptu, korespondencja z recenzentami, autorka korespondencyjna.

3. Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Siedlecka A., Stańczak J., Barkowska M. 2007. Infestation of sand lizards (*Lacerta agilis*) resident in the Northeastern Poland by *Ixodes ricinus* (L.) ticks and their infection with *Borrelia burgdorferi* sensu lato. Acta Parasitol. 52 (2): 165-170. doi: 10.2478/s11686-007-0015-2

IF₂₀₀₇ = 0.814; IF_{5Y} = 1.121; punkty MNiSW₂₀₀₇ = 13; punkty MNiSW₂₀₁₃₋₂₀₁₆ = 20
liczba cytowań: wg Web of Science = 8;

Wkład habilitantki: 73% - autorstwo koncepcji badań, przeprowadzenie etapu terenowego całego projektu, analiza molekularna części zebranego materiału, współudział w interpretacji wyników badań, przygotowanie i złożenie manuskryptu, korespondencja z recenzentami, autorka korespondencyjna.

4. Gortat T., Barkowska M., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Pieniążek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2014**. The effects of urbanization – small mammal communities in a gradient of human pressure in Warsaw city, Poland. *Pol J Ecol.* 62: 163-172.

IF₂₀₁₄ = 0.567; IF_{5Y} = 0.691; punkty MNiSW₂₀₁₄ = 15; punkty MNiSW₂₀₁₃₋₂₀₁₆ = 15.
liczba cytowań: wg Web of Science = 12;

Wkład habilitantki: 40% - współautorstwo koncepcji badań, przeprowadzenie części etapu terenowego całego projektu, współudział w interpretacji wyników badań, przygotowanie i złożenie manuskryptu, korespondencja z recenzentami.

5. Gryczyńska A., Gortat T., Kowalec M. **2018**. Urban rodent reservoirs of *Borrelia* spp. in Warsaw, Poland. *Epidemiol Infect.* 146 (5): 589-593. doi: 10.1017/S095026881800033X

IF₂₀₁₇ = 2.044; IF_{5Y} = 2.094; punkty MNiSW₂₀₁₆ = 30; punkty MNiSW₂₀₁₃₋₂₀₁₆ = 30
liczba cytowań: wg Web of Science = 1;

Wkład habilitantki: 85% - autorstwo koncepcji badań, przeprowadzenie części etapu terenowego całego projektu, analiza molekularna części zebranego materiału, opracowanie statystyczne uzyskanych danych, współudział w interpretacji wyników badań, przygotowanie i złożenie manuskryptu, korespondencja z recenzentami, autorka korespondencyjna.

6. Gryczyńska A. **2018**. Urban and forest living blackbirds (*Turdus merula*) as hosts of *Borrelia* spp. infected ticks. *Pol J Ecol.* 66: 309-314. doi: 10.3161/15052249PJE2018.66.3.010

IF₂₀₁₇ = 0.436; IF_{5Y} = 0.691; punkty MNiSW₂₀₁₆ = 15; punkty MNiSW₂₀₁₃₋₂₀₁₆ = 15.
liczba cytowań: wg Web of Science = 0;

Wkład habilitantki: 100% - autorstwo koncepcji badań, przeprowadzenie etapu terenowego całego projektu, analiza molekularna zebranego materiału, opracowanie statystyczne uzyskanych danych, interpretacja wyników badań, przygotowanie i złożenie manuskryptu, korespondencja z recenzentami, autorka korespondencyjna.

Dane scjentometryczne publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego:

Sumaryczny współczynnik oddziaływania IF czasopism, w których ukazały się ww. publikacje wynosi:

- zgodnie z rokiem publikacji: **7.792**
- zgodnie z aktualnym pięcioletnim IF: **8.870**

Suma punktów MNiSW za ww. publikacje:

- zgodnie z rokiem publikacji: **133**
- zgodnie z aktualnym pięcioletnim współczynnikiem: **145**

Liczba cytowań ww. publikacji do dnia złożenia wniosku (wg bazy Web of Science): **27**

c) omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz omówieniem ich ewentualnego wykorzystania:

Wstęp

Borelioza, czynnik ją wywołujący oraz rezerwuuar zoonotyczny

Efektem coraz intensywniejszego wzrostu powierzchni terenów zurbanizowanych, przekształconych i użytkowanych przez człowieka jest postępująca kolonizacja tych obszarów przez różne gatunki zwierząt. Już nie tylko penetrowanie przez ludzi środowisk bliskich naturalnym, ale też aktywności związane z rekreacją i wypoczynkiem w obrębie zielonych terenów w miastach zaczynają stanowić zagrożenie poprzez kontakt z chorobami odzwierzęcymi (zoonozami). Wiele z tych chorób nie wymaga nawet bezpośredniej styczności z zainfekowanym zwierzęciem, ponieważ w przenoszeniu patogenów mogą brać udział bezkręgowce pełniące funkcję wektorów.

Jedną z wielu takich zoonoz, w rozprzestrzenianiu których aktywny udział biorą wektory, jest borelioza (choroba z Lyme, ang. *Lyme disease*). Za jej transmisję odpowiedzialne są kleszcze z rodziny Ixodidae – w Polsce i Europie głównie kleszcz pospolity (*Ixodes ricinus*). W trakcie żerowania na zakażonych kręgowcach, tworzących w środowisku tzw. rezerwuuar zoonotyczny kleszcze stają się nosicielami patogenów i podczas kolejnego pobierania pokarmu związanego z ich cyklem życiowym mogą zakażać swoich żywicieli - następne kręgowce.

Od czasu opisanie czynnika wywołującego boreliozę oraz powiązania z jego obecnością charakterystycznego dla tej choroby zespołu objawów stwierdzanych u pacjentów (ok. 40 lat temu w USA, Burgdorfer *et al.* 1982, Steere *et al.* 1983) staje się ona na świecie coraz większym problemem z punktu widzenia epidemiologii, zdrowia publicznego i weterynarii. W Polsce, na przestrzeni ostatnich kilkunastu lat, nie tylko znacząco wzrosła skuteczność diagnozowania przypadków boreliozy, ale też odnotowuje się gwałtowny wzrost zachorowalności (Fig.1).

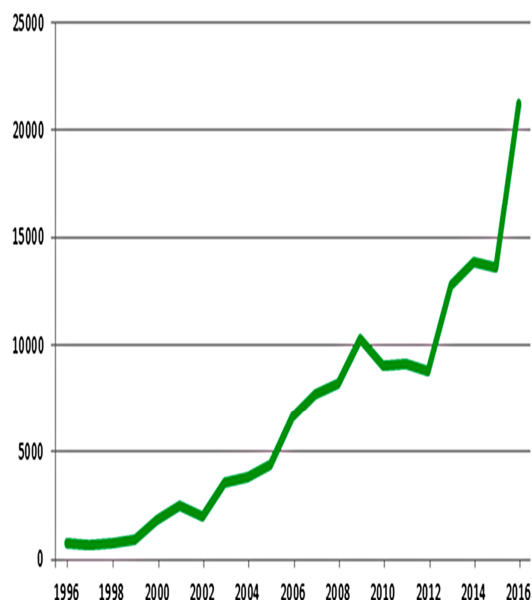


Figura 1. Liczba oficjalnie zarejestrowanych przypadków boreliozy w Polsce w okresie 1996-2016 (na podst. Raportu Państwowego Zakładu Higieny – Pracownia Monitorowania i Analizy Sytuacji Epidemiologicznej)

www.borelioza.org

Czynnikiem etiologicznym boreliozy jest Gram-ujemna bakteria należąca do typu krętki (*Spirochaetes*) – *Borrelia* spp. Do niedawna uważano, że jest to grupa genogatunków (*Borrelia burgdorferi* s.l. complex), natomiast obecnie, w oparciu o wyniki analiz molekularnych i filogenetycznych, zmodyfikowano systematykę i poszczególne genogatunki zakwalifikowane zostały jako gatunki tworzące rodzaj *Borrelia*, zaś rodzaj *Borrelia* skupia teraz gatunki będące czynnikami etiologicznymi chorób nazywanych gorączkami powrotnymi (ang. *relapsing fevers*, Adeolu & Gupta 2014, Oren & Garrity 2015). W dalszej części autoreferatu będę posługiwała się już wyłącznie nowym nazewnictwem, nawet jeśli w omawianych publikacjach występowały wcześniej używane nazwy badanej bakterii.

Wiadomo, że 10 spośród kilkudziesięciu gatunków należących do rodzaju *Borrelia* wywołuje u ludzi objawy boreliozy. Są to: *B. afzelii*, *B. bavariensis*, *B. bissettii*, *B. burgdorferi*, *B. garinii*, *B. kurtenbachii*, *B. lusitaniae*, *B. mayoni*, *B. spielmanii* oraz *B. valaisiana* (Rudenko *et al.* 2011, Cutler *et al.* 2017). Zakażenie poszczególnymi gatunkami charakteryzuje się występowaniem zróżnicowanych objawów i innym przebiegiem choroby.

Udowodniono, że różne grupy kręgowców będące w środowisku żywicielami kleszczy wykazują selektywną podatność na infekcję poszczególnymi gatunkami *Borrelia* i nie zakażają nimi żerujących kleszczy z jednakową efektywnością. Grupą kręgowców najliczniej atakowaną przez kleszcze są drobne ssaki, a wśród nich głównie zwierzęta należące do rodziny chomikowate (Cricetidae) i myszowate (Muridae). Stanowią one rezerwuár zoonotyczny ściśle związany z *B. afzelii* – gatunkiem odpowiedzialnym za wystąpienie u ludzi artro-boreliozy, różnego rodzaju zapaleń stawów i objawów dermatologicznych (np. rumienia wędrującego EM, lub innych: LBC, ACA). Z kolei u ptaków wróblowych (Passeriformes), które w środowisku leśnym są rzadziej atakowane przez kleszcze, wykazuje się najczęściej zakażenie *B. garinii* i *B. burgdorferi* – gatunkami ściśle związanymi z wystąpieniem u ludzi neuroboreliozy i objawów kardiologicznych. Dodatkowo, u przedstawicieli tej grupy żywicieli kleszczy stwierdza się obecność *B. valaisiana* – mało patogenicznego gatunku powodującego zapalenie stawów lub rumień wędrujący (EM) oraz *B. turdi* – gatunku, którego epidemiologiczne zagrożenie dla ludzi nie jest jeszcze w pełni udowodnione (Rudenko *et al.* 2011, Heylen *et al.* 2017). Z kolei *B. lusitaniae* to też mało patogeniczny gatunek stwierdzany najczęściej u gadów i kleszczy na nich żerujących (np. Richter & Matuschka 2006; Majláthová *et al.* 2008; Ekner *et al.* 2011).

Udział ptaków wróblowych w rozprzestrzenianiu boreliozy

Obiektem moich badań prowadzonych w ramach realizowanego w latach 1996 - 2000 projektu doktorskiego był zespół ptaków wróblowych zasiedlający teren leśny zbliżony do naturalnego, na obszarze Pojezierza Mazurskiego, gdzie szczególnie często stwierdza się zakażenie kleszczy bakterią *Borrelia* spp. oraz diagnozowane jest najwięcej w skali Polski przypadków boreliozy u ludzi (źródło: Zakład Epidemiologii, Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego, www.borelioza.org). W celu wytypowania grupy gatunków ptaków będących najbardziej efektywnym rezerwuarem bakterii w tym środowisku, analizowałam poszczególne gatunki pod kątem stopnia ich infestacji przez kleszcze oraz zakażenia bakterią *Borrelia* spp. (oznaczanego przy użyciu metody molekularnej – nested PCR).

W trakcie prowadzonych badań, zarówno w ramach projektu doktorskiego, jak i później w kolejnych ich etapach, stwierdzałam na ptakach wyłącznie żerujące młodociane stadia kleszczy (larwy i nimfy), należące do gatunku *Ixodes ricinus*. Pasożyty znajdowałam tylko na głowie ptaków (okolice dzioba, powieki, wierzch głowy) (Fig. 2).

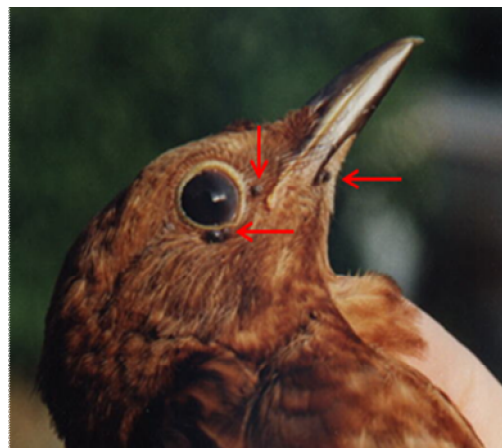


Figura. 2. Lokalizacja kleszczy żerujących na głowie kosa. (Fot. A. Gryczyńska)

Efektem przeprowadzonych badań było wyselekcjonowanie spośród 1724 osobników należących do 45 gatunków grupy kilku gatunków szczególnie często atakowanych przez kleszcze i zakażonych badanym patogenem (Gryczyńska *et al.* 2002, Gryczyńska *et al.* 2004; Tab.1). Gatunki te łączy skłonność do częstego przebywania w dolnych strefach środowiska, poszukiwania pożywienia w ściółce, zakładania gniazd na niewielkiej wysokości nad ziemią. Taki typ zachowań sprzyja ich częstym kontaktom z kleszczami i naraża je na wzmożony atak tych pasożytów poszukujących żywiciela. W tej wyselekcjonowanej grupie gatunków dominują przedstawiciele rodziny drozdów (Turdidae) – kos (*Turdus merula*), śpiewak (*Turdus philomelos*) oraz rudzik (*Erithacus rubecula*) – gatunek obecnie zaliczany do rodziny muchołówek (Muscicapidae), ale behawioralnie bliższy drozdom (Tab.1). W oparciu o wyniki przedstawionych badań można więc sądzić, że gatunki należące do rodziny

drozdów są kompetentnym i efektywnym rezerwuarem zoonotycznym bakterii *Borrelia* spp. w środowisku leśnym.

Tabela 1. Gatunki o najwyższym stopniu infestacji przez kleszcze oraz najwyższej ekstensywności zakażenia *Borrelia* spp. (przy $n \geq 30$ osobników) w zespole ptaków wróblowych zasiedlającym środowisko leśne na terenie Pojezierza Mazurskiego.

Liczebność zespołu ptaków gatunki / osobniki	Ekstensywność infestacji ptaków (%)	Intensywność infestacji ptaków (liczba kleszczy / ptaka)	Ekstensywność zakażenia ptaków <i>Borrelia</i> spp. (%)	Bibliografia
kos / 82	52	2.2	4.2	Gryczyńska <i>et al.</i> 2002 Gryczyńska <i>et al.</i> 2004
zięba / 225	44	1.2	12.7	
śpiewak / 62	40	3	9.3	
kowalik / 34	32	0.6	7.7	
rudzik / 325	24	0.4	5.1	
cały zespół 45 / 1724	25	0.7	-	Gryczyńska <i>et al.</i> 2002
cały zespół 42 / 1254	-	-	4.2	Gryczyńska <i>et al.</i> 2004

W kolejnych latach inni autorzy badający zróżnicowany udział poszczególnych gatunków z rzędu wróblowe w rozprzestrzenianiu bakterii *Borrelia* spp. potwierdzili uzyskane przeze mnie wyniki i ich interpretację, wykazując m. in. szczególnie wysokie wartości współczynników infestacji przez kleszcze u drozdów, wynikające z ich behawioru (Marsot *et al.* 2012; Klaus *et al.* 2016), istotnie wyższy udział kleszczy zakażonych *Borrelia* spp. żerujących na przedstawicielach tej rodziny w porównaniu do innych gatunków (Taragel'ová *et al.* 2008; Lommano *et al.* 2014), a przede wszystkim, udowodnioną w eksperymentach laboratoryjnych, zdolność kosów do transmisji patogenu do żerujących na nich nie zakażonych larw kleszczy (Humair *et al.* 1998; Norte *et al.* 2013).

Cel naukowy poszczególnych prac tworzących osiągnięcie i omówienie ich wyników

Badania, które prowadziłam w ramach realizacji projektu doktorskiego pozwoliły mi wytypować grupę gatunków ptaków wróblowych wykazujących szczególne predyspozycje do utrzymywania w środowisku bakterii *Borrelia* spp.

Głównym celem, który postawiłam sobie na kolejnym etapie badań było pogłębienie wiedzy na temat rezerwuaru zoonotycznego omawianego patogenu, a w szczególności ocena udziału poszczególnych grup kręgowców w schematach krążenia bakterii *Borrelia* spp. w środowiskach o różnym charakterze.

W pierwszej kolejności przystąpiłam do realizacji kilku projektów badawczych, których wspólnym celem była ocena kompetencji jako rezerwuaru bakterii *Borrelia* spp. wybranych, najliczniej występujących w środowisku leśnym, gatunków ptaków z wyselekcjonowanej wcześniej rodziny drozdów. Przedstawiciele tej rodziny powszechnie występujący na terenie Polski, charakteryzują się dość zbliżonym typem behawioru i preferencji środowiskowych. W związku z tym większość badań podejmujących próbę wykazania ich roli jako rezerwuaru zoonotycznego omawianej bakterii ogranicza się do wskazania udziału poszczególnych gatunków drozdów na tle wielogatunkowego zespołu ptaków zasiedlającego dane środowisko (Dubska *et al.* 2009; Lommano *et al.* 2014; Norte *et al.* 2015). Podjęłam się również zadania polegającego na wskazaniu w tej grupie ptaków gatunku, który w sposób bardziej efektywny od pozostałych, uczestniczy w transmisji patogenu. Wyniki moich wieloletnich badań zostały zawarte w dwóch publikacjach (1 i 2).

Pierwsza z nich (1) prezentuje długoterminową analizę zakażenia bakterią *Borrelia* spp. kleszczy żerujących na kosach. Odłowy ptaków były prowadzone w środowisku leśnym na terenie Pojezierza Mazurskiego, w ciągu kilku sezonów badawczych obejmujących łącznie prawie 20 lat. W literaturze dotyczącej tego tematu jest to jedyna publikacja prezentująca zestawienie i porównanie wyników badań w tak długiej perspektywie czasowej. Podobnie, jak w badaniach prowadzonych wcześniej, wykazałam że kos jest gatunkiem, u którego większość osobników jest nosicielem przynajmniej jednego kleszcza – ekstensywność infestacji (prewalencja) przez wszystkie lata badań była bardzo wysoka, średnio u 89.7% odłowionych ptaków znajdowałam żerujące kleszcze. Jednak w przypadku intensywności infestacji stwierdziłam istotne różnice wartości współczynnika w zależności od roku badań, co może sugerować zróżnicowaną liczebność kleszczy w środowisku nie tylko w różnych miesiącach, ale też latach, a w związku z tym bardziej lub mniej intensywny udział ptaków w tworzeniu rezerwuaru zoonotycznego bakterii na terenie badań.

Jednak za największe osiągnięcie w tej pracy uważam wykazanie istotnie wzrastającego udziału zarówno kleszczy zakażonych bakterią *Borrelia* spp. żerujących na kosach (odpowiednio od 4.0 do 30.4%; $r = 0.696$; $F_{4,1} = 3.759$; $P < 0.05$), jak i odsetka ptaków będących nosicielem przynajmniej jednego zakażonego kleszcza (odpowiednio od 21.4 do 40.0%; $r = 0.91$; $F_{4,1} = 18.51$; $P < 0.005$) w kolejnych latach badań.

Wśród zakażonych bakterią *Borrelia* spp. kleszczy żerujących na kosach (średnio 9.8%) stwierdziłam występowanie 4 gatunków: *B. garinii*, *B. afzelii*, *B. turdi* oraz *B. spielmanii* (Fig. 3). W grupie tej większość (68.6%) stanowiły gatunki bakterii charakterystyczne dla rezerwuaru zoonotycznego reprezentowanego w środowisku przez ptaki (*B. garinii* i *B. turdi*).

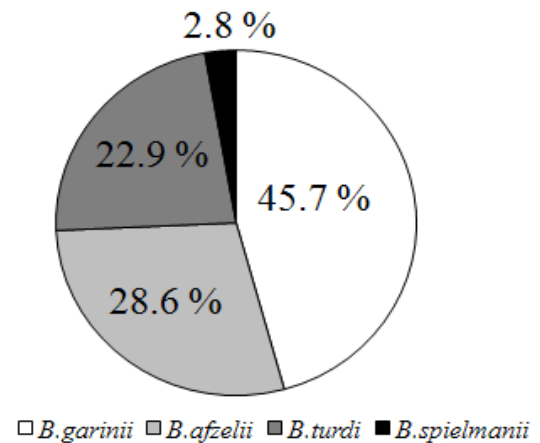


Figura 3. Udział poszczególnych gatunków *Borrelia* spp. wśród zakażonych kleszczy żerujących na kosach.

(1, Gryczyńska & Welc-Falęciak, 2016)

W celu wykazania, że kleszcze zakażone tymi gatunkami patogenu nie są w sposób przypadkowy rozmieszczone na odłowionych kosach zastosowałam analizę statystyczną wykorzystującą model matematyczny zakładający losowy rozkład zakażonych kleszczy na kosach. Na podstawie uzyskanych wyników wykazałam, że pasożyty będące nosicielami gatunków bakterii związanych z rezerwuarem zoonotycznym reprezentowanym przez ptaki są skupione głównie na osobnikach, na których żerował przynajmniej jeden zakażony kleszcz. Takiej prawidłowości nie stwierdziłam w przypadku gatunku bakterii ściśle związanego z rezerwuarem zoonotycznym reprezentowanym w środowisku przez ssaki (*B. afzelii*) (Fig. 4).

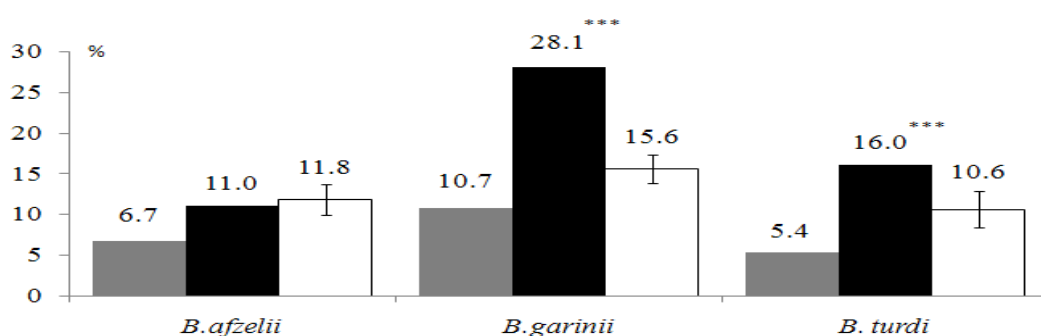


Figura 4. Porównanie udziału poszczególnych gatunków *Borrelia* spp. wśród wszystkich kleszczy żerujących na kosach oraz wśród kleszczy żerujących tylko na kosach z przynajmniej jednym zakażonym kleszczem.

szare słupki – udział poszczególnych gatunków *Borrelia* spp. u wszystkich kleszczy;

czarne słupki – udział poszczególnych gatunków *Borrelia* spp. u kleszczy żerujących na kosach z przynajmniej jednym zakażonym kleszczem;

białe słupki – model matematyczny - średni udział poszczególnych gatunków *Borrelia* spp. u kleszczy żerujących na kosach z przynajmniej jednym zakażonym kleszczem, gdyby kleszcze były rozmieszczone na ptakach losowo;

gwiazdki – istotne statystycznie różnice pomiędzy wartościami prezentowanymi przez czarne i białe słupki;

(1, Gryczyńska & Welc-Falęciak, 2016)

Otrzymanie takiego wyniku pozwala pośrednio wnioskować, że kosy aktywnie uczestniczą w rozprzestrzenianiu tylko wybranych gatunków patogenu, umożliwiając ich transmisję pomiędzy zakażonymi, żerującymi kleszczami lub będąc nosicielami tych gatunków bakterii *Borrelia* spp. i zakażając nimi żerujące pasożyty.

Wykazanie, na podstawie wieloletniej analizy, wzrastającego udziału kosów w transmisji wybranych gatunków bakterii *Borrelia* spp. przyczyniło się do powstania pytania, czy inne gatunki ptaków należące do rodziny drozdów są w podobnym stopniu odpowiedzialne za utrzymywanie w środowisku omawianego patogenu. W celu uzyskania odpowiedzi na to pytanie dokonałam analizy porównawczej infestacji przez kleszcze i stopnia ich zakażenia bakterią *Borrelia* spp. dla dwóch gatunków: wytypowanego już wcześniej kosa oraz równie powszechnie występującego w środowisku leśnym śpiewaka. Wyniki tych badań przedstawiłam w kolejnej publikacji (2). Obydwa gatunki chętnie i często przebywają w dolnych strefach środowiska, gdzie żerują i umieszczają swoje gniazda. Ponadto, rozmiary ich ciała, ciężar oraz aktywność dobową są porównywalne, co pozwoliło wykluczyć zmienność morfologiczną lub behawioralną jako przyczynę potencjalnych różnic w infestacji przez kleszcze lub ich zakażeniu. Ptaki były odławiane w tym samym środowisku (Pojezierze Mazurskie) i czasie. Otrzymane wyniki potwierdziły moje przypuszczenia, że większość osobników jednego i drugiego gatunku była nosicielami przynajmniej jednego kleszcza (88.5% kosów i 70.0% śpiewaków), natomiast średnia liczba kleszczy żerujących na ptaku była u kosów ponad dwukrotnie wyższa (odpowiednio 4.62 vs. 1.85). U obydwu gatunków stwierdziłam również obecność kleszczy zakażonych *Borrelia* spp. W porównaniu z przewalencją zakażenia nimf poszukujących żywiciela w środowisku na terenie badań (3%; Kowalec *et al.* 2017), stwierdzone w przypadku obu gatunków zakażenie żerujących na ptakach kleszczy jest wysokie i może świadczyć o istnieniu transmisji patogenu. Jednak kos okazał się gatunkiem o istotnie wyższym niż śpiewak udziale zakażonych, żerujących kleszczy. Ponadto, analizując infestację ptaków przez zakażone kleszcze, stwierdziłam że nie tylko większy odsetek kosów jest nosicielem przynajmniej jednego takiego kleszcza, ale również, że na kosach żeruje średnio więcej pasożytów będących nosicielami patogenu (Tab. 2).

Można zatem sądzić, że na terenie badań obydwu gatunki drozdów stanowią kompetentny rezerwuuar zoonotyczny dla bakterii *Borrelia* spp., jednak wyższą efektywność transmisji patogenu należy przypisać kosom.

Tabela 2. Porównanie udziału zakażonych kleszczy oraz ptaków będących nosicielami takich pasożytów dla dwóch gatunków drozdów - kosa i śpiewaka.

			
Gatunek	Ekstensywność zakażenia <i>Borrelia</i> spp. kleszczy (%)	Ekstensywność infestacji ptaków przez kleszcze zakażone (%)	Intensywność infestacji ptaków przez kleszcze zakażone (kl. / os.)
kos	49.2	57.7	2.27
śpiewak	18.9	30.0	0.35
	$\chi^2 = 24.26; P < 0.001$	$\chi^2 = 4.04; P = 0.04$	$F = 6.07; P = 0.02$

Potwierdza to również fakt, że w grupie kosów, na których żerowały przynajmniej 4 (a maksymalnie 16) kleszcze, 28.6% osobników było nosicielami prawie wyłącznie (80 - 100%) zakażonych pasożytów. W przypadku żadnego ze śpiewaków nie stwierdzono aż tak wysokiego poziomu zakażenia żerujących kleszczy, co może sugerować mniejszą zdolność tego gatunku do ich infekowania. W literaturze jest bardzo niewiele prac prezentujących analizę porównawczą infestacji przez kleszcze oraz prewalencję ich zakażenia omawianym patogenem przeprowadzoną dla dwóch blisko spokrewnionych ze sobą gatunków ptaków. Te nieliczne dane są w pełni zgodne z wynikami uzyskanymi w moich badaniach (np. Michalik *et al.* 2008). Są to jedne z pierwszych doniesień wykazujących istnienie potencjalnych różnic w efektywności rozprzestrzeniania patogenu w środowisku przez dwa gatunki ptaków, traktowane dotychczas jako wspólny rezerwuuar zoonotyczny bakterii *Borrelia* spp.

W zestawieniu z wynikami prezentowanymi we wcześniej omówionej publikacji, uprawnione jest zatem wskazanie kosa, jako gatunku, którego obecność w danym terenie może w szczególny sposób sprzyjać utrzymywaniu się tam bakterii *Borrelia* spp., zakażaniu kolejnych pokoleń kleszczy, a przez to również może wiązać się ze zwiększonym ryzykiem kontaktu z patogenem nie tylko dla przebywających tam ludzi, ale również innych gatunków zwierząt domowych i dziko żyjących.

W środowisku leśnym, na terenie Pojezierza Mazurskiego, gdzie prowadziłam opisane powyżej badania, poza ptakami występują jeszcze dwie grupy kręgowców pełniących rolę rezerwuaru zoonotycznego dla bakterii *Borrelia* spp. Są to przede wszystkim drobne i średniej wielkości ssaki oraz gady. W związku z tym, że ssaki były tam już wcześniej objęte intensywnie prowadzonymi badaniami w perspektywie

wieloletniej i dominująca rola tej grupy kręgowców jako żywicieli kleszczy i rezerwuuar zoonotyczny patogenu została dokładnie poznana (Pawelczyk & Siński 2001, Pawelczyk *et al.* 2004; Siński *et al.* 2006; Paziewska *et al.* 2010), moje zainteresowania skierowane zostały w stronę udziału gadów, a ściślej jaszczurek zwinek (*Lacerta agilis*), w utrzymywaniu populacji patogenu na tym terenie. W publikacji (3) prezentującej wyniki uzyskane w ramach realizacji projektu badawczego obejmującego analizę kleszczy pochodzących od 235 jaszczurek zwinek wykazałam, że ta grupa ich żywicieli jest w mniejszym stopniu niż ssaki i ptaki zaangażowana w rozprzestrzenianie bakterii *Borrelia* spp. Tylko 13.2% osobników było infestowane przez kleszcze, wśród których nosicielami patogenu było jedynie 4.7% tych pasożytów. Wynik ten jest zgodny z danymi opublikowanymi przez innych autorów, dotyczącymi zakażenia bakterią *Borrelia* spp. kleszczy żerujących na jaszczurkach zwinkach (np. 6% Majláthová *et al.* 2008; 4.1% Ekner *et al.* 2011). Jednakże stwierdzona w moich badaniach prewalencja zakażenia żerujących na jaszczurkach larw kleszczy (1.3%) mogąca być wyłącznie wynikiem transowarialnej transmisji patogenu, a nie udziału żywiciela w jego przenoszeniu, **nie pozwala jednoznacznie określić roli, jaką na terenie badań pełnią jaszczurki zwinki w cyklu utrzymującym bakterię *Borrelia* spp.** Dodatkowym potwierdzeniem marginalnego udziału tej grupy kręgowców jest też fakt, że wśród gatunków bakterii stwierdzonych u żerujących kleszczy nie wykazałam obecności typowego dla gadów *B. lusitaniae*, natomiast *B. afzelii*, *B. garinii* i *B. burgdorferi* występujące u kleszczy poszukujących żywiciela wśród roślinności na terenie badań.

Badania prowadzone w środowisku leśnym w bardzo dobry sposób obrazują występujące tam interakcje pomiędzy patogenem, jego rezerwuarem zoonotycznym i wektorem go przenoszącym. W środowisku tego typu występuje zazwyczaj kompletny skład gatunkowy zespołu kręgowców, przez co rezerwuuar zoonotyczny może być reprezentowany przez wszystkie grupy zwierząt zdolnych pełnić tę funkcję. Ich udział w transmisji patogenu jest zróżnicowany i zależny od wielu czynników. Jednak najbardziej interesującym zagadnieniem jest poznanie schematu krążenia patogenu w ekosystemach o zmodyfikowanej strukturze, w których panują inne, niż w bliskich naturalnym, warunki.

Jednym z kolejnych zadań badawczych, których realizacji się podjęłam, stała się zatem próba weryfikacji wcześniej uzyskanych wyników dotyczących rezerwuuaru

zoonotycznego bakterii *Borrelia* spp. w środowisku o zupełnie odmiennym charakterze. Jako nowy teren badań wybrałam środowisko zurbanizowane, w obrębie dużej aglomeracji, jaką jest miasto Warszawa. W przypadku ekosystemów intensywnie użytkowanych i przekształcanych przez człowieka nie tylko obserwuje się stały i coraz szybszy wzrost zajmowanej przez nie powierzchni, ale również istotny wpływ infrastruktury pochodzenia antropogenicznego na interakcje pasożyt (patogen) – żywiciel. Jest to związane zarówno z obecnością lub brakiem na danym terenie gatunków zwierząt pełniących w tym układzie rolę żywicieli, jak i stopniem ich mobilności umożliwiającym kontakty pomiędzy osobnikami i przez to rozprzestrzenianie pasożytów lub wektorów je przenoszących.

Z literatury wiadomo, że wśród zwierząt kręgowych są gatunki chętnie zasiedlające środowiska miejskie, korzystające z udogodnień związanych z życiem w bliskim sąsiedztwie ludzi i jednocześnie tolerujące niedogodności, jakie niesie z sobą funkcjonowanie w silnie zurbanizowanym ekosystemie. Z kolei inne gatunki unikają miast, nie są zdolne do utrzymania stabilnej populacji w środowisku o zwartej zabudowie, a wpływ różnych czynników antropopresji powoduje, że warunki do życia w tym ekosystemie są dla nich zbyt trudne (Kark *et al.* 2007; Fischer *et al.* 2015).

Dodatkową motywacją dla podjęcia badań na terenie Warszawy były dla mnie coraz liczniej pojawiające się w literaturze doniesienia na temat wzrastającej w obrębie terenów zielonych w mieście liczebności kleszczy i coraz większego udziału wśród nich osobników zakażonych bakterią *Borrelia* spp. (Chmielewski *et al.* 2011; Sytykiewicz *et al.* 2012; Kowalec *et al.* 2017).

Tematyka dwóch kolejnych publikacji wchodzących w skład mojego osiągnięcia naukowego (4 i 5) dotyczy ustalenia składu gatunkowego drobnych ssaków zasiedlających teren Warszawy oraz ich udziału w utrzymywaniu i rozprzestrzenianiu w tym środowisku bakterii *Borrelia* spp. Na terenie badań nie były wcześniej prowadzone żadne projekty dotyczące tej tematyki. Jak już wspominałam wcześniej ssaki stanowią główną grupę kręgowców atakowanych przez kleszcze i jednocześnie są najbardziej kompetentnym i efektywnym rezerwuarem zoonotycznym patogenu w środowisku leśnym. Zatem również w środowisku miejskim powinny odgrywać dominującą rolę w stosunku do innych grup kręgowców, jako źródło infekcji dla żerujących na nich kleszczy. Pierwsza z prezentowanych prac (4) ma charakter monitoringowy. W wyniku przeprowadzonych odłowów drobnych ssaków w 17 lokalizacjach na terenie Warszawy i jej okolic, opisany został skład gatunkowy zespołu

oraz udział (%) w nim poszczególnych gatunków. Zwierzęta odławiane były w obrębie podmiejskich i miejskich terenów zielonych (lasów, parków, skwerów, nieużytków, trawników, itp.) o zróżnicowanym stopniu antropopresji, zwartości zabudowy miejskiej i izolacji, po dwóch stronach Wisły. Cechą wspólną wytypowanych lokalizacji było mniej lub bardziej intensywne wykorzystanie tych terenów w celach rekreacyjnych i wypoczynkowych przez mieszkańców Warszawy i towarzyszące im zwierzęta domowe.

W wyniku przeprowadzonych odłowów stwierdzono w sumie obecność 8 gatunków drobnych ssaków, z których złapano 933 osobniki (Tab. 3).

Tabela 3. Liczba osobników poszczególnych gatunków drobnych ssaków odłowionych na terenie 17 lokalizacji w obrębie Warszawy i jej okolic (4, Gortat *et al.* 2014).

Species	Low anthropopressure degree		High anthropopressure degree		TOTAL number (%)
	Left bank	Right bank	Left bank	Right bank	
<i>Apodemus agrarius</i>	80	84	200	126	490 (52)
<i>Apodemus flavicollis</i>	112	50	32	82	276 (30)
<i>Myodes glareolus</i>	29	37	–	23	89 (9)
<i>Apodemus sylvaticus</i>	–	13	–	14	27 (3)
<i>Microtus arvalis</i>	2	–	–	10	12 (1)
<i>Micromys minutus</i>	1	–	–	–	1 (<1)
<i>Mus musculus</i>	1	–	–	–	1 (<1)
<i>Sorex araneus</i>	18	13	–	6	37 (4)
TOTAL	243	197	232	261	933 (100)

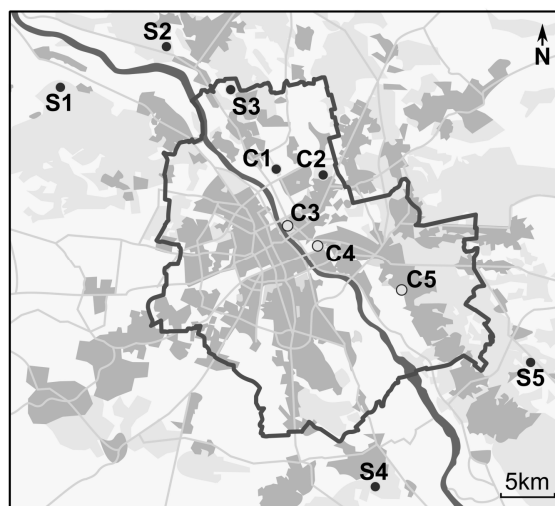
Najliczniej reprezentowanym gatunkiem była myszarka polna (*Apodemus agrarius*), której liczebność wraz z pozostałymi dwoma gatunkami myszarek (myszarką leśną *A. flavicollis* i myszarką zaroślową *A. sylvaticus*) oraz innymi, rzadziej odławianymi, przedstawicielami rodziny myszowate, stanowiła blisko 87% wszystkich odłowionych drobnych ssaków. Z punktu widzenia prowadzonych przeze mnie badań dotyczących zaangażowania wybranych grup kręgowców jako rezerwuar zoonotyczny bakterii *Borrelia* spp., najistotniejszym wynikiem w tej pracy było jednak stwierdzenie na terenie Warszawy i okolic bardzo niewielkich liczebności gatunków należących do rodziny chomikowate. Nornice rude (*Myodes glareolus*) i norniki zwyczajne (*Microtus arvalis*) stanowiły w sumie tylko ok. 10% odłowionych zwierząt. Ponadto, w ścisłym centrum Warszawy, zlokalizowanym po lewej stronie Wisły i charakteryzującym się najwyższym stopniem antropopresji osobniki z gatunków należących do tej rodziny nie zostały zarejestrowane wcale. **W związku z ważną rolą nornic i norników wśród innych gatunków kręgowców, jako żywicieli kleszczy i kompetentny rezerwuar patogenu, można się zatem spodziewać, że w środowisku silnie zurbanizowanym,**

którego unikają, schemat krążenia bakterii *Borrelia* spp. i grupa kręgowców utrzymujących populację tego patogenu będą odmiennie niż w środowisku leśnym.

Konsekwencją stwierdzenia takiego niepełnego, specyficznego składu zespołu drobnych ssaków w środowisku miejskim oraz obecności kleszczy zakażonych bakterią *Borrelia* spp. poszukujących żywiciela wśród roślinności na terenach zielonych w obrębie Warszawy (Chmielewski *et al.* 2011; Sytykiewicz *et al.* 2012; Kowalec *et al.* 2017) było podjęcie przeze mnie próby oceny zakażenia omawianym patogenem jedynej grupy drobnych ssaków stosunkowo licznie zasiedlających to środowisko - myszerek z rodzaju *Apodemus* (5). W oparciu o wyniki przeprowadzonej analizy molekularnej wykrywającej DNA patogenu we krwi 3 gatunków myszerek występujących na terenie Warszawy, stwierdziłam, że ogólna prewalencja zakażenia wyniosła 6.8% (n=252 osobniki). Wynik ten jest porównywalny z prewalencją zakażenia stwierdzaną u osobników należących do tych gatunków, zasiedlających środowisko leśne, gdzie występuje pełny skład gatunkowy zespołu ssaków (4.3-11%, Pawełczyk *et al.* 2004; Siński *et al.* 2006; Paulauskas *et al.* 2008).

Dodatkowym, interesującym wynikiem przedstawionym w tej publikacji jest wykazanie braku korelacji prewalencji zakażenia myszarek bakterią *Borrelia* spp. ze stopniem antropopresji terenu, na którym zostały odłowione.

Obecność zakażonych osobników wykazałam we wszystkich lokalizacjach usytuowanych w okolicach Warszawy i w strefach podmiejskich. Ponadto, udział zakażonych bakterią *Borrelia* spp. myszerek był w tych lokalizacjach podobny. Natomiast na terenie miasta, a zwłaszcza w ścisłym jego centrum, gdzie infrastruktura antropogeniczna utrudnia kontakty pomiędzy osobnikami z poszczególnych populacji lokalnych, zakażone myszarki zostały odłowione wyłącznie w 2 z 5 lokalizacji, a prewalencja ich zakażenia była znacznie wyższa niż u osobników odłowionych w strefach podmiejskich (Fig. 5).



- S – lokalizacje podmiejskie
C – lokalizacje w obrębie miasta
● - lokalizacje, w których odłowiono myszarki
zakazane *Borrelia* spp.
○ - lokalizacje, w których nie stwierdzono myszarek
zakazanych *Borrelia* spp.

Figura 5. Schemat terenu badań z zaznaczonymi lokalizacjami, w których odłowiono myszarki.

(5, Gryczyńska *et al.* 2018)

Może to świadczyć o ograniczonej mobilności myszarek przebywających na tych terenach, co pozostaje w zgodzie z wcześniej uzyskanymi danymi dotyczącymi struktury genetycznej myszarek zasiedlających obszar Warszawy. W publikacjach prezentujących te zagadnienia udowodniono, że na terenie intensywnie zurbanizowanym zarówno myszarka polna, jak i leśna formują liczne, silnie izolowane populacje lokalne, z których osobniki kontaktują się pomiędzy sobą sporadycznie lub wcale. Natomiast w populacjach podmiejskich i zasiedlających duże kompleksy leśne otaczające Warszawę migracja osobników i związany z tym przepływ genów są znacząco częściej obserwowane (Gortat *et al.* 2013, Gortat *et al.* 2015; Gortat *et al.* 2016).

Można zatem sądzić, że w środowisku silnie przekształconym przez człowieka, w którym brakuje istotnego rezerwuaru bakterii *Borrelia* spp., jakim są zwierzęta należące do rodziny chomikowate, a występujące tam myszarki nie wykazują zwiększonego, w stosunku do obserwowanego w środowisku leśnym, udziału w cyklu utrzymującym populację patogenu, mogą funkcjonować inne grupy kręgowców tworzące jego rezerwuariusz zoonotyczny. Jednocześnie rola tych kręgowców może być relatywnie większa niż ma to miejsce w środowisku leśnym.

W związku z tym, na ostatnim etapie swoich badań postanowiłam zweryfikować hipotezę, że w środowisku silnie zurbanizowanym wzrasta udział ptaków w stosunku do drobnych ssaków w schemacie krążenia bakterii *Borrelia* spp. Aby to udowodnić przeprowadziłam analizę porównawczą zakażenia tym patogenem kleszczy żerujących na kosach zasiedlających dwa skrajnie odmienne środowiska – leśne oraz miejskie, a otrzymane wyniki zaprezentowałam w ostatniej publikacji (6) przedstawionej w osiągnięciu naukowym.

Jak już wykazałam wcześniej, w środowisku leśnym ptaki wróblowe są grupą kręgowców atakowaną przez kleszcze i tworzącą rezerwuariusz zoonotyczny bakterii *Borrelia* spp. Jednocześnie wiele gatunków należących do tego rzędu chętnie zasiedla miasta, szybko i łatwo adaptując się do niedogodności występujących w tym środowisku. Infrastruktura pochodzenia antropogenicznego, w postaci zwartej zabudowy czy sieci ulic, utrudniająca kontakty pomiędzy osobnikami w grupie drobnych ssaków, nie wpływa tak ograniczająco na interakcje w zespole ptaków charakterystycznym dla środowiska zurbanizowanego. Ptaki, w przeciwieństwie do drobnych ssaków, bez trudu pokonują bariery stworzone przez miasto, przez co ich

potencjalny udział w rozprzestrzenianiu zakażonych kleszczy i transmisji patogenu może wzrastać w stosunku do obserwowanego w środowisku leśnym. Wytypowany do badań gatunek – kos – poza swoją szczególną efektywnością jako rezerwuuar zoonotyczny bakterii *Borrelia* spp., wykazuje w ostatnich latach tendencję do intensywnego kolonizowania wielu miast na terenie Europy (Partecke & Gwinner 2007; Evans *et al.* 2009; Evans *et al.* 2010).

U ptaków odławianych w tym samym sezonie badawczym, w środowisku leśnym na obszarze Pojezierza Mazurskiego i w obrębie zadrzewień na terenie miasta Warszawy, wykazałam bardzo wysoki i podobny w obu środowiskach odsetek osobników infestowanych przez kleszcze (odpowiednio 91.7% i 90.0%). Z drugiej strony, kosy zasiedlające ekosystem leśny były żywicielami znacząco większej liczby pasożytów w przeliczeniu na jednego osobnika niż ptaki z terenu zurbanizowanego (odpowiednio 4.0 vs. 1.5 kleszcza). Jednak wynikiem mogącym niewątpliwie świadczyć o wartości przeprowadzonych badań i potwierdzającym moje wstępne założenia, było **stwierdzenie istotnie wyższego udziału kleszczy zakażonych bakterią *Borrelia* spp. w grupie ptaków zasiedlających środowisko miejskie**. Obecność DNA patogenu wykazałam odpowiednio u 46.7% kleszczy żerujących na kosach odłowionych na terenie Warszawy, natomiast na ptakach przebywających w środowisku leśnym tylko 35.4% tych pasożytów było nosicielami bakterii *Borrelia* spp.

Nie tylko prevalencja zakażenia żerujących na ptakach kleszczy była wyższa w środowisku miejskim. Dodatkowo, **kosy będące żywicielami przynajmniej jednego zakażonego kleszcza stanowiły w środowisku miejskim większość (55.6%)**, w przeciwieństwie do ptaków zasiedlających środowisko leśne, które tylko w 27.3% były nosicielami takich kleszczy (Fig. 6).

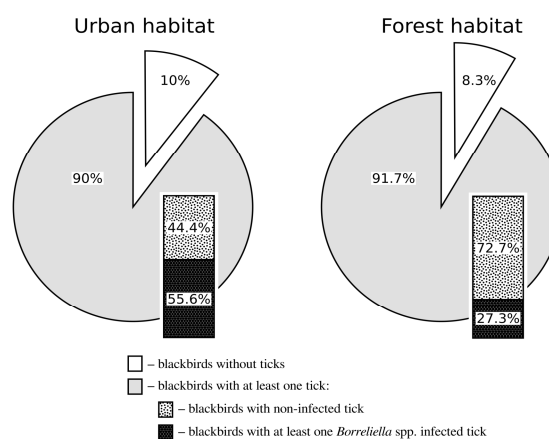


Figura 6. Udział kosów będących żywicielem przynajmniej jednego, zakażonego *Borrelia* spp. kleszcza w dwóch typach środowisk.

(6, Gryczyńska 2018).

W dostępnej obecnie literaturze tematem badań był jedynie problem zróżnicowanego stopnia infestacji przez kleszcze ptaków wróblowych przebywających w środowisku przekształconym przez człowieka w stosunku do osobników z terenów

pozamiejskich (Gregoire *et al.* 2002). Wykazywano też zakażenie różnymi patogenami (w tym bakterią *Borrelia* spp.) kleszczy żerujących na ptakach zasiedlających jedynie środowisko miejskie (Hamer *et al.* 2012). Przedstawiona w omawianej publikacji analiza porównawcza infestacji przez kleszcze oraz związanej z nią prevalencji zakażenia tych pasożytów bakterią *Borrelia* spp. opisana dla dwóch populacji kosa zasiedlających środowiska o skrajnie odmiennym charakterze jest pierwszym tego typu doniesieniem w literaturze. Przeprowadzone przeze mnie badania powinny zatem stać się przyczynkiem do podejmowania kolejnych projektów wyjaśniających szczególnie duży udział ptaków w schemacie krążenia bakterii *Borrelia* spp. w środowisku miejskim.

Podsumowanie i dalsze plany badawcze

Wyniki zaprezentowane w publikacjach składających się na moje osiągnięcie naukowe pogłębiają wiedzę bezpośrednio lub pośrednio odnoszącą się do udziału rezerwuaru zoonotycznego bakterii *Borrelia* spp. reprezentowanego przez ptaki. Na tle innych grup kręgowców – ssaków i gadów – wykazałam specyfikę relacji ptaków z patogenem i wektorem go przenoszącym w środowiskach o skrajnie odmiennym charakterze. Wymieniając najistotniejsze obserwacje będące efektem moich wieloletnich badań wskazałabym, że:



W środowiskach miejskim i pozamiejskim realizowane są odmienne schematy krążenia bakterii *Borrelia* spp., co jest konsekwencją zróżnicowanego zaangażowania w nich poszczególnych grup kręgowców.



Poza miastem grupą dominującą w tym cyklu są ssaki, natomiast rola ptaków (nawet gatunków zaangażowanych w relatywnie dużym stopniu w rozprzestrzenianie patogenu) wydaje się znacząco mniejsza, zaś udział gadów można ocenić jako marginalny.



W środowisku miejskim brak lub bardzo niewielkie liczebności nornic i norników oraz ograniczona mobilność pozostałych gatunków drobnych ssaków powoduje znaczący wzrost udziału ptaków (w szczególności kosa) w rozprzestrzenianiu patogenu.

-  Następnym większym zaangażowaniem ptaków, stanowiących głównie rezerwuariusz zoonotyczny dla gatunków *B. burgdorferii* i *B. garinii* jest w środowisku miejskim funkcjonowanie takiego schematu krążenia patogenu, który promuje rozprzestrzenianie boreliozy o najpoważniejszym przebiegu.
-  Można przypuszczać, że w środowisku miejskim znaczący udział jako rezerwuariusz zoonotyczny bakterii *Borrelia* spp. mogą również mieć inne gatunki synantropijnych kręgowców, potwierdzenie tego wymaga jednak dalszych badań.

Kontynuacja tego typu badań zlokalizowanych w środowisku miejskim jest niezwykle ważnym krokiem ze względu na stale wzrastające zagrożenie zdrowia ludzi wynikające z kontaktu z patogenami wywołującymi choroby odzwierzęce i infekcyjne. Coraz większy odsetek ludzi w skali globalnej będzie dążyć do zasiedlania miast, wykorzystując istniejące tam tereny zielone do celów rekreacyjnych i wypoczynkowych. W związku z tym poznanie schematu krążenia bakterii *Borrelia* spp., kanałów transmisji patogenu oraz jego rezerwuariusza zoonotycznego charakterystycznego dla tego nietypowego środowiska, pozwoli efektywniej zarządzać ryzykiem ekspozycji mieszkańców miast na kontakt z patogenem, a przez to stopniowo ograniczać zagrożenie dla ich zdrowia. Warto również wspomnieć, że różne gatunki *Borrelia* spp. są odpowiedzialne za odmienny przebieg boreliozy i wystąpienie innych objawów choroby. Rezerwuariusz zoonotyczny reprezentowany przez ptaki wykazuje szczególne predyspozycje do selektywnego rozprzestrzeniania gatunków wywołujących najcięższą postać choroby – neuroboreliozę. Dlatego też dalsze pogłębianie wiedzy obejmującej tę grupę kręgowców wydaje się szczególnie ważne.

Kolejne etapy swoich badań wiąże ze środowiskiem miejskim i szerokim rozwinięciem działań mających na celu zarówno ustalenie składu gatunkowego rezerwuariusza zoonotycznego bakterii *Borrelia* spp., jak i poznanie schematu krążenia patogenu w tym nietypowym środowisku. Aby zrealizować powyższe zamierzenia niezbędne wydaje mi się zaprojektowanie panelu badań łączącego kilka wątków:

- Analiza zakażenia bakterią *Borrelia* spp. całego zespołu ptaków zasiedlającego teren Warszawy i jej okolic. Interesujące byłoby włączenie do badań innych, charakterystycznych dla środowiska miejskiego, gatunków i grup ptaków, np:

- **kwiczoł** (*Turdus pilaris*) należący również, poza kosem i śpiewakiem, do rodziny drozdów, gatunek obecnie silnie związany ze środowiskiem o charakterze antropogenicznym. W środowisku leśnym kwiczoł jest spotykany sporadycznie, w związku z czym w literaturze praktycznie nie ma danych na temat jego udziału w rozprzestrzenianiu bakterii *Borrelia* spp.
- **gołąb miejski** (*Columba livia domestica*) - gatunek spotykany prawie wyłącznie w miastach. W literaturze jest tylko jedna praca, w której wykazano zakażenie omawianym patogenem u 15.47% osobników (Ebani *et al.* 2016). Wskazane byłoby zatem objęcie badaniami populacji gołębi miejskich w celu weryfikacji hipotezy dotyczącej zaangażowania tego gatunku w utrzymywanie bakterii *Borrelia* spp.
- **krukowate** (Corvidae) – gatunki synantropijne należące do tej rodziny mogą pełnić w środowisku miejskim funkcję rezerwuaru zoonotycznego patogenu. W aktualnie dostępnej literaturze brakuje danych na ten temat, jednocześnie wyniki pokazujące ekstensywność ich infestacji przez kleszcze (na poziomie 33.33%; Sándor *et al.* 2017) zdają się przemawiać za istotnym udziałem przedstawicieli tej rodziny w schemacie krążenia bakterii *Borrelia* spp.
- Analiza zakażenia bakterią *Borrelia* spp. ssaków średniej wielkości, zasiedlających środowisko miejskie. Dane z literatury sugerują, że w utrzymaniu patogenu mogą uczestniczyć m.in. wiewiórki pospolite (*Sciurus vulgaris*), kuny domowe (*Martes martes*), ale też jeże (Erinaceidae) i łasice (Mustelidae).

Ponadto, zgromadzony materiał (DNA wyizolowane z tkanek zwierząt kręgowych i kleszczy na nich żerujących) może zostać wykorzystany w celu przeprowadzenia analiz pozwalających stwierdzić w nim obecność innych, przenoszonych przez kleszcze patogenów (np. *Borrelia miyamotoi*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Rickettsia helvetica*, *Neorickettsia mikurensis*, *Babesia microti*). Patogeny te, podobnie jak bakteria *Borrelia* spp. są czynnikami etiologicznymi zoonoz będących coraz poważniejszym problemem epidemiologicznym i weterynaryjnym.

Bibliografia

- Adeolu M., Gupta R.S. 2014. A phylogenomic and molecular marker based proposal for the division of the genus *Borrelia* into two genera: the emended genus *Borrelia* containing only the members of the relapsing fever *Borrelia*, and the genus *Borrelia* gen. nov. containing the members of the Lyme disease *Borrelia* (*Borrelia burgdorferi* sensu lato complex). *Anton Leeuw Int J G* 105: 1049-1072. doi: 10.1007/s10482-014-0164-x.
- Burgdorfer W., Barbour A.G., Hayes S.F., Benach J.L., Grunwaldt E., Davis J.P. 1982. Lyme disease – A tick borne spirochetosis. *Science* 216: 1317-1319.
- Chmielewski T., Andrzejewski K., Mączka I., Fiecek B., Radlińska M., Tylewska-Wierzbowska S. 2011. Ticks infected with bacteria pathogenic to humans in municipal parks in Warsaw. *Przegląd Epidemiologiczny* 65: 577-581. [in Polish]
- Cutler S.J., Rudenko N., Golovchenko M., Cramaro W.J., Kirpach J., Savic S., Christova I., Amaro A. 2017. Diagnosing Borreliosis. *Vector-Borne Zoonot Dis*. 17 (1): 2-11. doi: 10.1089/vbz.2016.1962.
- Dubská L., Literák I., Kocianová E., Taragelova V., Sychra O. 2009. Differential role of passerine birds in distribution of *Borrelia* spirochetes, based on data from ticks collected from birds during the postbreeding migration period in Central Europe. *Appl Environ Microb* 75: 596-602. doi: 10.1128/AEM.01674-08
- Ekner A., Dudek K., Sajkowska Z., Majláthová A., Majláth I., Tryjanowski P. 2011. *Anaplasmataceae* and *Borrelia burgdorferi* sensu lato in the sand lizard *Lacerta agilis* and co-infection of these bacteria in hosted *Ixodes ricinus* ticks. *Parasit Vectors* 4: 182. doi: 10.1186/1756-3305-4-182
- Ebani V.V., Bertelloni F., Mani P. 2016. Molecular survey on zoonotic tick-borne bacteria and chlamydiae in Feral pigeons (*Columba livia domestica*). *Asian Pac J Trop Dis*. 9 (4): 324-327. doi: 10.1016/j.apjtm.2016.03.005
- Evans K.L., Gaston K.J., Frantz A.C., Simeoni M., Sharp S.P., McGowan A., Dawson D.A., Walasz K., Partecke J., Burke T., Hatchwell B.J. 2009. Independent colonization of multiple urban centres by a formerly forest specialist bird species. *Proc Biol Sci*. 276: 2403-10. doi: 10.1098/rspb.2008.1712
- Evans K.L., Hatchwell B.J., Parnell M., Gaston K.J. 2010. A conceptual framework for the colonisation of urban areas: the blackbird *Turdus merula* as a case study. *Biol Rev*. 85: 643-667. doi: 10.1111/j.1469-185X.2010.00121.x
- Fischer J.D., Schneider S.C., Ahlers A.A., Miller J.R. 2015. Categorizing wildlife responses to urbanization and conservation implications of terminology. *Conserv Biol*. 4: 1246-8. doi: 10.1111/cobi.12451.
- Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2013. Genetic structure in urban and rural populations of *Apodemus agrarius* in Poland. *Mamm Biol*. 78: 171-177. <http://dx.doi.org/10.1016/j.mambio.2012.07.155>.
- Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska A., Pieniżek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2015. Anthropopressure gradients and the population genetic structure of *Apodemus agrarius*. *Conserv Genet* 16: 649-659. doi: 10.1007/s10592-014-0690-0
- Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2016. The spatial genetic structure of the yellow-necked mouse in an urban environment – a recent invader vs. a closely related permanent inhabitant. *Urban Ecosyst* 20: 581-594. doi:10.1007/s11252-016-0620-7
- Gregoire A., Faivre B., Heeb P., Cezilly F. 2002. A comparison of infestation patterns by *Ixodes ricinus* ticks in urban and rural populations of the Common Blackbird *Turdus merula*. *Ibis* 144: 640-645. <https://eurekamag.com/pdf/003/003619388.pdf>
- Gryczyńska A., Barkowska M., Siemiątkowski M. 2002. Analysis of *Ixodes ricinus* (L.) tick burdens in a resident passerine bird community in the Mazurian Lake region (Northeastern Poland). *Acta Parasitol* 47: 51-57.
- Gryczyńska A., Zgódka A., Płoski R., Siemiątkowski M. 2004. *Borrelia burgdorferi* sensu lato infection in passerine birds from the Mazurian Lake region (Northeastern Poland). *Avian Pathol*. 33: 69-75.
- Hamer S.A., Goldberg T.L., Kitron U.D., Brawn J.D., Anderson T.K., Loss S.R., Walker E.D., Hamer G.L. 2012. Wild birds and urban ecology of ticks and tick-borne pathogens, Chicago, Illinois, USA, 2005–2010. *Emerg Infect Dis*. 18 (10): 1589-1595. <https://dx.doi.org/10.3201/eid1810.120511>

- Heylen D., Fonville M., van Leeuwen A.D., Stroo A., Duisterwinkel M., van Wieren S., Diuk-Wasser M., de Bruin A., Sprong H. 2017. Pathogen communities of songbird-derived ticks in Europe's low countries. *Parasites & Vectors* 10: 497. doi: 10.1186/s13071-017-2423-y
- Humair P.-F., Postic D., Wallich R., Gern L. 1998. An avian reservoir (*Turdus merula*) of the Lyme borreliosis spirochetes. *Zentralbl Bakteriol.* 287: 521-538.
- Kark S., Iwaniuk A., Schalimtzek A., Banker E. 2007. Living In the city: can anyone become an „Urban exploiter”? *J Biogeogr.* 34: 638-651. doi: 10.1111/j.1365-2699.2006.01638.x
- Klaus C., Gethmann J., Hoffmann B., Ziegler U., Heller M., Beer M. 2016. Tick infestation in birds and prevalence of pathogens in ticks collected from different places in Germany. *Parasitol Res.* 115: 2729-2740. doi: 10.1007/s00436-016-5022-5
- Kowalec M., Szewczyk T., Welc-Falęciak R., Siński E., Karbowski G., Bajer A. 2017. Ticks and the city – are there any differences between city parks and natural forests in terms of tick abundance and prevalence of spirochaetes? *Parasites & Vectors* 10: 573. doi: 10.1186/s13071-017-2391-2
- Lommano E., Dvořák C., Vallotton L., Jenni L., Gern L. 2014. Tick-borne pathogens in ticks collected from breeding and migratory birds in Switzerland. *Ticks Tick-borne Dis.* 5: 71-882. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.07.001>
- Marsot M., Henry P.-Y., Vourc'h G., Gasqui P., Ferquel E., Laignel J., Grysan M., Chapuis J.-L. 2012. Which forest bird species are the main hosts of the tick, *Ixodes ricinus*, the vector of *Borrelia burgdorferi* sensu lato, during the breeding season? *Int J Parasitol* 42: 781-788. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ijpara.2012.05.010>
- Majláthová A., Majláth I., Hromada M., Tryjanowski P., Bona M., Antczak M., Víchová B., Dzimko Š., Mihalca A., Petko B. 2008. The role of the sand lizard (*Lacerta agilis*) in the transmission cycle of *Borrelia burgdorferi* sensu lato. *Int J Med Microbiol.* 298: 161-167. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2008.03.005>
- Michalik J., Wodecka B., Skoracki M., Sikora B., Stańczak J. 2008. Prevalence of avian-associated *Borrelia burgdorferi* s.l. genospecies in *Ixodes ricinus* ticks collected from blackbirds (*Turdus merula*) and song thrushes (*T. philomelos*) – *Int J Med Microbiol.* 298: 129-138. doi.org/10.1016/j.ijmm.2008.03.004
- Norte A.C., Lopes de Carvalho I., Nuncio M.S., Ramos J.A., Gern L. 2013. Blackbirds *Turdus merula* as competent reservoirs for *Borrelia turdi* and *Borrelia valaisiana* in Portugal: evidence from a xenodiagnostic experiment. *Environ Microbiol Rep.* 5: 604-607. doi: 10.1111/1758-2229.12058
- Norte A.C., da Silva L.P., Tenreiro P.J.Q., Felgueiras M.S., Araújo P.M., Lopes P.B., Matos C., Rosa A., Ferreira P.J.S.G., Encarnação P., Rocha A., Escudero R., Anda P., Nuncio M.S., Lopes de Carvalho I. 2015. Patterns of tick infestation and their *Borrelia burgdorferi* s.l. infection in wild birds in Portugal. *Tick Tick-borne Dis.* 6: 743-750. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ttbdis.2015.06.010>
- Oren A., Garrity G.M. 2015. List of new names and new combinations previously effectively, but not validly, published. *Int J Syst Evol Micr* 65: 1105-1111. doi: 10.1099/ijs.0.000178
- Partecke J. & Gwinner E. 2007. Increased sedentariness in European Blackbirds following urbanization: a consequence of local adaptation? *Ecology* 88 (4): 882-890.
- Paulauskas A., Ambrasienė D., Radzijeuskaja J., Rosef O., Turcinaviciene J. 2008. Diversity in prevalence and genospecies of *Borrelia burgdorferi* sensu lato in *Ixodes ricinus* ticks and rodents in Lithuania and Norway. *Int J Med Microbiol.* 298: 180-187. doi: 10.1016/j.ijmm.2008.04.003
- Pawelczyk A., Ogrzewalska M., Zadrozna I., Siński E. 2004. The zoonotic reservoir of *Borrelia burgdorferi* sensu lato in the Mazury Lakes district of North-Eastern Poland. *Int J Med Microbiol.* 293 (suppl. 37): 167-171.
- Pawelczyk A., Siński E. 2001. Współwystępowanie *Borrelia garinii* i *B. afzelii* wśród populacji gryzoni leśnych. *Wiadomości Parazytologiczne* 47: 741-746.
- Paziewska A., Zwolińska L., Harris P.D., Bajer A., Siński E. 2010. Utilisation of rodent species by larvae and nymphs of hard ticks (Ixodidae) in two habitats in NE Poland. *Exp Appl Acarol* 50: 79-91. doi: 10.1007/s10493-009-9269-8
- Richter D., Matuschka FR. 2006. Perpetuation of the Lyme disease spirochete *Borrelia lusitaniae* by lizards. *Appl Environ Microbiol.* 72 (7): 4627-32. doi: 10.1128/AEM.00285-06
- Rudenko N., Golovchenko M., Grubhoffer L., Oliver J.H. Jr. 2011. Updates on *Borrelia burgdorferi* sensu lato complex with respect to public health. *Ticks Tick Borne Dis.* 2 (3): 123-128. doi:10.1016/j.ttbdis.2011.04.002

Sándor A.D., Kalmár Z., Matei I., Ionică A.M., Mărcutan I-D. 2017. Urban breeding corvids as disseminators of ticks and emerging tick-borne pathogens. *Vector-Borne Zoonot Dis.* 17 (20): 152-154. doi: 10.1089/vbz.2016.2054

Siński E., Pawełczyk A., Bajer A., Behnke J.M. 2006. Abundance of wild rodents, ticks and environmental risk of Lyme borreliosis: a longitudinal study in an area of Mazury Lakes District of Poland. *Ann Agr Env Med.* 13: 259-300.

Steere A.C., Grodzicki R.L., Kornblatt A.N. 1983. The spirochetal etiology of Lyme disease. *N Engl J Med.* 308: 733-740.

Sytykiewicz H., Karbowiak G., Werszko J., Czerniewicz P., Sprawka I., Mitrus J. 2012. Molecular screening for *Bartonella henselae* and *Borrelia burgdorferi* sensu lato co-existence within *Ixodes ricinus* populations in central and eastern parts of Poland. *Ann Agr Env Med.* 19: 451-456. doi: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23020038>

Taragel'ová V., Koči J., Hanincová K., Kurtenbach K., Derdáková M., Ogden N.H., Literák I., Kocianová E., Labuda M. 2008. Blackbirds and Song Thrushes constitute a key reservoir of *Borrelia garinii*, the causative agent of borreliosis in Central Europe. *Appl Environ Microbiol.* 74 (4): 1289-1293. doi: 10.1128/AEM.01060-07

V. OMÓWIENIE POZOSTAŁYCH OSIĄGNIĘĆ NAUKOWO – BADAWCZYCH

Na mój dorobek naukowy składa się w sumie **29** publikacji (6 spośród nich omówiłam szczegółowo w prezentowanym wcześniej osiągnięciu naukowym).

Dane scjentometryczne dorobku wraz z osiągnięciem naukowym:

- Sumaryczny współczynnik oddziaływania IF czasopism, w których ukazały się wszystkie publikacje, których jestem autorką lub współautorką wynosi: **28.702**
- Suma punktów MNiSW uzyskanych za wszystkie publikacje: **316.5**
- Łączna liczba cytowań wszystkich publikacji do dnia złożenia wniosku (wg bazy Web of Science): **133**
- Indeks Hirscha (*h-index*) (wg bazy Web of Science): **8**

Tematykę zagadnień i projektów badawczych, których realizacji podejmowałam się przez wszystkie lata pracy naukowej charakteryzuje bardzo duża różnorodność. Jako ekolog z wykształcenia i ornitolog z pasji najchętniej stawiałam sobie pytania dotyczące wybranych aspektów funkcjonowania w środowisku różnych gatunków ptaków, ich interakcji z innymi organizmami, czy wpływem struktury krajobrazu na populacje poszczególnych gatunków. Doświadczenie zdobyte w trakcie wielu lat uczestniczenia w akcjach obrączkowania ptaków pozwoliło mi zająć się nie tylko wybranymi gatunkami, ale nawet całymi zespołami ptaków zasiedlającymi różne środowiska. Jednocześnie bliska była mi problematyka związana z parazytologią tej grupy kręgowców. Mogę uznać, że ekologiczny aspekt relacji ptaków z patogenami i pasożytami, stanowiącymi

jednocześnie zagrożenie dla zdrowia ludzi, był głównym nurtem moich zainteresowań naukowych przez wszystkie lata pracy badawczej.

Wprowadzenie do ekologii technik stosowanych w biologii molekularnej otworzyło przede mną nowe możliwości nie tylko bardziej precyzyjnego diagnozowania zakażeń u ptaków i ssaków, ale również weryfikacji dotychczasowych poglądów dotyczących wybranych aspektów z ich biologii, np. podejmowanych przez nie strategii rozrodczych, czy zagadnień obejmujących genetykę populacji gatunków zagrożonych lub zasiedlających środowiska dla nich nietypowe – miasta.

W odpowiedzi na potrzebę prowadzenia takich badań, zorganizowałam i uruchomiłam Międzyzakładową Pracownię Ekologii Molekularnej, której pracę do dziś koordynuję wspólnie z pracownikami Zakładu Hydrobiologii. Pozwoliło mi to rozszerzyć tematykę podejmowanych zadań badawczych. Drugi ważny nurt w moim dorobku naukowym stanowią zagadnienia dotyczące wpływu przestrzennego zróżnicowania środowiska, obecności różnego rodzaju barier środowiskowych i efektu izolacji na funkcjonowanie i charakterystykę genetyczną populacji kilku gatunków drobnych gryzoni.

Obecnie uważam, że niezwykle ważną problematyką naukową w dzisiejszych czasach jest wpływ obecności na terenach zurbanizowanych zwierząt będących wektorami lub źródłem zakażenia różnymi patogenami i pasożytami dla coraz liczniejszej populacji mieszkańców miast. Badania molekularne pozwalają precyzyjnie identyfikować zagrażające zdrowiu publicznemu gatunki patogenów i pasożytów wywołujących zoonozy, a z kolei badania ekologiczne umożliwiają dokładne prześledzenie kanałów transmisji tych chorób i rezerwuaru zoonotycznego czynników je wywołujących.

Publikacje obejmujące zagadnienia z parazytologii środowiskowej

Udział ptaków wróblowych (Passeriformes) jako żywicieli dla kleszczy i rezerwuar zoonotyczny bakterii *Borrelia* spp.

W czasie studiów doktoranckich na Wydziale Biologii UW realizowałam kilka projektów badawczych, których wspólnym celem było ustalenie roli ptaków wróblowych w utrzymywaniu populacji bakterii *Borrelia* spp. w środowisku. Główną hipotezą tych badań było założenie, że udział poszczególnych gatunków ptaków w

tworzeniu rezerwuaru zoonotycznego patogenu jest zróżnicowany i uzależniony przede wszystkim od ich behawioru, w większym lub mniejszym stopniu sprzyjającego częstym kontaktom z kleszczami. Weryfikacja przyjętych założeń wymagała nie tylko dokonania oceny poziomu infestacji przez kleszcze poszczególnych gatunków ptaków tworzących zespół zasiedlający środowisko leśne na terenie Pojezierza Mazurskiego, ale również przeprowadzenia analizy obecności DNA patogenu w tkankach ptaków i w żerujących na nich kleszczach. Wyniki badań prowadzonych przez trzy 6-miesięczne sezony w zestawieniu z moją wiedzą dotyczącą biologii i ekologii różnych gatunków ptaków pozwoliły mi wytypować spośród 45 odłowionych gatunków grupę wykazującą szczególne zaangażowanie w cyklu krążenia bakterii *Borrelia* spp. w środowisku. Uzyskane wyniki stanowiły podstawę mojej rozprawy doktorskiej, a następnie zostały opublikowane w dwóch oryginalnych pracach. Dane te oraz ich interpretację przedstawiłam wcześniej, we wstępie osiągnięcia naukowego, w związku z tym, że prace je prezentujące stały się podstawą dla kolejnych, szczegółowych badań, obejmujących już wybrane gatunki należące do rodziny drozdów, które uznałam za najbardziej efektywny i kompetentny rezerwuar zoonotyczny bakterii *Borrelia* spp. reprezentowany przez ptaki w środowisku leśnym.

1. Gryczyńska A., Zgódk A., Płoski R., Siemiątkowski M. 2004. *Borrelia burgdorferi* sensu lato infection in passerine birds from the Mazurian Lake region (Northeastern Poland). Avian Pathol. 33 (1): 69-75. <https://doi.org/10.1080/03079450310001636309>
2. Gryczyńska A., Barkowska M., Siemiątkowski M. 2002. Analysis of *Ixodes ricinus* (L.) tick burdens in a resident passerine bird community in the Mazurian Lake region (Northeastern Poland). Acta Parasitol. 47 (1): 51-57.

Praca opublikowana przed doktoratem:

3. Gryczyńska A. 1997. Ekologia boreliozy z Lyme – rola lądowych zwierząt kręgowych. Wiad. Ekol. 18 (3): 207-222.

Analiza występowania pasożytów i patogenów w populacji zięby (*Fringilla coelebs*) z terenu Pojezierza Mazurskiego.

Prowadzenie omówionych powyżej badań, obejmujących zespół ptaków wróblowych zasiedlający środowisko leśne na terenie Pojezierza Mazurskiego, pozwoliło mi na nawiązanie współpracy naukowej z parazytologami z Rosyjskiej Akademii Nauk (Zoological Institute, Russian Academy of Sciences, St. Petersburg) oraz z Polskiej Akademii Nauk (Muzeum i Instytut Zoologii, Warszawa). Obiektem naszych

wspólnych zainteresowań była analiza występowania różnych grup pasożytów i patogenów w populacji zięby. U tego pospolicie występującego na terenie badań gatunku ptaka stwierdzona została obecność oocyst pierwotniaków jelitowych - kokcydii z rodzaju *Isospora* (Eimeriidae) – w odchodach u 80% osobników, oraz pasożytniczych pierwotniaków z rodzaju *Haemoproteus* (Haemosporida) - we krwi u 53% osobników. Uzyskane wyniki zestawiono z danymi dotyczącymi analizy infestacji zięb przez ektopasożyty - kleszcze z gatunku *Ixodes ricinus* (stwierdzone u 44% osobników) oraz wykazaniem zakażeniem bakterią *Borrelia* spp. (u 13% osobników). Przeprowadzone badania stanowią cenny materiał monitoringowy i wskazują na szczególnie częste współwystępowanie wielu różnych grup pasożytów w jednej populacji ptaków. Ptaki wolne od pasożytów stanowiły w badanej grupie osobników bardzo nieznaczny odsetek – tylko 5%. Można przypuszczać, że tak intensywna inwazja pasożytów może wpływać na pogorszenie kondycji ptaków, zwłaszcza jeśli są to pasożyty należące do różnych grup i ich interakcje z żywicielem mogą wywołać efekt synergiczny.

4. Pawełczyk A., Gryczyńska A., Mazgajski T. 2003. Parasites of Chaffinch (*Fringilla coelebs*) population. Part II. Blood parasites. Wiad Parazytol. 49 (1): 31-38. <http://annals-parasitology.eu/go.live.php/PL-H198/2003-vol-49.html>
5. Gryczyńska A., Dolnik O., Pawełczyk A., Mazgajski T. D., Siemiątkowski M. 2000. Parasites and pathogenes in population of Chaffinch (*Fringilla coelebs*) from Masurian Lakeland. NE Poland. Acta Ornithol. 35 (1): 79-83.

Praca opublikowana przed doktoratem:

6. Gryczyńska A., Dolnik O., Mazgajski T. D. 1999. Parasites of Chaffinch (*Fringilla coelebs*) population. Part I. Coccidia (Protozoa, Apicomplexa). Wiad Parazytol. 45 (4): 495-500.

Zróżnicowanie zespołu pasożytów w miejskich populacjach drobnych gryzoni.

Problematyka parazytologiczna w moim dorobku naukowym nie była ograniczona wyłącznie do badań dotyczących pasożytów i patogenów specyficznych dla ptaków. Realizowałam również projekty badawcze obejmujące zagadnienia występowania tych organizmów w populacjach drobnych gryzoni z rodzaju *Apodemus* zasiedlających środowisko miejskie o zróżnicowanym stopniu antropopresji. Wspólnym założeniem tych badań było potwierdzenie, że stopień przekształcenia środowiska naturalnego przez człowieka w istotny sposób wpływa na różnorodność gatunkową zespołu

pasożytów przenoszonych przez gryzonie zasiedlające te tereny. Jest to ściśle związane z ograniczonymi przez infrastrukturę miejską interakcjami i mobilnością gryzoni. Przeprowadzona analiza obecności pasożytów jelitowych w miejskich i pozamiejskich populacjach myszarki polnej i myszarki leśnej potwierdziła istotne różnice zarówno w składzie gatunkowym zespołu helmitofauny, jak i w ekstensywności i intensywności zarażenia myszerek w zależności od stopnia antropopresji zasiedlanych przez nie terenów. Ponadto, wykazane zostały różnice tych parametrów u poszczególnych gatunków gryzoni, wskazujące jednoznacznie na większą rolę myszarki polnej w transmisji pasożytów jelitowych w środowisku silnie zurbanizowanym. Może to być związane z lepszą adaptacją myszarki polnej do warunków panujących w mieście, jej większymi zagęszczeniami i dłuższą historią zasiedlania tych terenów.

W badaniach wykazujących zakażenie wybranych gatunków myszerek bakterią *Borrelia* spp. uzyskałam podobne wyniki, prezentujące większy udział myszarki polnej w stosunku do myszarki leśnej w tworzeniu rezerwuaru zoonotycznego tego patogenu na terenie dużej aglomeracji miejskiej. Zostały one wraz z interpretacją przedstawione w publikacji omówionej wcześniej, wchodzącej w skład mojego osiągnięcia naukowego.

Ponadto, po przeprowadzeniu szczegółowej analizy molekularnej pozwalającej na identyfikację gatunków bakterii *Borrelia* przenoszonych przez drobne gryzonie z rodzaju *Apodemus*, wykazałam dodatkowo u badanych osobników obecność *Borrelia miyamotoi* – gatunku bakterii uznawanego za czynnik etiologiczny gorączek powrotnych. Obecnie jestem w trakcie opracowywania tych wyników i przygotowywania ich do publikacji, ponieważ jest to jedno z pierwszych stwierdzeń tego patogenu u gryzoni w środowisku miejskim.

7. Dwuznik D., Gortat T., Behnke J.M., Gryczyńska A., Bednarska M., Mikoszewski A.S., Kozakiewicz M., Bajer A. 2017. Comparison of helminth community of *Apodemus agrarius* and *Apodemus flavicollis* between urban and suburban populations of mice. Parasitol Res. 116: 2995 - 3006. doi: 10.1007/s00436-017-5609-5.

Publikacje obejmujące zagadnienia z genetyki populacji

Struktura genetyczna populacji pustulki (*Falco tinnunculus*) z terenu Polski.

Umiejętność posługiwania się narzędziami i technikami stosowanymi w genetyce umożliwiła mi rozpoczęcie badań z zakresu ekologii molekularnej i nawiązanie współpracy naukowej z zespołem badawczym z Polskiej Akademii Nauk (Muzeum i

Instytut Zoologii, Warszawa). Opublikowaliśmy wspólnie 5 prac prezentujących w szczegółowy sposób genetyczne zależności wśród pustulek zasiedlających tereny miejskie, o różnym stopniu antropopresji, reprezentowane przez Warszawę i Łódź oraz tereny o charakterze zbliżonym do naturalnego. Wybrany gatunek jest obecnie najczęściej spotykanym w Polsce przedstawicielem rzędu sokołowe (Falconiformes), akceptującym bardzo różne biotopy. Badania polegające na analizie polimorfizmu *loci* mikrosatelitarnych pozwoliły opisać występującą w populacji pustulki strukturę genetyczną. W populacjach zasiedlających tereny zlokalizowane w centrach miast zróżnicowanie genetyczne osobników było istotnie niższe niż w przypadku populacji z przedmieść lub z terenów pozamiejskich. Może to świadczyć o silnym efekcie izolacji wynikającym z realizacji przez ptaki wszystkich potrzeb życiowych (poszukiwanie pokarmu, gniazdowanie) w obrębie obszarów zurbanizowanych, a przez to brakiem kontaktów z pustułkami zasiedlającymi tereny poza miastem. Szczególnie interesujące jest stwierdzenie odmienności genetycznej populacji pustulek z Łodzi w stosunku zarówno do ptaków z Warszawy, jak i z terenów pozamiejskich. Wśród pustulek kolonizujących Warszawę i jej przedmieścia stwierdzony został dużo większy przepływ genów, co może świadczyć o różnym źródle pochodzenia ptaków zamieszkujących te dwa środowiska miejskie.

Zastosowanie badań molekularnych pozwoliło nam również na przeprowadzenie analizy struktury płci wśród pustulek zasiedlających tereny o różnym stopniu antropopresji w obrębie Warszawy. Udział samców wśród piskląt w lęgach zlokalizowanych w centrum miasta wynosił 44% i był istotnie niższy niż w lęgach pochodzących z przedmieść i terenów o niższym stopniu urbanizacji, gdzie osiągał wartość 65%. Różnice w proporcji płci wśród potomstwa mogą być spowodowane terminem przystępowania dorosłych osobników do lęgów, stopniem migracyjności populacji, a nawet kondycją samic. Ogólnie dla całej populacji pustulki zasiedlającej Warszawę stwierdzona proporcja płci wśród piskląt była bliska parytetowi (1:1).

8. Rutkowski R., Rejt Ł., Tereba-Kolen A., Gryczyńska-Siemiątkowska A., Janic B. 2010. Population genetic structure of the European Kestrel *Falco tinnunculus* in Central Poland. Eur J Wildlife Res. 56: 297-305.
9. Rutkowski R., Rejt Ł., Gryczyńska-Siemiątkowska A., Jagołkowska P. 2005. Urbanization gradient and genetic variability of birds – example of kestrels in Warsaw. Berkut 14 (1): 130-136.

10. Rejt Ł., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Rutkowski R., Malewska A. 2005. Does egg sex ratio in urban kestrels (*Falco tinnunculus*) differ from parity ? Pol J Ecol. 53 (1): 105-111.
11. Rejt Ł., Rutkowski R., Gryczyńska-Sięmiątkowska A. 2004. Genetic variability of urban kestrels in Warsaw - preliminary data. Zoologica Poloniae 49 (1-4): 199-209.
12. Rejt Ł., Rutkowski R., Gryczyńska-Sięmiątkowska A. 2004. Proporcje płci piskląt pustulek *Falco tinnunculus* w Warszawie. „Fauna miast Europy Środkowej 21 wieku” P. Indykiewicz, T. Barczak (red.), Wyd. LOGO, Bydgoszcz 2004: 483-487.

Struktura genetyczna populacji błotniaka łąkowego (*Circus pygargus*) z terenu Europy.

Doświadczenie zdobyte w badaniach dotyczących struktury genetycznej w populacji pustułka wykorzystałam w kolejnych projektach, w których obiektem badań był gatunek z rzędu szponiaste (Accipitriformes), bardzo nielicznie występujący w Polsce i Europie, objęty ścisłą ochroną gatunkową – błotniak łąkowy. Do badań tego gatunku włączyli się również przedstawiciele towarzystw zajmujących się ochroną ptaków, z kilku państw w Europie. Przy użyciu dostarczonego przez nich materiału (pióra ptaków), przeprowadzona została analiza polimorfizmu *loci* mikrosatelitarnych, oparta na opracowanej i po raz pierwszy zastosowanej przez nasz zespół reakcji multiplex PCR obejmującej 24 sekwencje primerów opublikowanych dla kilku innych gatunków z rodziny jastrzębiowatych (Accipitridae). Badania były prowadzone również z zastosowaniem fragmentu DNA mitochondrialnego. Uzyskane wyniki wskazują na wysoki poziom zróżnicowania genetycznego w populacji błotniaka łąkowego z terenu Europy, wynikający prawdopodobnie z dużej wielkości badanej populacji. Wyodrębniono w niej 3 główne grupy genetyczne: pierwszą z nich tworzą osobniki zasiedlające teren Hiszpanii oraz północno-wschodniej Polski; drugą – osobniki z Czech i południowej Polski; natomiast w trzeciej znalazły się wyłącznie ptaki pochodzące z obszaru Niemiec, gdzie wykazano jednocześnie szczególnie niskie zróżnicowanie genetyczne osobników świadczące o możliwości występowania efektu izolacji w obrębie tej grupy. Badania dotyczące struktury genetycznej gatunków zagrożonych drastycznym spadkiem liczebności są niezwykle ważne przy opracowaniu dla nich optymalnej strategii ochrony czynnej.

13. Rutkowski R., Krupiński D., Kitowski I., Popović D., Gryczyńska A., Molak M., Dulisz B., Poprach K., Müller S., Müller R., Gierach K-D. 2015. Genetic structure and diversity of breeding Montagu's harrier (*Circus pygargus*) in Europe. Eur J Wildlife Res. 61: 691-701. doi: 10.1007/s10344-015-0943-3
14. Rutkowski R., Krupiński D., Kitowski I., Gryczyńska A. 2014. Preliminary analysis of genetic variability in Montagu's harrier (*Circus pygargus*) using cross-amplified microsatellites. Ann Zool. 64 (3): 535-547.

Struktura genetyczna miejskich i pozamiejskich populacji drobnych gryzoni.

Duży udział w moim dorobku naukowym stanowią badania dotyczące sposobu w jaki struktura przestrzenna środowiska i stopień jego przekształcenia może wpływać na strukturę genetyczną zasiedlających je populacji. Tematyka projektów badawczych realizowanych przez nasz zespół obejmowała miejskie i pozamiejskie populacje drobnych gryzoni i była naturalnym nawiązaniem do wcześniej omówionych zagadnień dotyczących ptaków. Analizą objęte zostały 3 gatunki drobnych gryzoni: nornica ruda, myszarka leśna i myszarka polna. Są to gatunki o podobnych preferencjach środowiskowych, ale wykazujące odmienny behavior, warunkujący formowanie się struktury genetycznej w badanych populacjach. Parametry genetyczne populacji opisywane były na podstawie danych uzyskanych w wyniku analizy polimorfizmu *loci* mikrosatelitarnych.

W badaniach prowadzonych w terenie zalesionym wykazano wpływ barier środowiskowych (takich, jak np. zbiorniki wodne lub pofragmentowany charakter środowiska powodujący powstawanie tzw. wysp środowiskowych) oraz dystansu geograficznego analizowanego w obrębie jednorodnego kompleksu leśnego, na poziom zróżnicowania genetycznego w populacjach nornicy rudej i myszarki leśnej. W przypadku obu gatunków stwierdzono występowanie wyraźnej struktury genetycznej. Populacje lokalne zasiedlające wyspy na jeziorze i wyspy środowiskowe charakteryzowały się obniżonym zróżnicowaniem genetycznym, świadczącym o występowaniu tam efektu izolacji. Z kolei w jednorodnym kompleksie leśnym, mimo kilkudziesięciokilometrowego dystansu geograficznego dzielącego skrajnie położone populacje lokalne, zróżnicowanie genetyczne osobników było wysokie i nie stwierdzono tam wyraźnie zarysowanej struktury genetycznej. Wskazuje to możliwość nieograniczonej aktywności przestrzennej osobników, ich swobodne kojarzenie się i niczym nie zaburzony przepływ genów. Myszarka leśna jest gatunkiem bardziej

mobilnym i łatwiej pokonującym bariery środowiskowe niż nornica ruda. W związku z tym efekt wpływu takich barier na parametry genetyczne populacji tego gatunku jest mniej wyraźny niż ma to miejsce w przypadku nornicy rudej. Te różnice wynikające z odmiennego behawioru badanych gatunków można szczególnie dobrze dostrzec w populacjach zasiedlających wyspy na jeziorze. Efekt izolacji powodujący spadek zróżnicowania genetycznego jest w populacjach z tych lokalizacji znacznie bardziej wyraźny u nornicy rudej, ponieważ populacja myszarki leśnej jest stale zasilana osobnikami migrującymi z lądu, pokonującymi barierę wodną.

Kolejnym etapem badań było włączenie do analiz zróżnicowania genetycznego populacji drobnych gryzoni zasiedlających tereny zurbanizowane. Jest to szczególny typ środowiska, w obrębie którego występuje intensywna fragmentacja terenów zielonych wynikająca z infrastruktury miejskiej. Do badań wytypowany został obszar Warszawy i otaczających miasto lokalizacji podmiejskich. W związku z tym, że nornica ruda nie toleruje warunków, jakie stwarza miasto i unika penetrowania terenów o największej antropopresji, badaniami objęto wyłącznie dwa gatunki myszarek – polną (gatunek, którego obecność w całej Warszawie jest rejestrowana już od ponad 100 lat) oraz leśną (gatunek, który dopiero w ostatnich latach kolonizuje tereny miejskie i jest we wczesnej fazie synurbizacji). Ta odmienna historia zasiedlania miasta przez dwa gatunki myszarek pozwoliła na prześledzenie formowania się struktury genetycznej obu gatunków i porównanie zróżnicowania genetycznego w ich populacjach.

W populacji myszarki polnej wykazano zredukowany przepływ genów i niską wartość zróżnicowania genetycznego osobników, będące konsekwencją występowania w centrum Warszawy efektu izolacji w obrębie mozaiki izolowanych geograficznie wysp środowiskowych (parków, ogrodów, cmentarzy itp.), które jako jedyne mogą być potencjalnie zasiedlone przez zwierzęta. Analiza parametrów genetycznych populacji w gradiencie antropopresji ujawniła u tego gatunku obecność wielu odrębnych populacji lokalnych na terenach najsilniej zmodyfikowanych przez proces urbanizacji. Populacje lokalne zasiedlające obszary podmiejskie lub położone w pobliżu "korytarzy ekologicznych" (np. wzdłuż brzegów Wisły) wykazują większe zróżnicowanie genetyczne i są genetycznie bliższe populacjom leśnym zasiedlającym tereny odległe geograficznie niż bliżej położonym populacjom z centrum miasta.

Podobną sytuację zaobserwowano w populacji myszarki leśnej. W strefach miasta o największej antropopresji populacje lokalne są silnie izolowane, przez co obniżeniu ulega zróżnicowanie genetyczne osobników przy jednoczesnym wzroście ich

pokrewieństwa. W strefach podmiejskich, gdzie zwierzęta mogą się swobodniej kontaktować parametry genetyczne populacji wskazują na efektywniejszy przepływ genów, zasilanie populacji przez osobniki z terenów leśnych otaczających miasto, a przez to wzrost zróżnicowania genetycznego populacji tego gatunku.

Porównanie parametrów genetycznych populacji dwóch gatunków drobnych gryzoni wykazało dużo bardziej zaznaczoną strukturę w populacji myszarki polnej, świadczącą o istotnym wpływie dłuższej trwającego efektu izolacji przestrzennej populacji zasiedlających silnie pofragmentowane obszary w centrum Warszawy. Można przypuszczać, że proces kolonizacji terenów zurbanizowanych przez typowo leśne gatunki zwierząt przebiega na kilka sposobów. Mogą to być zarówno zwieńczone sukcesem przypadki penetracji miasta przez małe grupki osobników (efekt założyciela), jak i intensywny wzrost liczebności populacji lokalnych ograniczonych przestrzennie przez rozrastające się tereny zurbanizowane.

15. Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2016. The spatial genetic structure of the yellow-necked mouse in an urban environment – a recent invader vs. a closely related permanent inhabitant. *Urban Ecosyst.* 20: 581-594. doi: 10.1007/s11252-016-0620-7
16. Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2015. Genetic variability in island populations of two rodent species – bank vole (*Myodes glareolus*) and yellow-necked mouse (*Apodemus flavicollis*). *Ann Zool Fenn.* 52: 145-159. <http://www.annzool.net/PDF/anz51-free/Gortat-free.pdf>
17. Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Pieniążek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2015. Anthropopressure gradients and the population genetic structure of *Apodemus agrarius*. *Conserv Genet.* 16: 649-659. doi: 10.1007/s10592-014-0690-0
18. Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2013. Genetic structure in urban and rural populations of *Apodemus agrarius* in Poland. *Mamm Biol.* 78: 171-177. <http://dx.doi.org/10.1016/j.mambio.2012.07.155>.
19. Gortat T., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Rutkowski R., Kozakiewicz A., Mikoszewski A., Kozakiewicz M. 2010. Landscape pattern and genetic structure of a yellow-necked mouse *Apodemus flavicollis* population in north-eastern Poland. *Acta Theriol.* 55 (2): 109-121.
20. Kozakiewicz M., Gortat T., Panagiotopoulou H., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Rutkowski R., Kozakiewicz A., Abramowicz K. 2009. The spatial genetic structure of bank vole (*Myodes glareolus*) and yellow-necked mouse (*Apodemus flavicollis*) populations: The effect of distance and habitat barriers. *Animal Biol.* 59 (2): 169-187. doi: 10.1163/157075609X437691

Obecność miotów wieloojcowskich jako potwierdzenie występowania u drobnych gryzoni strategii rozrodczej opartej na promiskuityzmie.

Dodatkowym wątkiem w obrębie moich zainteresowań naukowych są również zagadnienia dotyczące występowania wieloojcostwa w populacjach dziko żyjących zwierząt kręgowych. Obiektem moich najwcześniejszych badań obejmujących tę tematykę była myszarka leśna, gatunek, u którego dotychczas prowadzone badania ekologiczne i behawioralne nie pozwalały jednoznacznie określić realizowanej strategii rozrodczej. Zastosowanie techniki biologii molekularnej, jaką jest analiza polimorfizmu *loci* mikrosatelitarnych, okazało się bardzo skutecznym sposobem stwierdzenia u tego gatunku miotów, w których potomstwo pochodziło od więcej niż jednego samca. Dowodem na to jest wykrycie co najmniej trzech różnych alleli ojcowskich w jednym *locus* wśród osobników należących do jednego miotu. W przeprowadzonych badaniach taka sytuacja miała miejsce w przypadku 30% analizowanych miotów. W miotach o udowodnionym wieloojcostwie, większość młodych (ok. 80%) była potomstwem jednego samca, natomiast pozostałe osobniki pochodziły od innych ojców. Wyniki przeprowadzonych badań nie tylko potwierdziły występowanie wieloojcostwa w dziko żyjącej populacji myszarki leśnej, ale też pozwoliły uznać promiskuityzm za jedną z alternatywnych strategii rozrodczych tego gatunku.

Obiektem moich kolejnych badań dotyczących wieloojcostwa był błotniak łąkowy, w którego dziko żyjącej populacji została potwierdzona obecność wieloojcowskich lęgów na poziomie 25%. Jest to jedno z pierwszych stwierdzeń występowania takiej strategii rozrodczej u ptaków z rzędu szponiastych. Wyniki przeprowadzonych badań są przedstawione w pracy magisterskiej, której byłam opiekunką i obecnie są przygotowywane do publikacji.

- 21.** Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Gortat T., Kozakiewicz A., Rutkowski R., Pomorski J., Kozakiewicz M. 2008. Multiple paternity in a wild population of the yellow-necked mouse *Apodemus flavicollis*. Acta Theriol. 53 (3): 251-258.

Publikacje o tematyce medycznej

Wpływ układu dopaminergicznego na rozwijanie reakcji o charakterze pro- i przeciwłękowym.

W moim dorobku naukowym znajdują się również dwie publikacje będące efektem współpracy z grupą farmakologów z Instytutu Psychiatrii i Neurologii oraz Katedry i Zakładu Farmakologii Doświadczalnej i Klinicznej Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego. Celem przeprowadzonych badań było zweryfikowanie hipotezy o szczególnym wpływie układu dopaminergicznego na występowanie reakcji emocjonalnych, głównie o charakterze lękowym. Badania prowadzono w układzie eksperymentalnym, podając szczurom substancje wpływające agonistycznie i antagonistycznie na aktywność szlaków dopaminergicznych w strukturach mózgu odpowiedzialnych za rozwijanie reakcji emocjonalnych. Poziom reakcji lękowych u zwierząt mierzono wykorzystując testy behawioralne (test otwartego pola oraz test ultradźwiękowej wokalizacji USV). W wyniku przeprowadzonych badań wykazano, że reakcje emocjonalne są mediowane przez różną aktywność układu dopaminergicznego w specyficznych strukturach mózgu. Potwierdzono znaczenie szczególnej roli w tym procesie jądra półleżącego przegrody – struktury stanowiącej element układu nagrody.

22. Siemiątkowski M., Maciejak P., Wisłowska A., Zienowicz M., Sienkiewicz-Jarosz H., Szyndler J., Członkowska A.I., Bidziński A., Gryczyńska A., Płażnik A. 2004. Neophobia and cortical and subcortical binding of the dopamine D₂ receptor antagonist [³H]-raclopride. Life Sci. 76 (7): 753-61. doi.org/10.1016/j.lfs.2004.06.026
23. Siemiątkowski M., Maciejak P., Sienkiewicz-Jarosz H., Członkowska A. I., Szyndler J., Gryczyńska A., Płażnik A. 2001. The opposite effects of olanzapine and haloperidol in rat ultrasonic vocalization test. Pol J Pharmacol. 53: 669-673. http://www.if-pan.krakow.pl/pjp/pdf/2001/6_669.pdf