PAŃSTWOWY INSTYTUT WETERYNARYJNY
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY

MATERIAŁY KONFRENCYJNE
X MIĘDZYNARODOWEJKONFERENCJI NAUKOWEJ

PARASITES AT THE WILDLIFE - DOMESTIC INTERFACE: CHALLENGES FOR PUBLIC HEALTH

7— 8.10.2026, Puławy

MATERIAŁY KONFRENCYJNE

X MIĘDZYNARODOWEJ KONFERENCJI NAUKOWEJ

PARASITES AT THE WILDLIFE - DOMESTIC INTERFACE: CHALLENGES FOR PUBLIC HEALTH

7— 8.10.2026, Puławy

Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy

Al. Partyzantów 57

24 -100 Puławy

Dyrektor: prof. dr hab. Mirosław Polak

Praca zbiorowa pod redakcją dr hab. Ewy Bilskiej – Zając

Szanowni Państwo,

W imieniu Dyrekcji Państwowego Instytutu Weterynaryjnego – Państwowego Instytutu Badawczego, Komitetu Organizacyjnego oraz własnym, mam ogromną przyjemność powitać Państwa na X Międzynarodowej Konferencji Parazytologicznej „Parasites at the Wildlife and Domestic Interface – Challenges for Public Health". Tegoroczne wydarzenie jest już dziesiątą edycją konferencji parazytologicznej organizowanej przez Krajowe Laboratorium Referencyjne ds. włośnicy. Jubileusz ten jest dla nas szczególną okazją nie tylko do kontynuowania wieloletniej tradycji tych spotkań, ale również do rozwinięcia ich formuły i zakresu tematycznego.

Do udziału w konferencji zaprosiliśmy wiodących przedstawicieli świata nauki z Polski i zagranicy, reprezentujących różne dziedziny i specjalności. Wprowadzając do programu nowe obszary tematyczne, pragniemy jednocześnie otwierać się na różne środowiska zawodowe i tworzyć miejsce, w którym nauka spotyka się z praktyką, a wiedza i doświadczenie stają się podstawą dialogu i współpracy. Szczególnie cieszy nas obecność tak różnorodnego grona uczestników – naukowców, lekarzy weterynarii, diagnostów, przedstawicieli Inspekcji Weterynaryjnej i Państwowej Inspekcji Sanitarnej, a także przedstawicieli środowiska łowieckiego. Jubileuszowa edycja konferencji jest również okazją do podziękowania wszystkim osobom, które towarzyszą nam od wielu lat i aktywnie uczestniczą w naszych spotkaniach. Dziękujemy za Państwa obecność, zaangażowanie i zaufanie, dzięki którym możemy rozwijać tę inicjatywę i wspólnie budować jej kolejne odsłony.

Tegoroczna edycja konferencji otrzymała ***dofinansowanie ze środków budżetu państwa, przyznane przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach Programu „Wektory Nauki".*** *Wsparcie to stanowi istotny wkład w organizację wydarzenia oraz realizację jego celów naukowych i edukacyjnych.*

Jest nam niezwykle miło, że znaczenie tego wydarzenia zostało dostrzeżone przez liczne instytucje. ***X Międzynarodowa Konferencja Parazytologiczna została objęta Honorowym Patronatem Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Głównego Lekarza Weterynarii, Krajowej Izby Lekarsko-Weterynaryjnej, Lubelskiej Izby Lekarsko-Weterynaryjnej, Polskiego Związku Łowieckiego, Krajowego Ośrodka Wsparcia Rolnictwa, Prezydenta Miasta Puławy oraz Marszałka Województwa Lubelskiego.*** *Dziękujemy za okazane zaufanie.*

*Wyrazy wdzięczności kierujemy do Sponsorów naszej konferencji, którymi są****: Biopoint, Biowet Puławy, BTL, Centrum Pepsyny, Ceva Animal Health, Genomed, In2Lab, Promega, Qiagen, Szulc Optic, Vet-Agro, Zoetis, Polski Związek Łowiecki – Zarząd Główny oraz Zarząd Okręgowy w Lublinie****. Państwa zaangażowanie i wsparcie pozwalają nam tworzyć warunki sprzyjające budowaniu relacji pomiędzy przedstawicielami nauki i praktyki. Szczególne podziękowania kierujemy do* ***Polskiego Związku Łowieckiego – Zarządu Głównego oraz Zarządu Okręgowego w Lublinie*** *– za zaangażowanie, wsparcie organizacyjne oraz liczną obecność przedstawicieli środowiska łowieckiego podczas tegorocznej konferencji.*

Mamy nadzieję, że program tej konferencji będzie źródłem wartościowej wiedzy, inspiracją do spojrzenia na znane problemy z nowych perspektyw, wymiany doświadczeń i podejmowania nowych inicjatyw badawczych. Życzymy Państwu owocnych obrad, inspirujących rozmów, wielu nowych kontaktów naukowych i zawodowych oraz miłego pobytu w Puławach.

Dr hab. Ewa Bilska-Zając

Dear Participants,

On behalf of the National Veterinary Research Institute, the Organizing Committee and myself, it is my great pleasure to welcome you to the 10th International Conference on Parasitology, "Parasites at the Wildlife and Domestic Interface – Challenges for Public Health". This year's event marks the tenth edition of the parasitology conference organised by the National Reference Laboratory for Trichinellosis. This anniversary provides us with a special opportunity not only to continue the long-standing tradition of these meetings, but also to broaden their scope and introduce new areas of interest.

We have invited distinguished scientists from Poland and abroad, representing a wide range of disciplines and areas of expertise. By introducing new topics to the programme, we also aim to open the conference to a broader range of professional communities and to create a forum where science meets practice, and where knowledge and experience provide a foundation for dialogue and collaboration.We are particularly pleased to welcome such a diverse group of participants, including scientists, veterinarians, diagnosticians and laboratory professionals, representatives of the Veterinary Inspection and the Sanitary Inspection, as well as members of the hunting community.This anniversary edition of the conference also provides an excellent opportunity to express our gratitude to all those who have been with us for many years and have actively participated in our meetings. We sincerely thank you for your continued presence, commitment and trust, which enable us to further develop this initiative and shape its future editions together.

This year's conference has also received ***funding from the state budget, awarded by the Minister of Science and Higher Education under the "Vectors of Science" Programme****. This support makes an important contribution to the organisation of the event and to the achievement of its scientific and educational objectives.*

We are delighted that the importance of our event has been recognised by numerous institutions. ***The 10th International Conference on Parasitology has been granted Honorary Patronage by the Ministry of Agriculture and Rural Development, the Chief Veterinary Officer, the National Veterinary Chamber, the Lublin Regional Veterinary Chamber, the Polish Hunting Association, the National Support Centre for Agriculture, the Mayor of Puławy, and the Marshal of the Lubelskie Voivodeship.***

We would also like to express our sincere gratitude to the Sponsors of the conference: ***Biopoint, Biowet Puławy, BTL, Centrum Pepsyny, Ceva Animal Health, Genomed, In2Lab, Promega, Qiagen, Szulc Optic, Vet-Agro, Zoetis and Polish Hunting Association – its National Board and the Regional Board in Lublin****. Their commitment and support help us create an environment that fosters meetings, discussion, and the development of relationships between the scientific and professional communities.We extend our special thanks to the* ***Polish Hunting Association – its National Board and the Regional Board in Lublin*** *– for their commitment, organisational support, and the strong representation of the hunting community at this year's conference.*

We hope that the conference programme will meet your expectations, will encourage fruitful discussion, the exchange of experience, and the development of new research initiatives and collaborations.We wish you fruitful sessions, inspiring discussions, and an enjoyable stay in Puławy.

Dr. Ewa Bilska-Zając

Projekt finansowany ze środków budżetu państwa,

przyznanych przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego

w ramach Programu Wektory Nauki.

Kwota dofinansowania: 218 526,00 zł,

całkowita wartość projektu: 273 526,00 zł.

This project is funded by the state budget under

the Science Vectors Program,

as awarded by the Minister of Science and Higher Education.

The amount of funding is PLN 218,526.00,

and the total value of the project

is PLN 273,526.00.

PATRONAT HONOROWY

Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju wsi	Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi Patronat honorowy Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi Stefana Krajewskiego
Główny Inspektorat Weterynarii	GŁÓWNY INSPEKTORAT WETERYNARII
Polski Związek Łowiecki	PZŁ
Polski Związek Łowiecki Zarząd Okręgowy w Lublinie	Polski Związek Łowiecki Zarząd Okręgowy w Lublinie
Krajowa Izba Lekarsko - Weterynaryjna	KRAJOWA IZBA LEKARSKO - WETERYNARYJNA
Lubelska Izba Lekarsko - Weterynaryjna	LUBELSKA IZBA LEKARSKO-WETERYNARYJNA
Krajowy Ośrodek Wsparcia Rolnictwa	Krajowy Ośrodek Wsparcia Rolnictwa
Prezydent Miasta Puławy	HONOROWY PATRONAT Prezydenta Miasta Puławy Pawła Maja
Marszałek Województwa Lubelskiego	Patronat Honorowy Marszałka Województwa Lubelskiego *Jarosława Stawiarskiego*

HONORARY PATRONAGE

Ministry of Argiculture and Rural Development Republic of Poland	Ministry of Agriculture and Rural Development Republic of Poland
General Veterinary Inspectorate	GŁÓWNY INSPEKTORAT WETERYNARII
Polish Hunting Association	PZŁ
Lublin Regional Board of the Polish Hunting Association	Polski Związek Łowiecki Zarząd Okręgowy w Lublinie
Polish National Veterinary Chamber	KRAJOWA IZBA LEKARSKO - WETERYNARYJNA
Lublin Regional Veterinary Chamber	LUBELSKA IZBA LEKARSKO-WETERYNARYJNA
National Support Centre for Agriculture	KOWR National Support Centre for Agriculture
Marshal of the Lublin Voivodeship	Patronat Honorowy Marszałka Województwa Lubelskiego *Jarosława Stawiarskiego*
Mayor of Puławy	HONOROWY PATRONAT Prezydenta Miasta Puławy Pawła Maja

SPONSORZY / SPONSORS

BioPoint	
Biowet Puławy sp. z o.o.	
BTL Polska sp. z o.o.	
Centrum Pepsyny Monika Kubik	
Ceva Animal Health Polska Sp. z o.o.	
Genomed	
In2Lab sp. z o.o	

Promega GmbH	
Polski Związek Łowiecki	
Polski Związek Łowiecki Zarząd Okręgowy w Lublinie	
Qiagen Polska sp. z o.o.	
Szulc-Optic Trychinoskopy	
VET-AGRO sp. z o.o.	
ZOETIS Polska sp. z o.o.	

PAŃSTWOWY INSTYTUT WETERYNARYJNY
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY

„Parasites at the Wildlife and Domestic Interface – Challenges for Public Health”

Program Konferencji, 7-8 października 2026

7 października 2026

9:00–10:00 Ceremonia otwarcia (Organizatorzy i Patroni Honorowi)

10:00–11:10 Sesja I

Przewodniczący sesji: dr hab. Ewa Bilska-Zając, prof. dr hab. Tomasz Cencek

- **10:00-10:30 dr Adriano Casulli**
  Międzynarodowe zagrożenie dla zdrowia publicznego związane z Echinococcus spp. na styku środowiska dzikich zwierząt, zwierząt domowych i ludzi
- **10:30-10:50 dr Gerald Umhang**
  Echinokokoza w Europie wobec nowych zagrożeń i wyzwań związanych z kontrolą
- **10:50-11:10 dr Selene Rubiola**
  Pasożyty tworzące cysty u zwierząt gospodarskich i dziczyzny: zagrożenia zoonotyczne i pojawiające się wyzwania

11:10–12:00 Przerwa kawowa

12:00-13:20 Sesja II

Przewodniczący sesji: mgr inż. Aneta Bełcik, dr Gianluca Marucci

- **12:00-12:20 dr Davor Balić**
  Włośnica w Chorwacji: lekcje z przeszłości i wyzwania współczesności
- **12:20-12:40 dr Jakub Kubacki**
  Zwierzęta mięsożerne – strategiczny rezerwuar i wektor włośnicy w Polsce
- **12:40-13:00 dr hab. Ewa Bilska-Zając**
  Trichinella spiralis w Europie – zmienność genetyczna odkrywana z użyciem Trich-tracker
- **13:00-13:20 dr Christine Müller-Graf**
  Wprowadzenie do oceny ryzyka na przykładach z zakresu parazytologii

13:20–14:30 Lunch (sesja posterowa)

14:30–15:30 Sesja III

Przewodniczący sesji: dr Weronika Korpysa-Dzirba, dr Gerald Umhang

- **14:30-14:50 dr Martin Richter**
  Wpływ zmian klimatu na patogeny przenoszone przez żywność, czyli szacowanie szacunków
- **14:50-15:10 prof. dr hab. Dariusz J. Gwiazdowicz**
  Szopy pracze – rosnąca populacja i związane z nią zagrożenia
- **15:10-15:30 prof. dr hab. Paweł Janiszewski**
  Dynamika populacji dzikich zwierząt w zmieniającym się świecie: wpływ człowieka, konsekwencje ekologiczne i nowe zagrożenia zdrowotne

15:30–16:20 Przerwa kawowa

16:20–17:00 Sesja IV

Sesja krótkich prezentacji – ***Nauki weterynaryjne w rozkwicie (prezentacja 5 min)***
Przewodniczący sesji: mgr inż. Aneta Bełcik, dr Selene Rubiola

- **16:20–16:25 dr Julia Dąbrowska**
  Skoordynowana przebudowa ultrastrukturalna mikrośrodowiska wątroby podczas migracji larw Trichinella spiralis u myszy szczepu BALB/c
- **16:25–16:30 dr Ewelina Barbara Czyżewska-Dors**
  Występowanie przeciwciał przeciwko Toxoplasma gondii, Neospora caninum i Sarcoptes scabiei u dzików w Polsce
- **16:30–16:35 dr n. med. i n. o zdr. Edyta B. Hendiger-Rizo**
  Ameby wolnożyjące jako „konie trojańskie” patogenów – ogniwo na styku środowisko–zwierzę
- **16:35–16:40 mgr Justyna Lewtak**
  Transfer substancji perfluoroalkilowych z zanieczyszczonej wody do mięsa kurczaka podczas gotowania
- **16:40–16:45 dr Joanna Sajewicz-Krukowska**
  Malaria ptaków w ognisku HPAIV H5N1 u pingwinów przylądkowych: diagnostyka różnicowa przyczyn śmierci
- **16:45–16:50 prof. dr hab. Kinga Wieczorek**
  Czy sprzedaż środków przeciwdrobnoustrojowych w Polsce wpływa na oporność Campylobacter jejuni? Analiza danych z lat 2014-2023
- **16:50–16:55 dr inż. n. biol. Magdalena Chmielewska-Jeznach**
  Ameby wolnożyjące jako patogeny zwierząt – niedoceniany problem w medycynie weterynaryjnej

19:00 Uroczysta kolacja - Hotel Trzy Korony

PIWet
WEKTORY NAUKI
Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego

PAŃSTWOWY INSTYTUT WETERYNARYJNY
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY

„Parasites at the Wildlife and Domestic Interface – Challenges for Public Health”

Program Konferencji, 7-8 października 2026

8 października 2026

10:00–11:15 Sesja V

Przewodniczący sesji: dr Adriano Casulli, prof. dr hab. Jacek Karamon

- **10:00-10:25 prof. dr hab. n. med. Anna Moniuszko-Malinowska**
  Choroby odkleszczowe w praktyce klinicznej – diagnostyka i leczenie
- **10:25-10:40 dr Emily Sel**
  Pierwotniaki przenoszone przez kleszcze u dzikich ssaków w Polsce: występowanie, charakterystyka molekularna i znaczenie w kontekście koncepcji One Health
- **10:40-11:00 prof. dr hab. n. farm. Anna Bogucka-Kocka**
  Dirofilarioza u ludzi – narastający problem i wyzwanie w diagnostyce medycznej
- **11:00-11:15 dr Alqeer Ali**
  Epidemiologia molekularna i charakterystyka genetyczna Dirofilaria immitis i D. repens u różnych żywicieli i w różnych regionach geograficznych

11:15–12:00 Przerwa kawowa

12:00–13:20 Sesja VI

Przewodniczący sesji: prof. dr hab. n. farm. Anna Bogucka-Kocka, dr Martin Richter

- **12:00-12:20 dr Marta Demkowska-Kutrzepa**
  Pasożyty psów i kotów w Polsce – aspekty zoonotyczne w perspektywie klinicznej i środowiskowej
- **12:20-12:40 dr Petras Prakas**
  Pasożyty odzwierzęce przenoszone drogą pokarmową u zwierząt łownych na Litwie: wyniki badań i znaczenie dla zdrowia publicznego
- **12:40-13:00 dr hab. Jacek Sroka, prof. instytutu**
  Toksoplazmoza – rezerwuary, drogi transmisji na ludzi oraz najnowsze dane epidemiologiczne i molekularne
- **13:00-13:20 dr Gianluca Marucci**
  Pasożyty pasożyta: wpływ Giardiavirus na Giardia duodenalis

13:20–14:40 Lunch (sesja posterowa)

14:40-15:40 Sesja VII

Przewodniczący sesji: dr Marta Demkowska-Kutrzepa, dr hab. Jacek Sroka, prof. instytutu

- **14:40-15:00 dr Vasco Menconi**
  Zagrożenia pasożytnicze związane ze spożyciem ryb słodkowodnych
- **15:00-15:20 dr Katarzyna Nadolna - Ałtyn**
  Od morza na talerz - niewidzialni pasażerowie - Anisakidae
- **15:20-15:40 prof. dr hab. Tomasz Cencek**
  Między środowiskiem a zdrowiem – zoonotyczne helminty w glebach

15:50 Ceremonia zamknięcia

Patroni wydarzenia:

Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi
Patronat honorowy Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi Stefana Krajewskiego

Patronat Honorowy Marszałka Województwa Lubelskiego Jarosława Stawiarskiego

Krajowy Ośrodek Wsparcia Rolnictwa

HONOROWY PATRONAT Prezydenta Miasta Puławy Pawła Maja

NATIONAL VETERINARY RESEARCH INSTITUTE

„Parasites at the Wildlife and Domestic Interface – Challenges for Public Health”

Agenda, October 7-8, 2026

October 7, 2026

9:00–10:00
Opening Ceremony (Organizers and Honorary Patrons)

10:00–11:10 Session I
Session Chairs: Dr. Ewa Bilska-Zając; Prof. Tomasz Cencek

- **10:00–10:30 – Dr. Adriano Casulli**
  The international public health concern on Echinococcus spp. at the wildlife–domestic–animal–human Interface
- **10:30–10:50 – Dr. Gerald Umhang**
  Echinococcus in Europe facing emerging risks and new control challenges
- **10:50–11:10 – Dr. Selene Rubiola**
  Cyst-forming parasites in livestock and game meat: zoonotic risks and emerging challenges

11:10–12:00 Coffee Break

12:00–13:20 Session II
Session Chairs: Aneta Bełcik, MSc; Dr. Gianluca Marucci

- **12:00–12:20 – Dr. Davor Balić**
  Trichinellosis in Croatia: lessons from the past and challenges of the present
- **12:20–12:40– Dr. Jakub Kubacki**
  Carnivorous animals – a strategic reservoir and vector of trichinellosis in Poland
- **12:40–13:00 – Dr. Ewa Bilska-Zając**
  Trichinella spiralis in Europe – genetic diversity revealed using Trich-tracker
- **13:00–13:20 – Dr. Christine Müller-Graf**
  Introduction to risk assessment with examples from parasitology

13:20–14:30 Lunch (Poster Session)

14:30–15:30 Session III
Session Chairs: Dr. Weronika Korpysa-Dzirba; Dr. Gerald Umhang

- **14:30–14:50 – Dr. Martin Richter**
  Impact of climate change on (foodborne) pathogens or estimating the estimate
- **14:50–15:10 – Prof. Dariusz J. Gwiazdowicz**
  Raccoons – a growing population and associated threats
- **15:10–15:30 – Prof. Paweł Janiszewski**
  Wildlife population dynamics in a changing world: human impact, ecological consequences, and new health risks

15:30–16:20 Coffee Break

16:20–17:00 Session IV - Short Presentations Session – Veterinary Sciences on the Rise (5-min. presentation)
Session Chairs: Aneta Bełcik, MSc; Dr. Selene Rubiola

- **16:20–16:25 – Dr. Julia Dąbrowska**
  Coordinated ultrastructural remodeling of the hepatic microenvironment during the migration of Trichinella spiralis larvae in BALB/c mice
- **16:25–16:30 –Dr. Ewelina Barbara Czyżewska-Dors**
  Occurrence of antibodies against Toxoplasma gondii, Neospora caninum, and Sarcoptes scabiei in wild boars in Poland
- **16:30–16:35 – Dr. Edyta B. Hendiger-Rizo**
  Free-living amoebae as “trojan horses” of pathogens – a link at the environment–animal interface
- **16:35–16:40 – Justyna Lewtak, MSc**
  Transfer of perfluoroalkyl substances from contaminated water to chicken meat during cooking
- **16:40–16:45 – Dr. Joanna Sajewicz-Krukowska**
  Avian Malaria during an HPAIV H5N1 outbreak in african penguins: differential diagnosis of the causes of death
- **16:45–16:50 – Prof. Kinga Wieczorek**
  Does the sale of antimicrobials in Poland influence the antimicrobial resistance of Campylobacter jejuni? Analysis of data from 2014-2023
- **16:50–16:55 –Dr. Magdalena Chmielewska-Jeznach**
  Free-living amoebae as animal pathogens – an underestimated problem in veterinary medicine

19:00 Gala Dinner – Hotel Trzy Korony

PIWet

WEKTORY NAUKI

Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego

NATIONAL VETERINARY RESEARCH INSTITUTE

„Parasites at the Wildlife and Domestic Interface – Challenges for Public Health”

Agenda, October 7-8, 2026

October 8, 2026

10:00–11:15 Session V
Session Chairs: Dr. Adriano Casulli; Prof. Jacek Karamon

- **10:00–10:25 – Prof. Anna Moniuszko-Malinowska**
  Tick-borne diseases in clinical practice – diagnosis and treatment
- **10:25–10:40 – Dr. Emily Sel**
  Tick-borne protozoa in wild mammals in Poland: occurrence, molecular characterization, and One Health relevance
- **10:40–11:00 – Prof. Anna Bogucka-Kocka**
  Human Dirofilariasis – a growing problem and a challenge in medical diagnostics
- **11:00–11:15 – Dr. Alqeer Ali**
  Molecular eidemiology and genetic characterization of Dirofilaria immitis and D. repens across diverse hosts and geographic regions

11:15–12:00 Coffee Break

12:00–13:20 Session VI
Session Chairs: Prof. Anna Bogucka-Kocka; Dr. Martin Richter

- **12:00–12:20 – Dr. Marta Demkowska-Kutrzepa**
  Parasites of dogs and cats in Poland – zoonotic aspects from a clinical and environmental perspectives
- **12:20–12:40 – Dr. Petras Prakas**
  Foodborne zoonotic parasites in game animals in Lithuania: research findings and public health implications
- **12:40–13:00– Dr. Jacek Sroka**
  Toxoplasmosis – reservoirs, routes of transmission to humans, and the latest epidemiological and molecular data
- **13:00–13:20– Dr. Gianluca Marucci**
  Parasites of a parasite: Giardiavirus impact on Giardia duodenalis

13:20–14:40 Lunch (Poster Session)

14:40–15:40 Session VII
Session Chairs: Dr. Marta Demkowska-Kutrzepa; Dr. Jacek Sroka

- **14:40–15:00 –Dr. Vasco Menconi**
  Zoonotic parasitic threats from freshwater fish consumption
- **15:00–15:20 – Dr. Katarzyna Nadolna-Altyn**
  From sea to the plate: invisible passengers – Anisakidae
- **15:20–15:40 – Prof. Tomasz Cencek**
  between environment and health – zoonotic helminths in soils

15:50 Closing Ceremony

Conference Patrons

Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi
Patronat honorowy Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi Stefana Krajewskiego

HONOROWY PATRONAT
Prezydenta Miasta Puławy
Pawła Maja

Patronat Honorowy
Marszałka Województwa Lubelskiego
Jarosława Stawiarskiego

Krajowy Ośrodek Wsparcia Rolnictwa

Spis treści

ORGANIZATOR 27

PRELEGENCI 35

ABSTRAKTY 56

SESJA I 57

Międzynarodowe zagrożenie dla zdrowia publicznego związane z *Echinococcus* spp. na styku środowiska dzikich zwierząt, zwierząt domowych i ludzi

Adriano Casulli 58

International public health concern on *Echinococcus* spp. at the wildlife–domestic animal–human interface

Adriano Casulli 59

Echinokokoza w Europie wobec nowych zagrożeń i wyzwań związanych z kontrolą

Gérald Umhang 60

***Echinococcus* in Europe facing emerging risks and new control challenges**

Gérald Umhang 61

Pasożyty tworzące cysty u zwierząt gospodarskich i dziczyzny: zagrożenia zoonotyczne i pojawiające się wyzwania

Selene Rubiola, Edoardo Buffa, Francesco Chiesa 62

Cyst-forming parasites in livestock and game meat: zoonotic risks and emerging challenges

Selene Rubiola, Edoardo Buffa, Francesco Chiesa 63

SESJA II 64

Włośnica w Chorwacji: lekcje z przeszłości i wyzwania współczesności

Davor Balić, Ivan Mlinarić, Sanja Kurečić Filipović, Iva Pem Novosel, Lucija Stupar 65

Trichinellosis in Croatia: lessons from the past and challenges of the present

Davor Balić, Ivan Mlinarić, Sanja Kurečić Filipović, Iva Pem Novosel, Lucija Stupar 66

Zwierzęta mięsożerne – strategiczny rezerwuar i wektor włośnicy w Polsce

Jakub Kubacki, Aneta Bełcik, Weronika Korpysa-Dzirba, Ewelina Antolak, Aneta Gontarczyk, Martyna Chojecka, Ewa Bilska-Zając 67

Carnivorous animals - a strategic reservoir and vector of trichinellosis in Poland

Jakub Kubacki, Aneta Bełcik, Weronika Korpysa-Dzirba, Ewelina Antolak, Aneta Gontarczyk, Martyna Chojecka, Ewa Bilska-Zając 68

***Trichinella spiralis* w Europie – zmienność genetyczna odkrywana z użyciem Trich-tracker**

Ewa Bilska-Zając, Annette Johne, Davor Balic, Laurentiu Mihai Ciupescu, Weronika Korpysa-Dzirba, Aneta Bełcik, Tomasz Cencek 69

***Trichinella spiralis* in Europe - genetic diversity revealed using Trich-tracker**

Ewa Bilska-Zając, Annette Johne, Davor Balic, Laurentiu Mihai Ciupescu, Weronika Korpysa-Dzirba, Aneta Bełcik, Tomasz Cencek 70

Wprowadzenie do oceny ryzyka na przykładach z zakresu parazytologii

Christine Müller-Graf, Maira Mateusa 71

Introduction to risk assessment with examples from parasitology

Christine Müller-Graf, Maira Mateusa 72

SESJA III 73

Wpływ zmian klimatu na patogeny przenoszone przez żywność, czyli szacowanie szacunków

Martin H. Richter, Mirjam S. Schoch 74

Impact of climate change on (foodborne) pathogens or estimating the estimate

Martin H. Richter, Mirjam S. Schoch 75

Szopy pracze – rosnąca populacja i związane z nią zagrożenia

Dariusz J. Gwiazdowicz 76

Raccoons – a growing population and associated threats

Dariusz J. Gwiazdowicz 77

Dynamika populacji dzikich zwierząt w zmieniającym się świecie: wpływ człowieka, konsekwencje ekologiczne i nowe zagrożenia zdrowotne

Paweł Janiszewski 78

Wildlife population dynamics in a changing world: human impact, ecological consequences, and new health risks

Paweł Janiszewski 79

SESJA IV SESJA KRÓTKICH PREZENTACJI *"NAUKI WETERYNARYJNE W ROZKWICIE"*
Short presentations – Veterinary Science on the Rise 80

Skoordynowana przebudowa ultrastrukturalna mikrośrodowiska wątroby podczas migracji larw *Trichinella spiralis* u myszy szczepu BALB/c

Julia Dąbrowska, Monika Dybicz, Natalia Dąbrowska, Hanna Wiśniewska, Maria Doligalska 81

Coordinated ultrastructural remodeling of the hepatic microenvironment during the migration of *Trichinella spiralis* larvae in BALB/c mice

Julia Dąbrowska, Monika Dybicz, Natalia Dąbrowska, Hanna Wiśniewska, Maria Doligalska 82

Występowanie przeciwciał przeciwko *Toxoplasma gondii, Neospora caninum* i *Sarcoptes scabiei* u dzików w Polsce

Ewelina Barbara Czyżewska-Dors, Ewa Piekutowska-Nóżka, Katarzyna Podgórska 83

Occurrence of antibodies against *Toxoplasma gondii, Neospora caninum*, and *Sarcoptes scabiei* in wild boars in Poland 84

Ewelina Barbara Czyżewska-Dors, Ewa Piekutowska-Nóżka, Katarzyna Podgórska 84

Ameby wolnożyjące jako „konie trojańskie" patogenów – ogniwo na styku środowisko–zwierzę

Edyta B. Hendiger-Rizo, Magdalena Chmielewska-Jeznach, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik 85

Free-living amoebae as "trojan horses" of pathogens – a link at the environment–animal interface

Edyta B. Hendiger-Rizo, Magdalena Chmielewska-Jeznach, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik 86

Transfer substancji perfluoroalkilowych z zanieczyszczonej wody do mięsa kurczaka podczas gotowania

Justyna Lewtak, Szczepan Mikołajczyk 87

Transfer of perfluoroalkyl substances from contaminated water to chicken meat during cooking

Justyna Lewtak, Szczepan Mikołajczyk 88

Malaria ptaków w ognisku HPAIV H5N1 u pingwinów przylądkowych: diagnostyka różnicowa przyczyn śmierci

Joanna Sajewicz-Krukowska, Anna Kycko, Kamila Dziadek, Natalia Styś-Fijoł, Krzysztof Wyrostek, Jolanta Skóra, Karolina Tarasiuk, Karolina Piekarska, Izabela Piórkowska, Krzysztof Śmietanka, Katarzyna Domańska-Blicharz 89

Avian malaria during an HPAIV H5N1 outbreak in african penguins: differential diagnosis of the causes of death

Joanna Sajewicz-Krukowska, Anna Kycko, Kamila Dziadek, Natalia Styś-Fijoł, Krzysztof Wyrostek, Jolanta Skóra, Karolina Tarasiuk, Karolina Piekarska, Izabela Piórkowska, Krzysztof Śmietanka, Katarzyna Domańska-Blicharz 90

Czy sprzedaż środków przeciwdrobnoustrojowych w Polsce wpływa na oporność *Campylobacter jejuni*? Analiza danych z lat 2014-2023

Kinga Wieczorek, Beata Lachtara, Jacek Osek 91

Does the sale of antimicrobials in Poland influence the antimicrobial resistance of *Campylobacter jejuni*? Analysis of data from 2014-2023

Kinga Wieczorek, Beata Lachtra, Jacek Osek 92

Ameby wolnożyjące jako patogeny zwierząt – niedoceniany problem w medycynie weterynaryjnej

Magdalena Chmielewska-Jeznach, Edyta B. Hendiger-Rizo, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik 93

Free-living amoebae as animal pathogens – an underestimated problem in veterinary medicine

Magdalena Chmielewska-Jeznach, Edyta B. Hendiger-Rizo, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik 94

SESJA V 95

Choroby odkleszczowe w praktyce klinicznej – diagnostyka i leczenie

Anna Moniuszko-Malinowska, Joanna Oklińska 96

Tick-borne diseases in clinical practice – diagnosis and treatment

Anna Moniuszko-Malinowska, Joanna Oklińska 97

Pierwotniaki przenoszone przez kleszcze u dzikich ssaków w Polsce: występowanie, charakterystyka molekularna i znaczenie w kontekście One Health

Emily Sel, Giulia Libertini, Aneta Gontarczyk, Ewelina Antolak, Martyna Chojecka, Agnieszka Jodełko, Maciej Frant, Anna Gal, Blanka Orłowska, Katarzyna Filip-Hutsch, Magdalena Nowak, Ewa Bilska-Zając, Lisa Guardone 98

Tick-borne protozoa in wild mammals in Poland: occurrence, molecular characterization, and One Health relevance

Emily Sel, Giulia Libertini, Aneta Gontarczyk, Ewelina Antolak, Martyna Chojecka, Agnieszka Jodełko, Maciej Frant, Anna Gal, Blanka Orłowska, Katarzyna Filip-Hutsch, Magdalena Nowak, Ewa Bilska – Zając, Lisa Guardone 99

Dirofilarioza u ludzi – narastający problem i wyzwanie w diagnostyce medycznej

Anna Bogucka-Kocka 100

Human Dirofilariasis – a growing problem and a challenge in medical diagnostics

Anna Bogucka-Kocka 101

Epidemiologia molekularna i charakterystyka genetyczna *Dirofilaria immitis* i *D. repens* u różnych żywicieli i w różnych regionach geograficznych

Ali, A.; Alsarraf, M.; Fuehrer, H-P.; Lamien-Meda, A.; Papp, T.; Jańczak, D.; Mesquita, J.; Panarese, R.; Kołodziej-Sobocińska, M.; Boldbaatar, B.; Banda, A.; Levytska, V.; Mostkula, M.; Freitas, F. M.; Dwużnik-Szarek, D.; Bajer, A. 102

Molecular epidemiology and genetic characterization of *Dirofilaria Immitis* and *D. Repens* across diverse hosts and geographic regions

Ali, A.; Alsarraf, M.; Fuehrer, H-P.; Lamien-Meda, A.; Papp, T; Jańczak, D; Mesquita, J; Panarese, R; Kołodziej-Sobocińska, M; Boldbaatar, B; Banda, A; Levytska, V; Mostkula, M; Freitas, F. M; Dwużnik-Szarek, D; Bajer, A. 103

SESJA VI 104

Pasożyty psów i kotów w Polsce- aspekty zoonotyczne w perspektywie klinicznej i środowiskowej

Marta Demkowska-Kutrzepa 105

Parasites of dogs and cats in Poland: zoonotic aspects from a clinical and environmental perspectives

Marta Demkowska-Kutrzepa 106

Pasożyty odzwierzęce przenoszone drogą pokarmową u zwierząt łownych na Litwie: wyniki badań i znaczenie dla zdrowia publicznego

Petras Prakas 107

Foodborne zoonotic parasites in game animals in Lithuania: research findings and public health implications

Petras Prakas 108

Toksoplazmoza – rezerwuary, drogi transmisji na ludzi oraz najnowsze dane epidemiologiczne i molekularne

Jacek Sroka, Ewa Bilska-Zając, Weronika Korpysa-Dzirba, Jacek Karamon, Małgorzata Samorek-Pieróg, Jolanta Zdybel, Aneta Bełcik, Angelina Wójcik-Fatla, Weronika Piotrowska, Aleksandra Marzec, Tomasz Cencek 109

Toxoplasmosis – reservoirs, routes of transmission to humans, and the latest epidemiological and molecular data 110

Jacek Sroka, Ewa Bilska-Zając, Weronika Korpysa-Dzirba, Jacek Karamon, Małgorzata Samorek-Pieróg, Jolanta Zdybel, Aneta Bełcik, Angelina Wójcik-Fatla, Weronika Piotrowska, Aleksandra Marzec, Tomasz Cencek 110

Pasożyty pasożyta: wpływ *Giardiavirus* na *Giardia duodenalis*

Gianluca Marucci, Pierrick Lucas, Simona Cherchi, Serena Cecchetti, Giovanna Nunziata, Yannick Blanchard, Serena Camerini, Loredana Le Pera, Irene Ruspantini, Marialuisa Casella, Alfredo Pagliuca, Marco Lalle 111

Parasites of a parasite: *Giardiavirus* impact on *Giardia duodenalis*

Gianluca Marucci, Pierrick Lucas, Simona Cherchi, Serena Cecchetti, Giovanna Nunziata, Yannick Blanchard, Serena Camerini, Loredana Le Pera, Irene Ruspantini, Marialuisa Casella, Alfredo Pagliuca, Marco Lalle 112

SESJA VII 113

Zagrożenia pasożytnicze związane ze spożyciem ryb słodkowodnych

Vasco Menconi, Lisa Guardone, Giuseppe Arcangeli, Amedeo Manfrin, Federica Tosi, Andrea Gustinelli, Christine Müller-Graf, Mélanie Gay, Monica Caffara, Marino Prearo, Paolo Pastorino, Gianluca Marucci, Selene Rubiola, Andrea Armani, Maira Mateusa, Sasa Vasilev, Aneta Bełcik, Ewa Paździor, Weronika Korpysa-Dzirba, Giorgia Angeloni, Ewa Bilska-Zając 114

Zoonotic parasitic threats from freshwater fish consumption

Vasco Menconi, Lisa Guardone, Giuseppe Arcangeli, Amedeo Manfrin, Federica Tosi, Andrea Gustinelli, Christine Müller-Graf, Mélanie Gay, Monica Caffara, Marino Prearo, Paolo Pastorino, Gianluca Marucci, Selene Rubiola, Andrea Armani, Maira Mateusa, Sasa Vasilev, Aneta Bełcik, Ewa Paździor, Weronika Korpysa-Dzirba, Giorgia Angeloni, Ewa Bilska-Zajac 115

Od morza na talerz: niewidzialni pasażerowie - Anisakidae

Katarzyna Nadolna-Ałtyn 116

From the sea to the plate: invisible passengers – Anisakidae

Katarzyna Nadolna-Ałtyn 117

Między środowiskiem a zdrowiem – zoonotyczne helminty w glebach

Tomasz Cencek 118

Between environment and health – zoonotic helminths in soils

Tomasz Cencek 119

SESJA PLAKATOWA 120

Określenie czasu inkubacji niezbędnego do oceny żywotności jaj *Ascaris suum* pochodzących z różnych źródeł

Radosław Badziak, Aleksandra Kominek, Dagmara Ochal, Jolanta Zdybel, Ewa Bilska-Zając, Jacek Karamon, Jacek Sroka, Tomasz Cencek 121

Determining the incubation time required to assess viability of *Ascaris suum* eggs from different sources

Radosław Badziak, Aleksandra Kominek, Dagmara Ochal, Jolanta Zdybel, Ewa Bilska-Zając, Jacek Karamon, Jacek Sroka, Tomasz Cencek 122

Ocena wewnątrzgatunkowego zróżnicowania genetycznego izolatów *Listeria monocytogenes* występujących w zakładach przetwórstwa żywności

Dalius Butkauskas, Donata Grikštaitė 123

Assessment of intraspecific genetic diversity of *Listeria monocytogenes* isolates spread out in food processing facilities

Dalius Butkauskas, Donata Grikštaitė 124

Deltakoronawirusy w krajowej populacji przepiórek

Katarzyna Domańska-Blicharz, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Joanna Sajewicz-Krukowska, Kamila Dziadek 125

Deltacoronaviruses in the quail population in Poland

Katarzyna Domańska-Blicharz, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Joanna Sajewicz-Krukowska, Kamila Dziadek 126

Wstępne wyniki identyfikacji molekularnej gatunków *Sarcocystis* u kóz w Algierii

Naglis Gudiškis, Petras Prakas, Abdeldjalil Dahmane, Reghaissia Nassiba, Samari Houssem, Abdelkarim Laatamna, Donatas Šneideris, Dalius Butkauskas 127

Interim results of the molecular identification of *Sarcocystis* species in goats from Algeria

Naglis Gudiškis, Petras Prakas, Abdeldjalil Dahmane, Reghaissia Nassiba, Samari Houssem, Abdelkarim Laatamna, Donatas Šneideris, Dalius Butkauskas 128

Niemal synchroniczne wydalanie oocyst *Toxoplasma gondii* u czterech niewychodzących kociąt po ekspozycji na komercyjną dietę BARF – unikatowa seria przypadków w ujęciu One Health

Dawid Jańczak, Jakub Kędziorek 129

Near-synchronous shedding of *Toxoplasma gondii* oocysts in four indoor kittens following exposure to a commercial BARF diet – a unique case series from a One Health perspective

Dawid Jańczak, Jakub Kędziorek 130

Wstepne dane dotyczące zarażeń *Toxascaris leonina* u lisów rudych (*Vulpes vulpes*) i jenotów (*Nyctereutes procyonoides*) na Litwie

Evelina Juozaitytė-Ngugu, Evelina Maziliauskaitė, Valerija Žiliūtė, Petras Prakas, Dalius Butkauskas 131

First insights into *Toxascaris leonina* infection in red foxes (*Vulpes vulpes*) and raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoides*) in Lithuania

Evelina Juozaitytė-Ngugu, Evelina Maziliauskaitė, Valerija Žiliūtė, Petras Prakas, Dalius Butkauskas 132

Różnorodność gatunkowa *Sarcocystis* oraz morfometria sporocyst u trzech gatunków psowatych będących żywicielami ostatecznymi: lisa rudego (*Vulpes vulpes*), jenota (*Nyctereutes procyonoides*) i wilka szarego (*Canis lupus*) z Litwy

Tamara Kalashnikova, Donatas Šneideris, Evelina Juozaitytė-Ngugu, Dalius Butkauskas, Petras Prakas..... 133

***Sarcocystis* diversity and sporocyst morphometrics in three canid definitive hosts: red fox (*Vulpes vulpes*), raccoon dog (*Nyctereutes procyonoides*), and grey wolf (*Canis lupus*) from Lithuania**

Tamara Kalashnikova, Donatas Šneideris, Evelina Juozaitytė-Ngugu, Dalius Butkauskas, Petras Prakas..... 134

***Toxoplasma gondii* u drobiu na Słowacji – badania seroepidemiologiczne**

Dominik Kaňuk, Daniela Antolová, Daniela Valentová, Katarína Strišková 135

***Toxoplasma gondii* in poultry in Slovakia – seroepidemiological study**

Dominik Kaňuk, Daniela Antolová, Daniela Valentová, Katarína Strišková 136

Komary jako wektory groźnych patogenów w aglomeracji warszawskiej – monitoring molekularny i identyfikacja zagrożeń zdrowotnych

Bartosz Kaszubski..... 137

Mosquitoes as vectors of dangerous pathogens in the Warsaw agglomeration – molecular monitoring and identification of health hazards

Bartosz Kaszubski..... 138

Alpaki jako źródło zoonotycznych gatunków *Cryptosporidium* związanych ze środowiskiem sylwatycznym

Agnieszka Kaupke, Artur Rzeżutka, Monika Krajewska-Wędzina, Pamela Turcewicz..... 139

Alpacas as a source of zoonotic *Cryptosporidium* species associated with the sylvatic environment

Agnieszka Kaupke, Artur Rzeżutka, Monika Krajewska-Wędzina, Pamela Turcewicz..... 140

Badanie gatunków *Sarcocystis* w mięśniach żwaczy świń na Litwie

Asta Kupčinskienė, Naglis Gudiškis, Paulina Sirvydytė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas 141

Investigation of *Sarcocystis* species in pig masseter muscles in Lithuania

Asta Kupčinskienė, Naglis Gudiškis, Paulina Sirvydytė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas 142

Molekularna identyfikacja *Sarcocystis* u drobnych ssaków: linie genetyczne związane z wężami, ptakami i ssakami w śródziemnomorskiej części Hiszpanii

Dovilė Laisvūnė Bagdonaitė, Ruth Rodríghez-Pastor, Petras Prakas, Dalius Butkauskas, Javier Millán 143

Molecular identification of *Sarcocystis* in micromammals: snake, bird and mammal associated lineages in Mediterranean Spain

Dovilė Laisvūnė Bagdonaitė, Ruth Rodríghez-Pastor, Petras Prakas, Dalius Butkauskas, Javier Millán 144

Dystrybucja i identyfikacja molekularna *Trichinella* spp. u dzikich ssaków mięsożernych na Litwie

Evelina Maziliauskaitė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas..... 145

Distribution and molecular identification of *Trichinella* spp. in wild carnivorous mammals from Lithuania

Evelina Maziliauskaitė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas 146

Immunoprofilaktyka kokcydiozy kur: analiza trendów rynku szczepionek w Polsce oraz Unii Europejskiej w latach 2020–2025

Katarzyna Pasik, Ewa Borzym, Agnieszka Nowakowska, Ewa Łysiak, Agnieszka Nadzieja 147

Immunoprophylaxis of chicken coccidiosis: analysis of vaccine market trends in Poland and the European Union (2020–2025)

Katarzyna Pasik, Ewa Borzym, Agnieszka Nowakowska, Ewa Łysiak, Agnieszka Nadzieja 148

Histopatologiczne potwierdzenie zarażenia wolno żyjących żubrów pierwotniakami z rodzaju *Sarcocystis*

Anna Maria Pyziel, Izabella Dolka, Anna Didkowska, Wanda Olech, Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Petras Prakas, Evelina Juozaitytė-Ngugu 149

Histopathological confirmation of *Sarcocystis* infection in free-ranging European bison

Anna Maria Pyziel, Izabella Dolka, Anna Didkowska,Wanda Olech, Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Petras Prakas, Evelina Juozaitytė-Ngugu 150

Charakterystyka całego genomu izolatów *B. cereus* uzyskanych z mleka i produktów mlecznych mlecznych w Polsce – wirulencja i oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe

Jolanta Grażyna Rola, Ewelina Iwan, Milena Łysiak 151

Whole genome characterization of *Bacillus cereus* isolates obtained from milk and dairy products in Poland - virulence and antimicrobial resistance

Jolanta Grażyna Rola, Ewelina Iwan, Milena Łysiak 152

Badania w kierunku *Toxoplasma gondii, Trichinella* spp. oraz *Sarcocystis* spp. u bobrów europejskich (*Castor fiber*)

Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Naglis Gudiškis, Evelina Maziliauskaitė, Muza Kirjušina, Evelina Juozaitytė-Ngugu, Dalius Butkauskas, Giedrius Šidlauskas, Petras Prakas 153

Investigation of *Toxoplasma gondii, Trichinella* spp., and *Sarcocystis* spp. in Eurasian beavers (*Castor fiber*)

Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Naglis Gudiškis, Evelina Maziliauskaitė, Muza Kirjušina, Evelina Juozaitytė-Ngugu, Dalius Butkauskas, Giedrius Šidlauskas, Petras Prakas 154

Wpływ wcześniejszej antybiotykoterapii na wydalanie IBV i odpowiedź immunologiczną kur

Joanna Sajewicz-Krukowska, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Karolina Tarasiuk, Katarzyna Domańska-Blicharz 155

Effect of prior antibiotic treatment on IBV shedding and the immune response in chickens

Joanna Sajewicz-Krukowska, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Karolina Tarasiuk, Katarzyna Domańska-Blicharz 156

Identyfikacja gatunków rodzaju *Sarcocystis* w kale psów domowych z wykorzystaniem metod mikroskopowych i molekularnych

Austėja Žalandauskaitė, Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Petras Prakas, Dalius Butkauskas 157

Identification of *Sarcocystis* species in domestic dog feces using microscopic and molecular methods

Austėja Žalandauskaitė, Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Petras Prakas, Dalius Butkauskas 158

Ocena parazytologiczna nawozów organicznych stosowanych w rolnictwie w Polsce w latach 2024-2026

Jolanta Zdybel, Aleksandra Kominek, Radosław Badziak, Dagmara Ochal, Jacek Sroka, Jacek Karamon, Małgorzata Samorek-Pieróg, Tomasz Cencek 159

Parasitological evaluation of organic fertilizers intended for agricultural use in Poland in 2024–2026

Jolanta Zdybel, Aleksandra Kominek, Radosław Badziak, Dagmara Ochal, Jacek Sroka, Jacek Karamon, Małgorzata Samorek-Pieróg, Tomasz Cencek 160

Występowanie *Sarcocystis* spp. u świń domowych – analiza molekularna próbek tkanki mięśniowej

W. Korpysa-Dzirba, E. Bilska-Zając, A. Bełcik, M. Chojecka, E. Antolak, A. Gontarczyk, J. Karamon, J. Sroka, T. Cencek 161

Occurrence of *Sarcocystis* spp. in Domestic Pigs – Molecular Analysis of Muscle Tissue Samples

W. Korpysa-Dzirba, E. Bilska-Zając, A. Bełcik, M. Chojecka,E. Antolak, A. Gontarczyk, J. Karamon, J. Sroka, T. Cencek ..... **Błąd! Nie zdefiniowano zakładki.**

***Giardia duodenalis* i *Cryptosporidium* spp. u ssaków utrzymywanych w polskich ogrodach zoologicznych i mini-zoo**

Magdalena Nowak, Blanka Orłowska, Anna Didkowska, Krzysztof Anusz, Jacek Sroka..... **Błąd! Nie zdefiniowano zakładki.**

***Giardia duodenalis* and *Cryptosporidium* spp. in Mammals Kept in Polish Zoological Gardens and Mini-Zoos**

Magdalena Nowak, Blanka Orłowska, Anna Didkowska, Krzysztof Anusz, Jacek Sroka..... **Błąd! Nie zdefiniowano zakładki.**

Molekularne wykrywanie *Sarcocystis* spp. u wolno żyjących wilków (*Canis lupus*) w Polsce

Blanka Orłowska, Magdalena Nowak, Katarzyna Filip-Hutsch,Weronika Korpysa-Dzirba, Jan Wiśniewski, Marta Kołodziej-Sobocińska, Krzysztof Anusz, Ewa Bilska-Zając..... 165

Molecular detection of *Sarcocystis* spp. in wolves (*Canis lupus*) from Poland: preliminary results

Blanka Orłowska, Magdalena Nowak, Katarzyna Filip-Hutsch, Weronika Korpysa-Dzirba, Jan Wiśniewski, Marta Kołodziej-Sobocińska, Krzysztof Anusz, Ewa Bilska-Zając..... 166

***Z*anieczyszczenie komercyjnie uprawianych owoców jagodowych *Echinococcus multilocularis* oraz zarażenie lisów w holenderskiej prowincji Limburgia**

Laura Derks, Kees van der Ark, Chesley van Buuren, Wesley Mocking, Fanny Bastien, Gérald Umhang, Joke van der Giessen, Marieke Opsteegh..... 167

***Echinococcus multilocularis* contamination of commercially grown berries and infection of foxes in the Dutch province of Limburg**

Laura Derks, Kees van der Ark, Chesley van Buuren, Wesley Mocking, Fanny Bastien, Gérald Umhang, Joke van der Giessen, Marieke Opsteegh..... 168

ORGANIZATOR

Krajowe Laboratorium Referencyjne ds. włośnicy

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych

Państwowy Instytut Weterynaryjny
- Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

Komitet organizacyjny

Przewodnicząca

dr hab. Ewa Bilska-Zając

Wiceprzewodniczący

prof. dr hab. Tomasz Cencek

Wiceprzewodnicząca

dr Weronika Korpysa-Dzirba

Sekretarz

mgr inż. Aneta Bełcik

Członkowie:

dr hab. Jacek Sroka prof. inst.

prof. dr hab. Jacek Karamon

dr inż. Jolanta Zdybel

mgr inż. Aneta Gontarczyk

mgr Ewelina Antolak

mgr inż. Martyna Chojecka

mgr Małgorzata Samorek-Pieróg

mgr Joanna Stachyra-Wolska

ORGANIZER

National Reference Laboratory for Trichinella

Department of Parasitology and Invasive Diseases,

Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases

National Veterinary Research Institute in Pulawy



Organizing Committee

President

Dr. Ewa Bilska-Zając

Vice President

Prof. Tomasz Cencek

Vice President

Dr. Weronika Korpysa-Dzirba

Secretary

MSc Aneta Bełcik

Members:

Dr. Jacek Sroka

Prof. Jacek Karamon

Dr. Jolanta Zdybel

MSc. Aneta Gontarczyk

MSc Ewelina Antolak

MSc Martyna Chojecka

MSc Małgorzata Samorek-Pieróg

MSc Joanna Stachyra-Wolska



Dr hab. Ewa Bilska-Zając

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy (PIWet-PIB), Puławy

Dr hab. Ewa Bilska-Zając, lekarz weterynarii, od 2009 zatrudniona w Państwowym Instytucie Weterynarii – Państwowym Instytucie Badawczym, pracownik naukowy w Dziale Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych . Od 2022 r. jest osobą odpowiedzialną za Krajowe Laboratorium Referencyjne ds. włośnicy i anisakiozy. W ramach działań KLR zajmuje się organizacją badań biegłości PT z zakresu wykrywania *Trichinella* spp. i *Anisakis* spp. oraz szkoleń dla lekarzy weterynarii i pracowników Inspekcji Weterynaryjnej. Prowadzi badania naukowe w zakresie m.in. diagnostyki, epidemiologii i genetyki *Trichinella* spp., *Anisakis* spp, *Alaria* spp. oraz *Sarcocystis* spp. Stypendystka Oak Ridge Institute for Science and Education (ORISE), dzięki któremu, podczas rocznego stażu podoktorskiego, prowadziła badania nad genetyką włośni w United States Department of Agriculture (USDA). Rezultatem jej pracy naukowej są opracowane techniki epidemiologii molekularnej, wykorzystywane obecnie na świecie jako narzędzia do prowadzenia dochodzeń epidemiologicznych w ogniskach włośnicy. Członek Polskiego Towarzystwa Parazytologicznego, Polskiego Towarzystwa Nauk Weterynaryjnych oraz Międzynarodowej Komisji ds. włośnicy.

Ewa Bilska-Zając, PhD, a veterinarian, has been employed at the National Veterinary Research Institute since 2009, a researcher at the Department of Parasitology and Invasive Diseases. Since 2022, she has been the person responsible for the National Reference Laboratory for *Trichinella* and *Anisakis* in Poland. Within the framework of NRL's activities, she organizes proficiency tests for the detection of *Trichinella* spp. and *Anisakis* spp. as well as training courses for Veterinary Inspection staff. She conducts scientific research on diagnosis, epidemiology and genetics of *Trichinella* spp, *Anisakis* spp, *Alaria* spp. and *Sarcocystis* spp. She was awarded a fellowship from the Oak Ridge Institute for Science and Education (ORISE), through which, during a one-year postdoctoral fellowship at the United States Department of Agriculture (USDA), she conducted research on *Trichinella* genetics. The results of her scientific work are the developed molecular epidemiology techniques now used worldwide as tools for effective epidemiological investigations of trichinellosis outbreaks. She is a member of the Polish Society of Parasitology, the Polish Society of Veterinary Sciences and the International Commission on Trichinellosis.



Dr Weronika Korpysa-Dzirba

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy (PIWet-PIB), Puławy

Dr Weronika Korpysa-Dzirba jest absolwentką wydziału Biologii i Nauk o Ziemi UMCS w Lublinie ze specjalnością mikrobiologia. Od 2003 roku pracowała w Zakładzie Higieny Żywności Pochodzenia Zwierzęcego (2003-2020), a następnie w Dziale Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych w Państwowym Instytucie Weterynaryjnym - Państwowym Instytucie Badawczym w Puławach. Dr Weronika Korpysa-Dzirba ma doświadczenie w interdyscyplinarnym podejściu do higieny żywności, z uwzględnieniem mikrobiologii i parazytologii. Jest współautorką wielu publikacji dotyczących mikrobiologicznego bezpieczeństwa żywności oraz prac związanych z parazytologią weterynaryjną. Obecnie jest zaangażowana w działalność Krajowego Laboratorium Referencyjnego ds. włośnicy i anisakiozy, w tym organizacji badań biegłości i szkoleń dla pracowników Inspekcji Weterynaryjnej w zakresie wykrywania *Trichinella* spp. metodą trawienia próbek wspomaganą mieszadłem magnetycznym oraz identyfikacji gatunków *Trichinella* metodą mPCR. Zajmuje się również badaniami naukowymi nad występowaniem i molekularną charakterystyką *Sarcocystis* spp. u zwierząt hodowlanych i dzikich w Polsce

Dr. Weronika Korpysa-Dzirba is a graduate of the Faculty of Biology and Earth Sciences at Maria Curie-Skłodowska University in :Lublin with a specialisation in microbiology. From 2003, she worked at the Department of Hygiene of Food of Animal Origin (2023 -2020) and then at the Department of Parasitology and Invasive Diseases at the National Veterinary Research Institute in Puławy. Dr Weronika Korpysa-Dzirba is experienced in an interdisciplinary approach to food hygiene, with a focus on microbiology and parasitology. She is co-author of a number of publications on microbiological food safety and papers related to veterinary parasitology. She is currently involved in the activities of the National Reference Laboratory for Trichinellosis and Anisakiosis, including the organisation of proficiency testing and training for Veterinary Inspection staff in the detection of *Trichinella* spp. by magnetic stirrer digestion and identification of *Trichinella* species by mPCR. She is also involved in scientific research on the occurrence and molecular characterisation of *Sarcocystis* spp. in farm and wild animals in Poland.



Mgr inż. Aneta Bełcik

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy (PIWet-PIB), Puławy

Mgr Aneta Bełcik jest pracownikiem badawczo-technicznym w Dziale Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych w PIWet – PIB w Puławach. Mgr inż. Aneta Bełcik w ramach swoich obowiązków uczestniczy w aktywnościach Krajowego Laboratorium Referencyjnego ds. włośnicy i anisakiozy, które obejmują m.in. wykrywanie tych patogenów, diagnostykę molekularną nicieni z rodzaju *Trichinella* i *Anisakis*, a także organizację badań biegłości w tych kierunkach. Współautor prac opublikowanych w czasopismach z listy JCR o łącznym IF 63,31. Indeks Hirscha 10. Laureat nagrody w konkursie organizowanym przez Zarząd PTNW, w kategorii „Oryginalna praca badawcza opublikowana w zespole międzynarodowym" za rok 2022. Głównym zainteresowaniem naukowym mgr Bełcik jest zaawansowana diagnostyka molekularna przywr i nicieni, w szczególności molekularnej epidemiologii przywr *Alaria* spp. Temat ten jest podstawą badań do jej pracy doktorskiej. Uczestniczka staży zagranicznych z zakresu analiz genetycznych m.in. we Włoszech, Danii, Niemczech oraz Wielkiej Brytanii.

Aneta Bełcik, MSC is research and technical staff member at the Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases at the National Veterinary Research Institute. Aneta Bełcik, M.Sc., as part of her duties, participates in the activities of the NRL for Trichinellosis and Anisakiasis, which include detection of these pathogens, molecular diagnostics of *Trichinella* and *Anisakis* nematodes, as well as organizing proficiency tests in these fields. She is a co-author of articles published in JCR-listed journals, with a total Impact Factor of 63.31. Index Hirscha 10.She was awarded in a competition organized by the Polish Society of Parasitologists (PTNW), in the category "Original Research Paper Published in an International Team" for the year 2022.Aneta Bełcik's greatest scientific interes is in advanced molecular diagnostics of trematodes and nematodes, particularly the molecular epidemiology of *Alaria* spp. This topic forms the basis of her PhD research. She has participated in international internships focused on genetic analysis in: Italy, Denmark, Germany, and United Kingdom.



Prof. dr hab. Tomasz Cencek

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy (PIWet-PIB), Puławy

Prof. dr hab. Tomasz Cencek, kierownik Działu Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych PIWet-PIB. Wiceprezes Polskiego Towarzystwa Parazytologicznego oraz członek Polskiego Towarzystwa Nauk Weterynaryjnych. Od 2011 r. jest członkiem Rady Naukowej PIWet-PIB. Zainteresowania naukowe prof. Tomasza Cencka skupiają się na ważnych z ekonomicznego punktu widzenia parazytozach zwierząt, a także na pasożytach mogących być przyczyną zoonoz, szczególnie tych przenoszonych wraz z żywnością pochodzenia zwierzęcego. Wśród najważniejszych tematów prowadzonych przez prof. Cencka należy wymienić chronologicznie hypodermozę bydła, inwazję roztoczy *Dermanyssus galinae* u kur, inwazję *Fasciola hepatica* u bydła, kokcydiozę kur, toksoplazmozę, echinokokozę, włośnicę, anisakiozę oraz zanieczyszczenia parazytologiczne środowiska i nawozów organicznych. Jego dorobek naukowy obejmuje 117 publikacji w czasopismach z listy filadelfijskiej. Za swoją działalność naukową otrzymał liczne nagrody m.in.: Polskiego Towarzystwa Nauk Weterynaryjnych, Witolda Stefańskiego Polskiego Towarzystwa Parazytologicznego; Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi. W 2015 r. otrzymał Brązowy Krzyż Zasługi za zasługi w działalności na rzecz rozwoju nauki.

Prof. Tomasz Cencek is a head of the Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases at the National Veterinary Research Institute. He is a member of the Polish Society of Veterinary Sciences and the Polish Parasitological Society (PPS), where he served as chairman of the Lublin Branch of the PPS and vice-president of the PPS. He has been a member of the Scientific Council of NVRI since 2011. His main scientific interests focus on economically important animal parasitoses, as well as parasites that can cause zoonoses, especially those transferred with food of animal origin. The most important topics discussed by professor Cencek include, in chronological order: bovine hypodermosis, *Dermanyssus galinae* mites in chickens, *Fasciola hepatica* in cattle, chicken coccidiosis, toxoplasmosis, echinococcosis, trichinellosis, anisakiasis, and parasitological contamination of the environment and organic fertilizers. His scientific achievements include 117 publications in journals from the Philadelphia list. For his scientific activity he received numerous awards, including: the Polish Society of Veterinary Sciences, the Witold Stefański Polish Parasitological Society; the Minister of Agriculture and Rural Development. In 2015 he received the Bronze Cross of Merit for his services in the development of science.

PRELEGENCI

dr Alqeer Aliyo Ali, Polska

dr Davor Balić, Chorwacja

dr hab. Ewa Bilska-Zając, Polska

prof. dr hab. n. farm. Anna Bogucka-Kocka, Polska

dr Adriano Casulli, Włochy

prof. dr hab. Tomasz Cencek, Polska

dr Marta Demkowska-Kutrzepa, Polska

prof. dr hab. Dariusz Gwiazdowicz, Polska

prof. dr hab. inż. Paweł Janiszewski, Polska

dr Jakub Kubacki, Polska

dr Gianluca Marucci, Włochy

dr Vasco Menconi, Włochy

dr hab. n. med. Anna Moniuszko-Malinowska, Polska

dr Christine Müller-Graf, Niemcy

dr Katarzyna Nadolna-Ałtyn, Polska

dr Petras Prakas, Litwa

dr Martin Richter, Niemcy

dr Selene Rubiola, Włochy

mgr Emily Sel, Włochy

dr hab. Jacek Sroka, prof. instytutu, Polska

dr Gerald Umhang, Francja



Dr Davor Balić

Croatian Veterinary Institute, Veterinary Department Vinkovci, Croatia

Dr Davor Balić jest pracownikiem naukowym Oddziału w Vinkovci Chorwackiego Instytutu Weterynaryjnego. Jego działalność naukowa koncentruje się na epidemiologii zoonoz, ze szczególnym uwzględnieniem włośnicy (trichinellozy), która przez wiele lat stanowiła istotny problem zdrowia publicznego we wschodniej Chorwacji. W swojej pracy dużą wagę przywiązuje do współpracy międzynarodowej. Od 2007 roku aktywnie uczestniczy we wszystkich edycjach Międzynarodowej Konferencji poświęconej włośnicy (International Conference on Trichinellosis, ICT), a od 2012 roku regularnie bierze udział w warsztatach Europejskiego Laboratorium Referencyjnego ds. Pasożytów (EURLP) organizowanych w Rzymie. Poza działalnością badawczą dr Balić pełni funkcję krajowego punktu kontaktowego Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA) w zakresie włośnicy w Chorwacji. Jest również kierownikiem ds. jakości zgodnie z normą ISO/IEC 17025 oraz ekspertem technicznym Chorwackiej Agencji Akredytacyjnej (HAA), specjalizującym się w metodzie sztucznego trawienia stosowanej do wykrywania larw *Trichinella*. Ważnym elementem jego działalności jest upowszechnianie wiedzy naukowej, czego efektem są liczne publikacje oraz wystąpienia prezentowane podczas krajowych i międzynarodowych konferencji naukowych.

Dr. Davor Balić as a Senior Research Associate at the Croatian Veterinary Institute's Vinkovci Department, his career has been dedicated to the epidemiology of zoonoses. In the early stages, his work focused heavily on addressing trichinellosis, which was a critical public health issue in eastern Croatia. Over the years, maintaining strong international connections has been a priority. This includes active participation in every International Conference on Trichinellosis (ICT) since 2007, alongside regular attendance at the European Reference Laboratory for Parasites (EURLP) workshops in Rome since 2012. In addition to research, his professional responsibilities include serving as the EFSA contact person for trichinellosis in Croatia, working as an ISO/IEC 17025 Quality Manager, and acting as a technical expert for the Croatian Accreditation Agency (HAA) specializing in the artificial digestion method for the detection of Trichinella larvae. Sharing knowledge is a vital part of this journey, leading to numerous scientific publications and presentations at both national and international events.



Prof. dr hab. n. farm. Anna Bogucka-Kocka

Uniwersytet Medyczny w Lublinie, Polska

Prof. dr hab. Anna Bogucka-Kocka jest autorem/współautorem 203 publikacji oryginalnych o łącznym IF=414,266; PK=8901. Wyniki jej badań prezentowe były w 233 doniesieniach na konferencjach o zasięgu krajowym i międzynarodowym. h-index = 25 wg *Web of Science Core Collection*; h-index = 26 wg *Scopus*. Była kierownikiem 4 i głównym wykonawcą w 6 projektach badawczych. Badania zespołu którym kieruje skupiają się wokół zagadnień związanych z transkryptomiką, proteomiką, diagnostyką parazytologiczną oraz badaniami mechanizmów działania leków i poszukiwaniem nowych związków będących kandydatami na nowe leki przeciwpasożytnicze, oraz genetycznych biomarkerów chorób pasożytniczych i chorób cywilizacyjnych m.in. chorób związanych z patologią śródbłonka naczyń krwionośnych u pacjentów chorych na przewlekłą niewydolność żylną, tętniaki i miażdżycę, raka piersi oraz toksoplazmozę. Kolejne kierunki badawcze to diagnostyka chorób pasożytniczych i poszukiwanie związków pochodzenia roślinnego, grzybowego, oraz uzyskanych drogą syntezy chemicznej o aktywności przeciwpasożytniczej. Badania te realizuje w oparciu o autorski model opisany w: Patent. Polska, nr 232918. *Sposób hodowli nicieni z rodzaju Rhabditis sp. i oznaczania aktywności nicieniobójczych substancji*. (U.M. w Lublinie, Twórcy: Anna Bogucka-Kocka, Przemysław Kołodziej). Do chwili obecnej wyniki badań z wykorzystaniem w/w modelu pozwoliły na uzyskanie 12 patentów. Opisano nowe, związki tj. klastery boru, pochodne triazolu, pochodne rodaniny, niskocząsteczkowe frakcje metabolitów wtórnych z grzyba *Cerrena unicolor* o znaczącej aktywności nicieniobójczej wobec modelowych nicieni z rodzaju *Rhabditis sp*. oraz patogennych nicieni pasożytujących u kóz i koni. W przeprowadzonych badaniach wykazano, że aktywność nicieniobójcza związków jest wyraźnie wyższa od aktywności stosowanych komercyjnych leków. Jest współautorem 24 patentów i 2 know-how. Uzyskane patenty otrzymały m.in. Złoty medal na XIII Międzynarodowych Targach Wynalazków i Innowacji INTARG 2020 za wynalazek „Nowo zsyntetyzowane związki o działaniu nicieniobójczym i przeciwpasożytniczym"; Złoty medal na XIII Międzynarodowych Targach Wynalazków i Innowacji INTARG 2020 za wynalazek „Sposób diagnozowania miażdżycy tętnic oraz zastosowanie markerów miRNA do diagnozowania miażdżycy tętnic"; Nagrodę International Federation of Inventors' Associations – IFIA – za wynalazek „Sposób diagnozowania miażdżycy tętnic oraz zastosowanie markerów miRNA do diagnozowania miażdżycy tętnic" otrzymana na XIII Międzynarodowych Targach Wynalazków i Innowacji INTARG 2020; Złoty medal na XIV Międzynarodowych Targach Wynalazków i Innowacji INTARG 2021 za wynalazek „Kompozycja polifenolowa mająca zastosowanie w profilaktyce i wspomaganiu leczenia chorób neurodegeneracyjnych zwłaszcza Alzheimera" Nagrodę *Special Award of World Invention Intellectual Property Association WIIPA* na XIV Międzynarodowych Targach Wynalazków i Innowacji INTARG 2021 za wynalazek „Kompozycja polifenolowa mająca zastosowanie w profilaktyce i wspomaganiu leczenia chorób neurodegeneracyjnych zwłaszcza Alzheimera"; Brązowy medal na XV Międzynarodowych Targach Wynalazków i Innowacji INTARG 2022 za wynalazek „Sposób hodowli ludzkich i zwierzęcych komórek macierzystych z zastosowaniem wydzieliny roślinnej otrzymanej z gatunku *Drosophyllum lusitannicum*"; Złoty medal na XVI Międzynarodowych Targach Wynalazków i Innowacji INTARG 2023 za wynalazek „Zastosowanie markerów mikroRNA do wykrywania obecności tętniaków aorty brzusznej oraz sposób diagnozowania

tętniaków aorty brzusznej"; Złoty medal na International Warsaw Invention Show IWIS 2023 za wynalazek "Application of microRNA markers for detecting the presence of abdominal aortic aneurysms and method of diagnosing abdominal aortic aneurysms". Za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej w obszarze farmakologii, neurofarmaceutyków oraz zastosowania markerów miRNA do diagnozowania miażdżycy tętnic 28.10.2021 r. otrzymała Nagrodę Ministra Zdrowia.

Prof. Anna Bogucka-Kocka is the author/co-author of 203 original papers with a total IF=414.266; PK=8901. Her research results were presented in 233 papers at national and international conferences (h-index=25 by Web of Science Core Collection; h-index=26 by Scopus). She was manager of 4 and principal investigator in 6 research projects. The investigations of her team focuses on issues related to transcriptomics, proteomics, parasitological diagnostics and studies of mechanisms of drug function and search for new compounds that are candidates for new antiparasitic drugs, and genetic biomarkers of parasitic diseases and diseases of civilisation, e.g. diseases associated with endothelial pathology of blood vessels in patients with chronic venous insufficiency, aneurysms and atherosclerosis, breast cancer and toxoplasmosis. Further research focuses on the diagnosis of parasitic diseases and the search for compounds of plant and fungal origin and those obtained by chemical synthesis with antiparasitic activity. She carries out this research based on an original model described in: Patent. Poland, No. 232918. Method of culturing nematodes of the genus *Rhabditis* sp. and determining the activity of nematicidal substances. (U.M. in Lublin, Authors: Anna Bogucka-Kocka, Przemysław Kołodziej). To date, the results of research using the above model have led to 12 patents. She has described new compounds, i.e. boron clusters, triazole derivatives, rhodanine derivatives, low molecular weight fractions of secondary metabolites from the fungus *Cerrena unicolor* with significant nematicidal activity against model nematodes of the genus *Rhabditis* sp. and pathogenic nematodes parasitising goats and horses. In the studies conducted, the nematicidal activity of the compounds was shown to be significantly higher than that of the commercial drugs used. She is co-author of 24 patents and 2 know-how. The patents obtained received: Gold medal at the 13th INTARG 2020 International Trade Fair of Inventions and Innovations for the invention "Newly synthesised compounds with nematicidal and antiparasitic activity"; Gold medal at the 13th INTARG 2020 International Trade Fair of Inventions and Innovations for the invention "Method of diagnosing arteriosclerosis and application of miRNA markers for diagnosing arteriosclerosis"; International Federation of Inventors' Associations – IFIA – Award for the invention "Method of diagnosing arteriosclerosis and application of miRNA markers for diagnosing arteriosclerosis" received at the 13th INTARG 2020 International Trade Fair for Inventions and Innovations; Gold medal at the 14th INTARG 2021 International Trade Fair of Inventions and Innovations for the invention "Polyphenolic composition with application in prevention and support of treatment of neurodegenerative diseases especially Alzheimer's"; Special Award of World Invention Intellectual Property Association WIIPA at the 14th INTARG 2021 International Trade Fair of Inventions and Innovations for the invention "Polyphenolic composition with application in prevention and support of treatment of neurodegenerative diseases especially Alzheimer's"; Bronze medal at the 15th INTARG 2022 International Trade Fair for Inventions and Innovations for the invention "Method of culturing human and animal stem cells using a plant secretion obtained from the species *Drosophyllum lusitannicum*"; Gold medal at the 16th INTARG 2023 International Invention and Innovation Fair for the invention "Application of microRNA markers for detecting the presence of abdominal aortic aneurysms and method of diagnosing abdominal aortic aneurysms"; Gold medal at the International Warsaw Invention Show IWIS 2023 for the invention "Application of microRNA markers for detecting the presence of abdominal aortic aneurysms and method of diagnosing abdominal aortic aneurysms". For her significant achievements in the field of implementation activities in the area of pharmacology, neuropharmaceuticals and the application of miRNA markers for the diagnosis of arteriosclerosis, she received the Minister of Health Award on 28.10.2021.



Dr Adriano Casulli

European Union Reference Laboratory for Parasites (EURL-P; food safety);

European Union Reference Laboratory for Public Health on Helminths and Protozoa (EURL-PH-HP);

WHO Collaborating Centre for the Epidemiology, Detection and Control of Cystic and Alveolar Echinococcosis (One Health);

Unit of Foodborne and Neglected Parasitic Diseases. Department of Infectious Diseases. Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy.

Dr Adriano Casulli pełni funkcję Dyrektora ds. Badań w Departamencie Chorób Zakaźnych w Istituto Superiore di Sanità (Włoski Narodowy Instytut Zdrowia – Rzym, Włochy), gdzie kieruje jednostką ds. „Chorób pasożytniczych przenoszonych przez żywność i zaniedbanych chorób pasożytniczych" (akredytowaną zgodnie z normami UNI CEI EN ISO/IEC 17025 i 17043). Jest również dyrektorem Laboratorium Referencyjnego Unii Europejskiej ds. Pasożytów (EURL-P, bezpieczeństwo żywności), Laboratorium Referencyjnego Unii Europejskiej ds. Zdrowia Publicznego w zakresie helmintów i pierwotniaków (EURL-PH-HP) oraz Ośrodka Współpracującego WHO ds. epidemiologii, wykrywania i kontroli bąblowicy jedno- i wielojamowej (One Health). Jest naukowcem i rzecznikiem działań w obszarze pasożytniczych chorób przenoszonych przez żywność oraz zaniedbanych chorób tropikalnych (NTDs), ze szczególnym uwzględnieniem epidemiologii molekularnej i klinicznej bąblowicy jednojamowej i wielojamowej. Jest współautorem ponad 160 publikacji naukowych, recenzentem wielu czasopism naukowych typu "peer review", ewaluatorem międzynarodowych projektów badawczych, ekspertem zewnętrznym dla międzynarodowych agencji (ECDC, EFSA, WHO, FAO, WOAH) oraz członkiem rad redakcyjnych kilku międzynarodowych czasopism naukowych. Koordynuje liczne międzynarodowe projekty badawcze dotyczące helmintów, przyznawane w drodze konkursów. Pasjonuje się danymi i jest oddany nauce.

Dr. Adriano Casulli holds the position of Research Director at the Department of Infectious diseases at ISTITUTO SUPERIORE DI SANITÀ (Italian National Institute of Health – Rome, Italy), where he acts as director of the Unit of "Foodborne and Neglected Parasitic Diseases" (accredited as UNI CEI EN ISO/IEC 17025 and 17043). He also serve as director of the "European Union Reference Laboratory for Parasites" (EURL-P, food safety), "European Union Reference Laboratory for Public Health on Helminths and Protozoa (EURL-PH-HP)" and the "WHO Collaborating Centre for the epidemiology, detection and control of Cystic and Alveolar Echinococcosis (One Health)". He is scientist and advocate in the field of parasitic foodborne and Neglected Tropical Diseases (NTDs) with a focus on molecular and clinical epidemiology of cystic and alveolar echinococcosis. He is co-author of more than 160 scientific publications, reviewer for several peer-review journals, evaluator for international research projects, external expert for international agencies (ECDC, EFSA, WHO, FAO, WOAH) and member of the Editorial board of several international peer-review journals. He is the coordinator of many granted international collaborative research projects on helminths funded on competitive bases. He is data passionate and drawn to science.



Dr Marta Demkowska-Kutrzepa

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Polska

Dr Marta Demkowska-Kutrzepa jest lekarzem weterynarii, adiunktem naukowo-dydaktycznym w Zakładzie Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Wydziału Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. W 2016 roku uzyskała stopień doktora nauk weterynaryjnych na podstawie rozprawy doktorskiej pt.: „Wpływ wybranych środków przeciwpasożytniczych i dezynfekcyjnych na rozwój jaj i przeżywalność larw tęgoryjców występujących u psów". Tematyka pracy naukowej dotyczy głównie zagadnień profilaktyki, diagnostyki i inwazjologii parazytoz zwierząt towarzyszących, gospodarskich oraz wolnożyjących, zwłaszcza w aspekcie zoonoz pasożytniczych. Prowadzi badania dotyczące parazytofauny zwierząt nieudomowionych, zarówno natywnych jak i egzotycznych, ze szczególnym uwzględnieniem gatunków inwazyjnych. Podejmuje zagadnienia związane ze zjawiskiem lekooporności nicieni żołądkowo-jelitowych u przeżuwaczy oraz psów. Jest zaangażowana w badania dotyczące skuteczności naturalnych i syntetycznych substancji czynnych w zwalczaniu pasożytów ssaków i ptaków, w tym poszukiwania nowych związków chemicznych o potencjale przeciwpasożytniczym. Głównym tematem badawczym są inwazje nicieni z rodziny *Ancylostomatidae,* występujące u zwierząt mięsożernych towarzyszących oraz wolnożyjących. Autorka ponad 47 pozycji piśmiennictwa, w tym 33 publikacji z listy A, 11 z listy B, 3 monografii, 67 doniesień na krajowe i zagraniczne konferencje naukowe oraz 2 patentów. Kierownik jednego i wykonawca czterech projektów badawczych (NCN, NCBiR i MNiSW). Uczestnik projektu COST, Członek Polskiego Towarzystwa Parazytologicznego.

Dr. Marta Demkowska-Kutrzepa is veterinarian, Assistant Professor in the Department of Parasitology and Invasive Diseases, Faculty of Veterinary Medicine, at the University of Life Sciences in Lublin. In 2016, she was awarded the degree of Doctor of Veterinary Sciences based on her doctoral dissertation entitled: "The impact of selected antiparasitic and disinfectant agents on the development of hookworm eggs and the survival of hookworm larvae in dogs."Her research focuses primarily on the prevention, diagnosis, and epidemiology of parasitic diseases in companion animals, livestock, and wildlife, with particular emphasis on parasitic zoonoses. She conducts studies on the parasite fauna of both native and exotic non-domesticated animals, with special attention to invasive species. Her work also addresses the issue of anthelmintic resistance in gastrointestinal nematodes of ruminants and dogs. She is actively involved in research on the efficacy of natural and synthetic active substances in the control of parasites of mammals and birds, including the search for novel chemical compounds with antiparasitic potential. Her principal research interest concerns infections caused by nematodes of the Ancylostomatidae family in companion and free-ranging carnivores.She is the author of more than 47 scientific publications, including 33 papers in Category A journals, 11 papers in Category B journals, 3 monographs, 67 presentations at national and international scientific conferences, and 2 patents. Marta Demkowska-Kutrzepa has served as principal investigator of one research project and research team member in four research projects funded by the National Science Centre (NCN), the National Centre for Research and Development (NCBR), and the Ministry of Science and Higher Education (MNiSW). Participant in a COST Action project and a member of the Polish Parasitological Society



Prof. dr hab. Dariusz Gwiazdowicz

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Polska

Prof. dr hab. Dariusz J. Gwiazdowicz jest autorem ponad 500 publikacji naukowych i popularno-naukowych jakie ukazały się w ponad 120 czasopismach, w 25 krajach, z których blisko 150 to prace z listy *Journal Citation Reports*. Ponadto jest autorem dwóch książek naukowych z zakresu akarologii, współautorem 10 podręczników oraz książek popularnonaukowych (np. „Ochrona przyrody", „Estetyka lasu") oraz redaktorem naukowym ponad 50 opracowań książkowych. Realizował projekty badawcze lub zajęcia dydaktyczne w ponad 30 placówkach na wszystkich kontynentach m.in. UNIS, Spitsbergen, Norwegia; Experimental Institute for Agricultural Zoology, Florencja, Włochy; Research Station Panguana, Peru; CSIRO, Canberra, Australia; Shahrekord University, Iran; Hokkaido University, Japonia; Irkutsk State Agrarian University, Rosja; Arctowski Station, Antarktyka; University of Michigan, USA; Ohio State University, USA. Głównymi osiągnięciami naukowymi z zakresu prac taksonomicznych jest opisanie czterech nowych dla nauki rodzajów oraz blisko 50 nowych dla nauki gatunków roztoczy z kilkunastu państw (m.in. Australia, Iran, Meksyk, Norwegia, Peru, Polska, Rosja, USA). Z zakresu zoogeografii ważnym było określenie zasięgu występowania wielu gatunków bezkręgowców począwszy od Arktyki, poprzez lasy Syberii, pustynie Iranu, lasy tropikalne Azji i Ameryki Północnej i Południowej po Antarktykę. Prace z zakresu ekologii były skoncentrowane na wykorzystywaniu bezkręgowców jako bioindykatorów zmian środowiskowych zarówno na terenach polarnych, gdzie ustępują lodowce, jak i w bogatych lasach tropikalnych, które są niszczone pożarami. Istotnymi wynikami z zakresu prac parazytologicznych było zdefiniowanie zagrożeń generowanych przez pasożytnicze roztocze wśród niektórych gatunków jaszczurek, ptaków i ssaków. Ponadto określono potencjalne zagrożenie tych pasożytów dla zdrowia człowieka. Profesor D.J. Gwiazdowicz pełnił lub pełni szereg funkcji jak np. członek Rady Klimatu i Środowiska przy Prezydencie RP, stały doradca Sejmowej Komisji Ochrony Środowiska Zasobów Naturalnych i Leśnictwa, członek Komitetu Polityki Naukowej przy Ministrze Edukacji i Nauki, ekspert Narodowego Centrum Nauki w obszarze badawczym „Nauk o Życiu", koordynator Narodowego Programu Leśnego w panelu „Dziedzictwo", kierownik Katedry Ochrony Lasu i Środowiska Przyrodniczego na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu.

Prof. Dariusz J. Gwiazdowicz is the author of more than 500 scientific and popular science publications published in over 120 journals across 25 countries, nearly 150 of which have appeared in journals indexed in the *Journal Citation Reports*. He is also the author of two scientific books on acarology, co-author of 10 textbooks and popular science books (including *Nature Conservation* and *Forest Aesthetics*), and scientific editor of more than 50 scholarly books and monographs. He has carried out research projects and teaching activities at more than 30 institutions on all continents, including UNIS, Svalbard, Norway; the Experimental Institute for Agricultural Zoology, Florence, Italy; Research Station Panguana, Peru; CSIRO, Canberra, Australia; Shahrekord University, Iran; Hokkaido University, Japan; Irkutsk State Agrarian University, Russia; Arctowski Station, Antarctica; the University of Michigan, USA; and The Ohio State University, USA. His major scientific achievements in taxonomy include the description of four genera and nearly 50 species of mites new to

science, originating from numerous countries, including Australia, Iran, Mexico, Norway, Peru, Poland, Russia, and the USA. In zoogeography, an important aspect of his research has been the determination of the distribution ranges of numerous invertebrate species, from the Arctic, through the forests of Siberia, the deserts of Iran, and the tropical forests of Asia and North and South America, to Antarctica. His ecological research has focused on the use of invertebrates as bioindicators of environmental change, both in polar regions affected by glacier retreat and in biodiverse tropical forests threatened by wildfires. Significant findings in the field of parasitology include the identification of threats posed by parasitic mites to certain species of lizards, birds, and mammals, as well as the assessment of the potential risks these parasites may pose to human health. Professor D. J. Gwiazdowicz has held and continues to hold a number of prominent positions, including Member of the Climate and Environment Council to the President of the Republic of Poland; Permanent Advisor to the Parliamentary Committee on Environmental Protection, Natural Resources and Forestry; Member of the Scientific Policy Committee at the Ministry of Education and Science; Expert of the National Science Centre in the field of Life Sciences; Coordinator of the National Forest Programme within the "Heritage" panel; and Head of the Department of Forest Protection and Natural Environment at Poznań University of Life Sciences.



Prof. dr hab. inż. Paweł Janiszewski

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Polska

Prof. Paweł Janiszewski jest autorem ponad 800 artykułów naukowych, popularno-naukowych, doniesień konferencyjnych i innych opracowań tekstowych. Ponadto jest współautorem 10 pozycji książkowych wydanych w kraju i za granicą. Jego zainteresowania naukowe dotyczą głównie biologii i ekologii wybranych gatunków ssaków dziko żyjących, a największą pasją – nie tylko naukową – jest bóbr europejski Castor fiber. Ceni sobie przede wszystkim badania naukowe realizowane bezpośrednio w terenie, z możliwością ich aplikacyjnego zastosowania w praktyce. W ramach tego opracował m.in. autorską metodą (wraz z niezbędnym osprzętem) montowania urządzeń przelewowych pozwalających na skuteczne regulowanie poziomu wody w rozlewiskach bobrowych, co w efekcie przekłada się na ograniczenie konfliktów „bóbr-człowiek". Została ona zaprezentowana na kongresie IGBB 2017 w Montpellier (Francja) i jest przez niego z powodzeniem stosowana w praktyce. Jest członkiem rad redakcyjnych wielu międzynarodowych czasopism branżowych. Poza członkostwem w kilku organizacjach związanych z jego zainteresowaniami naukowymi jest także współzałożycielem i aktywnym działaczem „Stowarzyszenia na rzecz Racjonalnego Gospodarowania Zwierzyną", z siedzibą w Hluboke nad Vltavą w Republice Czeskiej.

Prof. Paweł Janiszewski is the author of over 800 scientific and popular science articles, conference reports and other text works. Additionally, he is the co-author of 10 books published in Poland and abroad. His scientific interests mainly concern the biology and ecology of selected species of wild mammals, and his greatest passion – not only scientific – is the European beaver Castor fiber. Above all, he values scientific research carried out directly in the field, with the possibility of its practical application. As part of this, he developed, among others: an original method (together with the necessary equipment) of installing overflow devices enabling effective regulation of the water level in beaver pools, which in turn translates into the reduction of "beaver-human" conflicts. It was presented at the IGBB 2017 congress in Montpellier (France) and is successfully used in practice. He is a member of the editorial boards of many international trade journals. In addition to membership in several organizations related to his scientific interests, he is also a co-founder and active activist of the "Association for Rational Game Management", based in Hluboke nad Vltavou in the Czech Republic.



Dr Jakub Kubacki

Krajowa Rada Drobiarstwa – Izba Gospodarcza, Warszawa, Polska

Dr Jakub Kubacki jest lekarzem weterynarii, specjalistą w zakresie higieny zwierząt rzeźnych i żywności pochodzenia zwierzęcego oraz epizootiologii i administracji weterynaryjnej. Od początku kariery zawodowej związany z Inspekcją Weterynaryjną. W latach 2009–2017 pełnił funkcję Powiatowego Lekarza Weterynarii w Pruszkowie, w latach 2018–2020 kierował Zakładem Higieny Weterynaryjnej w Warszawie, a w latach 2024–2025 zajmował stanowisko Zastępcy Głównego Lekarza Weterynarii ds. Zdrowia i Ochrony Zwierząt, Granic oraz Laboratoriów. W latach 2021–2025 związany był również z Głównym Inspektoratem Weterynarii. Obecnie pełni funkcję Dyrektora ds. Weterynarii i Zrównoważonej Produkcji Drobiarskiej w Krajowej Radzie Drobiarstwa – Izbie Gospodarczej. Jest współautorem licznych opracowań oraz współtwórcą narzędzi informatycznych wspierających monitoring i analizę chorób zakaźnych zwierząt. Za zasługi dla rozwoju administracji weterynaryjnej został odznaczony medalem „Zasłużony dla Rolnictwa”.

Dr. Jakub Kubacki is veterinarian, specialist in the hygiene of slaughter animals and food of animal origin, as well as epizootiology and veterinary administration. From the beginning of his professional career, he has been associated with the Veterinary Inspection. From 2009 to 2017, he served as District Veterinary Officer in Pruszków, from 2018 to 2020, he headed the Veterinary Hygiene Department in Warsaw, and from 2024 to 2025, he held the position of Deputy Chief Veterinary Officer for Animal Health and Protection, Borders, and Laboratories. From 2021 to 2025, he was also associated with the Chief Veterinary Inspectorate. He currently serves as the Director for Veterinary Medicine and Sustainable Poultry Production at the National Poultry Council – Chamber of Commerce. He is the co-author of numerous studies and co-creator of IT tools supporting the monitoring and analysis of infectious animal diseases. For his contribution to the development of veterinary administration, he was awarded the Medal of Merit for Agriculture.



Dr Gianluca Marucci

Unit of Foodborne and Neglected Parasitic Diseases, Department of Infectious Diseases, Istituto Superiore diSanità, Rome, Italy

European Union Reference Laboratory for Parasites, Department of Infectious Diseases, Istituto Superiore diSanità, Rome, Italy

Dr Gianluca Marucci jest pracownikiem naukowym w Zakładzie Chorób Zakaźnych w Istituto Superiore di Sanità w Rzymie, we Włoszech. Jest odpowiedzialny za część molekularną Laboratorium Referencyjnego Unii Europejskiej ds. Pasożytów oraz za organizację badań biegłości. Posiada wieloletnie doświadczenie w dziedzinie parazytologii i biologii molekularnej. Jest zaangażowany w badania dotyczące epidemiologii molekularnej związane z pasożytami z rodzaju *Trichinella* oraz badaniami związanymi z wykrywaniem pierwotniaka *Giardia duodenalis*. Jest autorem i współautorem wielu publikacji naukowych. Obecnie aktywnie działa jako członek wykonawczy Międzynarodowej Komisji ds. Włośnicy.

Dr. Gianluca Marucci is a Scientist at the Department of Infectious Diseases of the Istituto Superiore di Sanità of Rome, Italy. Responsible for the molecular section of the European Union Reference Laboratory for Parasites and in charge for the organization of proficiency testing. Multi-year experience in the field of parasitology and molecular biology. Involved in molecular epidemiology studies on helminthic parasites belonging to *Trichinella* genera and in research activity on the protozoa *Giardia duodenalis*. Author and co-author of many scientific publications. Currently executive member of the International Commission on Trichinellosis.



Dr Vasco Menconi

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Italy

Dr Vasco Menconi jest biotechnologiem specjalizującym się w akwakulturze, patologii ryb oraz bezpieczeństwie produktów rybnych i owoców morza. Posiada tytuł licencjata (B.Sc.) w zakresie akwakultury i patologii ryb, tytuł magistra (M.Sc.) w dziedzinie biotechnologii zwierząt oraz tytuł studiów podyplomowych (Master I stopnia) w zakresie akwakultury i ichtiopatologii, wszystkie uzyskane na Uniwersytecie w Bolonii (Włochy). Od 2022 roku pełni funkcję Project Officer w Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (Włochy), gdzie koordynuje międzynarodowe projekty badawcze oraz współpracę w obszarach zdrowia ryb i akwakultury. Jego badania koncentrują się na pasożytach odzwierzęcych przenoszonych przez ryby, nowo pojawiających się patogenach wodnych, podejściu One Health oraz wpływie działalności człowieka na ekosystemy wodne.

Dr. Vasco Menconi is a biotechnologist specializing in aquaculture, fish pathology, and seafood safety. He holds a B.Sc. in Aquaculture and Fish Pathology, an M.Sc. in Animal Biotechnology, and a First-Level Master's degree in Aquaculture and Ichthyopathology, all obtained from the University of Bologna (Italy). Since 2022, he has been serving as a Project Officer at the Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (Italy), where he coordinates international research projects and collaborations in the fields of fish health and aquaculture. His research focuses on fish-borne zoonotic parasites, emerging aquatic pathogens, One Health approaches, and the ecological impacts of human activities on aquatic ecosystems.



Prof. dr hab. n. med. Anna Moniuszko-Malinowska

Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Polska

Prof. Anna Moniuszko-Malinowska jest absolwentką Wydziału Lekarskiego Akademii Medycznej w Białymstoku oraz Szkoły Głównej Handlowej w Warszawie. Jest specjalistką z zakresu chorób wewnętrznych, chorób zakaźnych oraz medycyny morskiej i tropikalnej. Pracę zawodową i naukową rozpoczęła w 2006 roku w Klinice Chorób Zakaźnych i Neuroinfekcji (pod kierownictwem prof. dr hab. Sławomira Pancewicza), gdzie pracuje do dziś, pełniąc funkcję kierownika Kliniki. Pełni także funkcję Prodziekana ds. Nauki i Ewaluacji Kolegium Nauk Medycznych Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku. Jej zainteresowania naukowe obejmują przede wszystkim problematykę patomechanizmów, diagnostyki, profilaktyki i leczenia chorób zakaźnych, zwłaszcza chorób przenoszonych przez kleszcze. Jej dorobek naukowy obejmuje prace o łącznym IF ponad 600. Laureatka Stypendium Polish School of Medicine Memorial Fund, Edynburg, Szkocja, Stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla wybitnych młodych naukowców oraz „Programu Top 500 Innovators Science – Management – Commercialization", University of California, Berkeley, USA.

Prof. Anna Moniuszko-Malinowska is a graduate of the Faculty of Medicine of the Medical Academy in Białystok and the Warsaw School of Economics. She is a specialist in internal medicine, infectious diseases, and marine and tropical medicine. She began her professional and scientific work in 2006 at the Department of Infectious Diseases and Neuroinfections (under the direction of prof. dr hab. Sławomir Pancewicz), where he still works today, serving as the head of the Clinic. He also serves as Deputy Dean for Science and Evaluation of the College of Medical Sciences of the Medical University of Bialystok. Her scientific interests include primarily the issues of pathomechanisms, diagnostics, prevention and treatment of infectious diseases, especially diseases transmitted by ticks. Her scientific achievements include works with a total IF of over 600. Laureate of the Polish School of Medicine Memorial Fund Scholarship, Edinburgh, Scotland, the Scholarship of the Minister of Science and Higher Education for outstanding young scientists and the "Top 500 Innovators Science – Management – Commercialization Program", University of California, Berkeley, USA.



Dr Christine Müller-Graf

German Federal Institute for Risk Assessment, Berlin, Germany

Dr hab. Christine Müller-Graf kieruje Zespołem Epidemiologii, Statystyki i Modelowania Narażenia niemieckiego Federalnego Instytutu Oceny Ryzyka (Bundesinstitut für Risikobewertung, BfR) w Berlinie. Jej działalność naukowa koncentruje się na epidemiologii, metodach statystycznych, ocenie ryzyka oraz opracowywaniu metodologii stosowanych w ocenie ryzyka. Jest również przewodniczącą Komisji BfR ds. Metod Opartych na Dowodach w Ocenie Narażenia i Ryzyka. Dr Christine Müller-Graf studiowała historię, biologię i etnologię na Uniwersytecie we Fryburgu oraz Uniwersytecie Oksfordzkim. Stopień doktora uzyskała na Uniwersytecie Oksfordzkim, specjalizując się w parazytologii, natomiast habilitację przeprowadziła na Université Pierre et Marie Curie w Paryżu. W swojej karierze akademickiej pracowała naukowo w Oksfordzie, Warwick i Perpignan, a także prowadziła zajęcia z parazytologii i ekologii na Université Pierre et Marie Curie, zanim rozpoczęła pracę w Federalnym Instytucie Oceny Ryzyka. Pełniła również funkcję ekspertki w panelach AHAW (Animal Health and Welfare – Zdrowie i Dobrostan Zwierząt) oraz BIOHAZ (Biological Hazards – Zagrożenia Biologiczne) Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA).

Dr Christine Müller-Graf (habil) is in charge of the Epidemiology, Statistics and Exposure Modelling Unit in the exposure department at the German Federal Institute for Risk Assessment (Bundesinstitut für Risikobewertung, BfR) in Berlin. Her scientific work focuses on epidemiology, statistical methods, risk assessment and the development of methodologies for risk assessment. She is also head of the BfR Commission for Evidence-Based Methods in Exposure and Risk Assessment. Dr. Christine Müller-Graf studied history, biology, and ethnology at the University of Freiburg and the University of Oxford. She obtained her doctorate from the University of Oxford, specializing in parasitology and completed her habilitation at Université Pierre et Marie Curie in Paris. Her academic career has included research positions in Oxford, Warwick, and Perpignan, as well as holding a lecturer position in parasitology and ecology at Université Pierre et Marie Curie before joining the Federal Institute of Risk Assessment. She has served as an expert on the AHAW and BIOHAZ panel of the European Food Safety Authority.



Dr Katarzyna Nadolna-Ałtyn

Morski Instytut Rybacki – Państwowy Instytut Badawczy, Gdynia, Polska

Dr Katarzyna Nadolna-Ałtyn jest absolwentką Biologii Morza na wydziale Oceanografii Uniwersytetu Gdańskiego. W 2010 r. rozpoczęła współpracę z Zakładem Zasobów Rybackich MIR-PIB, gdzie pracuje do dziś. W 2015 r. obroniła rozprawę doktorską pt. „Interakcje w układzie żywiciel-pasożyt jako wskaźniki w badaniach biomonitoringowych środowiska Morza Bałtyckiego", skupiając się głównie na badaniach dorszy atlantyckich (*Gadus morhua*) z Bałtyku i nicieni Anisakidae. Od początku pracy w MIR-PIB brała udział w licznych projektach mających na celu: badanie stanu zdrowotnego ryb w Bałtyku i Morzu Norweskim; wykazanie wpływu obecności nicieni *Contracaecum osculatum* na kondycję ryb i stan zasobów dorszy w Morzu Bałtyckim; wskazanie dróg zarażenia ryb nicieniami Anisakidae. Pod kątem występowania nicieni Anisakidae przebadała następujące gatunki ryb: dorsz, łosoś (*Salmo salar*), szprot (*Sprattus sprattus*), stornia (*Platichthys flesus*), belona (*Belone belone*), dobijak (*Hyperoplus lanceolatus*), kur diabeł (*Myoxocephalus scorpius*), motela (*Enchelyopus cimbrius*), szczupak (*Esox lucius*), okoń (*Perca fluviatilis*). Katarzyna Nadolna-Ałtyn bierze udział w projektach międzynarodowych i pracach organizacji międzynarodowych (m.in. ICES, HELCOM), należy m.in. do European Federation of Parasitologists, European Association of Fish Pathologists. Wyniki badań prezentuje w postaci artykułów naukowych i wystąpień konferencyjnych. Główne zainteresowania badawcze Katarzyny Nadolnej-Ałtyn to stan zdrowotny ryb w Bałtyku, ze szczególnym uwzględnieniem gatunków istotnych pod względem konsumpcyjnym oraz występowania zoonotycznych nicieni Anisakidae u tych ryb.

Dr. Katarzyna Nadolna-Ałtyn graduated in Marine Biology from the Faculty of Oceanography at the University of Gdańsk, Poland. In 2010, she began cooperation with the Department of Fisheries Resources, NMFRI, where she continues to work today. In 2015 she defended her doctoral dissertation entitled: „Host-parasite interactions as indicators in biomonitoring of Baltic Sea environment" , focusing mainly on research on Atlantic cod (*Gadus morhua*) from the Baltic Sea and Anisakidae nematodes. Since the beginning of her work at the NMFRI, she has participated in numerous projects aimed at: assessing the health status of fish in the Baltic Sea and the Norwegian Sea; demonstrating the impact of the presence of the nematode *Contracaecum osculatum* on the fish condition and cod stocks status in the Baltic Sea; and identifying transmission pathways of Anisakidae nematodes in fish. With regard to the occurrence of Anisakidae nematodes, she has examined the following fish species: cod, salmon (*Salmo salar*), sprat (*Sprattus sprattus*), flounder (*Platichthys flesus*), garfish (*Belone belone*), great sandeel (*Hyperoplus lanceolatus*), shorthorn sculpin (*Myoxocephalus scorpius*), fourbeard rockling (*Enchelyopus cimbrius*), pike (*Esox lucius*), perch (*Perca fluviatilis*). Katarzyna participates in international projects and the work of international organizations (including ICES, HELCOM). She is also a member of the organizations such as European Federation of Parasitologists, the European Association of Physician Pathologists. She disseminates her research results via scientific articles and conference presentations. Katarzyna's main research interests include the health status of fish in the Baltic Sea, with particular emphasis on species important for human consumption, and the occurrence of zoonotic Anisakidae nematodes in these fish.



Dr Petras Prakas

Laboratory of Molecular Ecology, Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Dr Petras Prakas jest głównym badaczem w Centrum Badań Przyrody od 2021 roku. Jego główne badania koncentrują się na pasożytach Sarcocystis i wraz ze współautorami opisał 18 nowych gatunków Sarcocystis. Jest autorem ponad 100 publikacji naukowych z dziedziny parazytologii, ekologii molekularnej i bezpieczeństwa żywności oraz jest absolwentem Młodej Akademii Litewskiej Akademii Nauk. Jego obecne badania mają na celu: (i) zbadanie cech genetycznych, morfologicznych i ekologicznych pasożytów przenoszonych przez żywność u zwierząt; (ii) ocenę kwestii bezpieczeństwa żywności związanych z pasożytami; oraz (iii) ocenę zmienności genetycznej i struktury populacji zwierząt w kontekście ochrony różnorodności biologicznej, koncepcji One Health i ochrony środowiska. Prowadził kilkanaście krajowych projektów badawczych, nadzorował trzy pomyślnie obronione rozprawy doktorskie, a obecnie nadzoruje czterech doktorantów. Jest członkiem rad redakcyjnych pięciu czasopism naukowych.

Dr. Petras Prakas is a Chief Researcher at the Nature Research Centre since 2021. His main research focus is on *Sarcocystis* parasites, and together with co-authors he has described 18 new *Sarcocystis* species. He has authored more about 100 scientific publications in the fields of parasitology, molecular ecology, and food safety and is an alumnus of the Young Academy of the Lithuanian Academy of Sciences. His current research aims to: (i) investigate the genetic, morphological, and ecological characteristics of foodborne parasites in animals; (ii) evaluate parasite-related food safety issues; and (iii) assess the genetic variation and population structure of animals in the context of biodiversity conservation, the One Health concept, and environmental protection. He has led more than a dozen national research projects, supervised three successfully defended PhD dissertations, and currently supervises four PhD students. He is a member of the editorial boards of five scientific journals.



Dr Martin Richter

Department of Biological Safety, German Federal Institute for Risk Assessment, Berlin, Germany

Dr Martin Rihter jest doktorem nauk farmaceutycznych od 2018 roku pełni funkcję Dyrektora Naukowego i Kierownika Działu „Diagnostyka i charakterystyka patogenów" w Federalnym Instytucie Oceny Ryzyka (BfR) w Berlinie, w Niemczech. W skład jednostki wchodzą laboratoria konsultacyjne ds. *Leptospira, Yersinia, Vibrio* oraz Krajowe Laboratorium Referencyjne ds. włośnicy. Od 2010 r. doradca medyczny i konsultant ds. projektów zabezpieczeń dla Wydziału Medycznego Uniwersytetu w Teksasie (Galveston, Teksas, USA). Dr Martin jest stałym członkiem Komisji ds. Czynników Biologicznych w Niemczech (ABAS) przy Federalnym Ministerstwie Pracy i Spraw Socjalnych (BMAS). Od 2014 r. pełni funkcję Kierownika projektów ds. budowania potencjału w Afryce Zachodniej w celu lepszego przygotowania reakcji na ogniska chorób wysoce zjadliwych, analizy czynników, wykrywanie chorób, możliwości leczenia, ochrona osobista z uwzględnieniem aspektów i granic społecznych, Ebola Framework, Medevac. Obecnie aktywnie działa jako członek w wielu stowarzyszeniach zawodowych, komitetach sterujących i radach doradczych, np.: Amerykańskie Towarzystwo Wirusologiczne (ASV), Amerykańskie Towarzystwo Mikrobiologiczne (ASM), Niemieckie Towarzystwo Farmaceutyczne (DPhG), Grupa Robocza Farmakologia i Toksykologia, Międzynarodowe Towarzystwo Chorób Zakaźnych (ISID), Komitet Naukowy Stowarzyszenie Med-Vet-Net (MVNA), Międzynarodowa Rada Doradcza i Instytut Zarządzania Kryzysowego (ISEMI).

PharmD, PhD Martin Richter is a Scientific Director and Head of Unit "Diagnostics and Pathogen Characterisation" at the Federal Institute for Risk Assessment (BfR) since 2018, in Berlin, Germany. The unit comprises consulting laboratories for *Leptospira*, *Yersinia, Vibrio* and National Reference Laboratory for *Trichinella*. He is medical advisor and containment project expert consultant for the University of Texas Medical Branch in Galveston (USA) since 2010. Where he is responsible for training on government advisory, public health, epidemiology and infectious diseases. Furthermore, he is involved in vaccine and drug development for neglected diseases. Dr Martin is a permanent Member of the Committee for Biological Agents in Germany (ABAS) of the Federal Ministry of Labor and Social Affairs (BMAS) since 2011, where he deales with development of technical rules in usage and handling of biological agents in the workspace (bio-security, bio-safety measures, training requirements for work in BSL2, 3 and 4 laboratories). Head of Capacity Building projects in West Africa to better prepare the response to outbreaks of highly pathogenic diseases, agent analyses, detection of disease, treatment options, personal protection under recognition of social aspects and boundaries, Ebola Framework, Medevac, since 2014.Moreover, author and co-author of many scientific publications. Currently he is a member of many Professional Societies, Steering Committees and Advisory Boards e.g.: American Society of Virology (ASV), American Society of Microbiology (ASM), German Pharmaceutical Society (DPhG), Work group Pharmacology and Toxicology, International Society for Infectious Diseases (ISID), Scientific Committee Med-Vet-Net Association (MVNA), Advisory Board International and Emergency Management Institute (ISEMI).



Dr Selene Rubiola

Department of Veterinary Science, University of Turin, Grugliasco, Turin, Italy

Dr Selene Rubiola ukończyła studia weterynaryjne (DVM) w 2016 roku na Wydziale Nauk Weterynaryjnych Uniwersytetu w Turynie (Włochy), przedstawiając pracę dyplomową badając obecność zoonotycznej przywry *Alaria alata* u lisów rudych. Następnie uzyskałała doktorat z Nauk Weterynaryjnych w zakresie Zdrowia Zwierząt i Bezpieczeństwa Żywności, poruszając w pracy doktorskiej temat zastosowania technologii sekwencjonowania następnej generacji (NGS) do badania obecności genów oporności na antybiotyki w matrycach żywnościowych. W trakcie doktoratu i staży podoktorskich Selene spędziła okresy badawcze na University College Dublin, w Centre for Food Safety (UCD-CFS, Irlandia), w Muséum d'histoire naturelle (MHN) w Genewie (Szwajcaria) oraz w Instytucie Parazytologii Uniwersytetu w Bernie, Wydział Vetsuisse (Szwajcaria). W maju 2024 roku Selene zdobyła Krajową Nagrodę ds. Komunikacji Naukowej za prezentację na temat związku sarkocystozy bydła z eozynofilowym zapaleniem mięśni. Obecnie jest młodszym pracownikiem naukowym (RTDA) w Uniwersytecie w Turynie. Zainteresowania badawcze Selene dotyczą Zdrowia Publicznego Weterynaryjnego, ze szczególnym uwzględnieniem badania patogenów przenoszonych drogą pokarmową oraz zastosowania technologii NGS w bezpieczeństwie żywności. Obecnie zajmuje się głównie parazytologią pokarmową, koncentrując się na pierwotniakach (np. *Sarcocystis* spp.), przywrach i tasiemcach jako pojawiających się i często zaniedbywanych pasożytach przenoszonych drogą pokarmową.

Dr. Selene Rubiola graduated in Veterinary Medicine (DVM) in 2016 at the Department of Veterinary Sciences of the University of Turin (Italy) with a thesis investigating the presence of the zoonotic trematode *Alaria alata* in red foxes. She then completed her PhD in Veterinary Sciences for Animal Health and Food Safety with a thesis focusing on the application of Next Generation Sequencing (NGS) technologies to investigate the presence of antimicrobial-resistance genes in food matrices. During her PhD and Postdoctoral fellowships, Selene spent research periods at the University College Dublin, Centre for Food Safety (UCD-CFS, Ireland), at the Muséum d'histoire naturelle (MHN) of Genève (Switzerland) and at the Institute of Parasitology of the Universität Bern, Vetsuisse faculty (Switzerland). In May 2024, Selene won a National award for Science Communication with a presentation about the association of bovine sarcocystosis and eosinophilic myositis. She is currently a junior researcher (RTDA) at the University of Turin. Selene's research interests lie in Veterinary Public Health, with a special focus on the investigation of foodborne pathogens and on the application of NGS technologies in food safety. She is currently mainly involved in foodborne parasitology, focusing on protozoa (e.g. *Sarcocystis* spp.), trematodes and cestodes as emerging and often neglected foodborne parasites.



Emily Sel, MSc

Department of Veterinary Science, University of Pisa, Pisa, Italy

Mgr Emily Sel jest doktorantką nauk weterynaryjnych w Katedrze Nauk Weterynaryjnych Uniwersytetu w Pizie. W 2021 roku ukończyła studia na kierunku Techniki Hodowli Zwierząt i Edukacja Psów na Uniwersytecie w Pizie, a w 2023 roku uzyskała tytuł magistra biotechnologii zwierząt na Uniwersytecie Bolońskim. W 2025 roku ukończyła studia podyplomowe typu Master w zakresie sądowych analiz chemicznych oraz analiz chemiczno-toksykologicznych na Uniwersytecie Bolońskim. W trakcie swojej edukacji akademickiej pracowała w kilku laboratoriach parazytologii i chorób zakaźnych na Uniwersytetach w Pizie i Bolonii. Jej projekt doktorski koncentruje się na kleszczach, pierwotniakowych chorobach odkleszczowych oraz dzikiej faunie w różnych regionach Włoch. Wykorzystując techniki biologii molekularnej, w tym reakcję PCR oraz sekwencjonowanie nowej generacji (NGS), bada występowanie patogenów przenoszonych przez kleszcze u dzikich zwierząt oraz ocenia ich potencjalny wpływ na zdrowie zwierząt i zdrowie publiczne zgodnie z koncepcją One Health (Jedno Zdrowie).

Emily Sel, MSc is a PhD student in Veterinary Science at the Department of Veterinary Science of University of Pisa. She graduated in Animal Breeding Techniques and Dog Education at the University of Pisa, in 2021, and in Animal Biotechnology at the University of Bologna in 2023. In 2025, she completed a postgraduate Master's programme in Forensic Chemical and Chemical-Toxicological Analysis at the University of Bologna. During her academic training, she worked in several parasitology and transmissible diseases laboratories at the Universities of Pisa and Bologna. Her PhD project focuses on ticks, protozoan tick-borne diseases, and wildlife in different regions of Italy. Using molecular technique, including PCR and next-generation sequencing (NGS), she investigates the occurrence of tick-borne pathogens in wildlife species and evaluates their potential impact on animal and public health within a One Health approach.



Dr hab. Jacek Sroka, profesor instytutu

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy (PIWet-PIB), Puławy, Polska

Zakład Biologicznych Szkodliwości Zdrowotnych i Parazytologii, Instytut Medycyny Wsi im. W. Chodźki, Lublin, Polska

Dr hab. Jacek Sroka jest lekarzem weterynarii, od 2007 r. zatrudnionym w Dziale Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowego Instytutu Weterynaryjnego – PIB w Puławach, obecnie: profesor instytutu. Od 1994 r. zatrudniony w Instytucie Medycyny Wsi im. W. Chodźki w Lublinie, obecnie na stanowisku adiunkt w Zakładzie Biologicznych Szkodliwości Zdrowotnych i Parazytologii. Stopień doktora habilitowanego uzyskał w 2018 r. przedstawiając osiągnięcie dotyczące oceny potencjalnych źródeł zarażenia *Toxoplasma gondii* w Polsce w aspekcie zagrożenia zdrowia ludzi. Promotor 3 doktoratów. Działalność naukowa: badania nad występowaniem *Toxoplasma gondii*, *Cryptosporidium* spp., *Giardia duodenalis* u zwierząt, ludzi i w środowisku; epidemiologia, diagnostyka serologiczna i molekularna, genotypowanie. Osoba kierująca KLR ds. toksoplazmozy. Autor 125 publikacji indeksowanych w Web of Science (h-indeks 26), koordynator kilku projektów finansowanych przez NCN i MRiRW oraz uczestnik projektów europejskich, m.in. ONE Health EJP (TOXOSOURCES, PARADISE), COST Action FA1408. Członek Polskiego Towarzystwa Parazytologicznego.

Dr. Jacek Sroka, Doctor of veterinary medicine, employed at the Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases of the National Veterinary Research Institute in Puławy since 2007, currently as an associated professor. Since 1994, he has also been employed at Institute of Rural Health, Department of Health Biohazards and Parasitology (assistant professor). His PhD thesis: "Studies on *Toxoplasma gondii* occurrence in farm and wild animals from area of Lublin province as a threat to rural inhabitants health" (2005). The post-doctoral degree obtained in 2018 (assessment of potential sources of *Toxoplasma gondii* infection in Poland). Promoter of 3 PhD theses. Scientific activity: research on the occurrence of *Toxoplasma gondii*, *Cryptosporidium* spp., *Giardia duodenalis* in animals, humans and the environment; epidemiology, serological and molecular diagnostics, genotyping. He is responsible for the activities of the NRL for toxoplasmosis in Poland. Author of 125 publications indexed in Web of Science (H index: 26), coordinator of several projects financed by the National Science Centre in Poland and the Ministry of Agriculture and Rural Development, participant of European projects, including ONE Health EJP (TOXOSOURCES, PARADISE), COST Action FA1408. Member of the Polish Parasitological Society.



Dr Gérald Umhang

Anses Nancy Laboratory for Rabies and Wildlife, Malzéville, France

Dr Gérald Umhang po ukończeniu studiów magisterskich z zakresu biotechnologii Gérald Umhang uzyskał stopień doktora nauk o życiu i zdrowiu na Uniwersytecie Paris-Est. Dołączył do AFSSA (która w 2010 roku przekształciła się w Anses) w 2006 roku, a obecnie kieruje zespołem parazytologicznym w laboratorium ds. wścieklizny i dzikiej fauny w Nancy. Jest również odpowiedzialny za funkcjonowanie francuskiego Krajowego Laboratorium Referencyjnego (NRL) ds. *Echinococcus* spp., gdzie zajmuje się głównie opracowywaniem metod analitycznych, szkoleniami, nadzorem epidemiologicznym oraz rozwijaniem ekspertyzy naukowo-technicznej w tej dziedzinie. Przyczynił się do akredytacji metod diagnostyki morfologicznej wykorzystujących jelita oraz metod analiz molekularnych opartych na badaniu tkanek i kału. Jest członkiem komitetu naukowego francuskiego ośrodka referencyjnego ds. bąblowicy u ludzi, członkiem zarządu Francuskiego Towarzystwa Parazytologicznego oraz członkiem Światowego Stowarzyszenia ds. Bąblowicy. Jego działalność naukowa obejmuje również inne rodzaje pasożytów, takie jak *Baylisascaris* spp. i *Angiostrongylus* spp. Uznawany za europejskiego i światowego eksperta w zakresie *Echinococcus* spp., uczestniczył w licznych projektach finansowanych przez Unię Europejską, takich jak ICONZ, EJPOH MEmE oraz ECHINO-SAFE-MED. Jest autorem ponad 90 publikacji w międzynarodowych recenzowanych czasopismach naukowych oraz wygłosił liczne prezentacje na konferencjach parazytologicznych. Jego prace znacząco przyczyniły się do lepszego poznania rozmieszczenia i charakterystyki gatunków *Echinococcus* we Francji, a także do rozwoju licznych międzynarodowych współprac naukowych w tym obszarze. Jego główne kompetencje obejmują wykrywanie pasożytów i epidemiologię molekularną, a także badania nad skażeniem środowiska i żywności przez *Echinococcus*.

Dr. Gérald Umhang after completing a master's degree in biotechnology, Gérald Umhang obtained a PhD in Life and Health Sciences from the University of Paris-Est. He joined AFSSA (which became Anses in 2010) in 2006 and currently heads the parasitology team at the rabies and wildlife laboratory in Nancy. He is also responsible for the French National Reference Laboratory (NRL) for *Echinococcus* spp., where he is mainly involved in developing analytical methods, training, epidemiological surveillance and has developed a scientific and technical expertise on this topic. He has contributed to the accreditation of morphological diagnostic analysis method using intestines and molecular analysis methods using tissue and feces. He is a member of the scientific committee of the human reference center for echinococcosis in France and also member of the board of directors of the French Society of Parasitology and member of the World Association for Echinococcosis. His work also covers others parasitic genus such as *Baylisascaris* spp. and *Angiostrongylus* spp. Recognized as a European and global expert on *Echinococcus* spp., he has participated in numerous European-funded projects such as ICONZ, EJPOH MEmE and ECHINO-SAFE-MED. He is the author of more than 90 publications in international peer-reviewed journals and has given numerous presentations at parasitology conferences. His work has greatly contributed to a better understanding of the distribution and characterization of *Echinococcus* species in France, while developing numerous international collaborations on this subject. His area of expertise mainly concerns detection and molecular epidemiology, as well as environmental and food contamination by *Echinococcus*.

ABSTRAKTY

SESJA I

Międzynarodowe zagrożenie dla zdrowia publicznego związane z *Echinococcus* spp. na styku środowiska dzikich zwierząt, zwierząt domowych i ludzi

Adriano Casulli

European Union Reference Laboratory for Parasites (EURL-P; food safety);
European Union Reference Laboratory for Public Health on Helminths and Protozoa (EURL-PH-HP);
WHO Collaborating Centre for the Epidemiology, Detection and Control of Cystic and Alveolar Echinococcosis (One Health);
Unit of Foodborne and Neglected Parasitic Diseases. Department of Infectious Diseases. Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy

Autor korespondencyjny: adriano.casulli@iss.it

Echinokokoza torbielowata (CE) i echinokokoza alweolarna (AE) są zaniedbanymi chorobami odzwierzęcymi, których występowaniu sprzyjają złożone cykle transmisji obejmujące dzikie zwierzęta, zwierzęta domowe, ludzi oraz środowisko. Najnowsze dane wskazują, że zarówno CE, wywoływana przez *Echinococcus granulosus* sensu lato (s.l.), jak i AE, wywoływana przez *E. multilocularis*, nadal stanowią istotny problem zdrowia publicznego w Europie i poza nią. Dokonano syntezy najnowszych danych epidemiologicznych dotyczących transmisji *E. multilocularis* i *E. granulosus* s.l., integrując dane pochodzące z przeglądów systematycznych dotyczących zarażeń zwierząt i ludzi w Europie z wynikami badań kliniczno-kontrolnych oraz przekrojowych, w których analizowano zanieczyszczenie środowiska i drogi transmisji na obszarach endemicznych Europy i Ameryki Południowej. Najnowsze dane europejskie wskazują na utrzymujące się i zróżnicowane występowanie *E. multilocularis* w populacjach dzikich zwierząt, ze wzrostem prewalencji na kilku obszarach endemicznych oraz wykrywaniem pasożyta w regionach i u gatunków żywicieli, u których wcześniej nie był notowany. Jednocześnie systematyczny nadzór nad przypadkami AE u ludzi pozwolił zidentyfikować około 4200 przypadków w 28 krajach europejskich w latach 1997–2023, przy czym dane wskazują na istnienie dwóch głównych ognisk epidemiologicznych — w regionie alpejskim i bałtyckim. W przypadku CE w Europie w latach 1997–2020 zidentyfikowano ponad 64 000 przypadków u ludzi, a kraje Europy Południowo-Wschodniej stanowią obecnie główny obszar koncentracji epidemiologicznej tej choroby. Dane z Ameryki Południowej wskazują ponadto, że jaja *E. granulosus* zanieczyszczają różne elementy środowiska, co przemawia za zmianą dotychczasowego paradygmatu i postrzeganiem CE jako zarażenia przenoszonego przez środowisko, związanego z „ryzykiem na poziomie społeczności" (*community risk*), na które może być narażona ludność.Wyniki te podkreślają konieczność rozpatrywania CE i AE z perspektywy One Health. Zintegrowany nadzór obejmujący komponent ludzki, weterynaryjny i środowiskowy ma kluczowe znaczenie dla wykrywania geograficznego rozszerzania się zasięgu tych chorób, identyfikowania obszarów o szczególnie intensywnej transmisji, charakterystyki narażenia środowiskowego na poziomie społeczności oraz opracowywania ukierunkowanych strategii zapobiegania i zwalczania.

International public health concern on *Echinococcus* spp. at the wildlife–domestic animal–human interface

Adriano Casulli

European Union Reference Laboratory for Parasites (EURL-P; food safety);
European Union Reference Laboratory for Public Health on Helminths and Protozoa (EURL-PH-HP);
WHO Collaborating Centre for the Epidemiology, Detection and Control of Cystic and Alveolar Echinococcosis (One Health);
Unit of Foodborne and Neglected Parasitic Diseases. Department of Infectious Diseases. Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy.

Corresponding author: adriano.casulli@iss.it

Cystic echinococcosis (CE) and alveolar echinococcosis (AE) are neglected zoonotic diseases sustained by complex transmission cycles involving wildlife, domestic animals, humans, and the environment. Recent evidence indicates that both CE, caused by *Echinococcus granulosus* sensu lato (s.l.), and AE, caused by *E. multilocularis*, remain important public health concerns in Europe and beyond.
Recent epidemiological evidence on *E. multilocularis* and *E. granulosus s.l.* transmission was synthesised, integrating data from systematic reviews of animal and human infections in Europe with case-control and cross-sectional studies investigating environmental contamination and transmission pathways in endemic areas of Europe and South America.
Recent European evidence demonstrates persistent and heterogeneous circulation of *E. multilocularis* in wildlife, with increased prevalence in several endemic areas and detection in previously unreported regions and host species. In parallel, systematic surveillance of human AE identified around 4,200 cases in 28 European countries during 1997–2023, with evidence suggesting two major epidemiological epicentres in the Alpine and Baltic regions. For CE, more than 64,000 human cases were identified in Europe during 1997–2020, with southeastern European countries representing the current epidemiological epicentre. Evidence from South America further indicates that *E. granulosus* eggs contaminate multiple environmental matrices, supporting a paradigm shift towards considering CE as an environmentally borne infection associated with a "community risk" to which people may be exposed.
These findings highlight the need to address CE and AE from a One Health perspective. Integrated surveillance combining human, veterinary, and environmental components is essential to detect geographic expansion, identify transmission hotspots, characterise community-level environmental exposure, and guide targeted prevention and control strategies.

Echinokokoza w Europie wobec nowych zagrożeń i wyzwań związanych z kontrolą

Gérald Umhang

Anses Nancy Laboratory for Rabies and Wildlife, Malzéville, France

Autor korespondencyjny: gerald.umhang@anses.fr

Echinokokoza alweolarna i echinokokoza jednojamowa stanowią istotne problemy zdrowia publicznego w Europie, jednak nadal należą do chorób zaniedbanych, a w szczególności niedostatecznie efektywnie zgłaszane są przypadki zachorowań u ludzi. Znane obszary endemicznego występowania *E. multilocularis* w Europie obejmują obecnie kraje zarówno północnej, jak i południowej części kontynentu, przy czym pasożyt jest szeroko rozpowszechniony w Europie Wschodniej. Sytuacja ta odzwierciedla znaczny wzrost liczby osób narażonych na zarażenie. Od 2000 roku obserwuje się tendencję wzrostową liczby przypadków zachorowań u ludzi zarówno na historycznie znanych, jak i nowo rozpoznanych obszarach endemicznych. Zmiany liczebności populacji lisa rudego, w połączeniu z ekspansją innych gatunków dzikich psowatych oraz potencjalnym stwierdzeniem większej różnorodności kompetentnych żywicieli pośrednich, zmieniły dotychczasowy obraz transmisji pasożyta i wpłynęły na dynamikę jego rozmieszczenia przestrzennego.
W ciągu ostatnich 20 lat na obszarach historycznie związanych z występowaniem echinokokozy jednojamowej u ludzi, zwłaszcza w krajach południowej części regionu śródziemnomorskiego, odnotowano tendencję spadkową liczby przypadków. Obecnie za główne europejskie epicentrum tej choroby należy natomiast uznać Bałkany. Jednocześnie kraje nieendemiczne muszą mierzyć się ze wzrostem liczby przypadków, najprawdopodobniej związanym z migracjami ludności.
Oprócz stosowanych obecnie metod zwalczania, takich jak odrobaczanie zwierząt mięsożernych czy szczepienia owiec, nowa sytuacja epidemiologiczna stwarza dodatkowe wyzwania w zakresie kontroli obu tych chorób. Pozyskanie nowych danych dotyczących względnego udziału poszczególnych źródeł zarażenia człowieka, z uwzględnieniem gatunku pasożyta oraz obszaru geograficznego, powinno umożliwić opracowanie bardziej precyzyjnych strategii zwalczania i zapobiegania. Strategie te powinny również uwzględniać wpływ zmian klimatu oraz opierać się na podejściu One Health.

Echinococcus in Europe facing emerging risks and new control challenges

Gérald Umhang

Anses Nancy Laboratory for Rabies and Wildlife, Malzéville, France

Corresponding author: gerald.umhang@anses.fr

Alveolar echinococcosis and cystic echinococcosis are major public health problems in Europe, yet they remain neglected, with human cases, in particular, being underreported. The known endemic areas of *E. multilocularis* in Europe now encompass countries in both the north and south, with a strong presence in the east, reflecting a significant increase in the number of people at risk. Since 2000, rising trends in human cases have been recorded in both historical and newly recognized endemic areas. Changes in red fox populations, combined with the expansion of other wild canid species and the potential identification of a greater diversity of competent intermediate hosts, have reshaped the previously known landscape of parasitic transmission and impacted the spatial distribution dynamics of the parasite.

Declining trends in human cystic echinococcosis cases have been recorded over the last 20 years in historical areas, notably the southern Mediterranean countries, whilst the Balkans should now be considered the current European epicentre. At the same time, non-endemic countries had to manage an increase in cases, most likely due to population movements.

In addition to existing control measures such as deworming carnivores or sheep vaccination, this new epidemiological landscape presents new challenges for the control of these two diseases. Gathering new data on the relative contribution of different sources of human infection, depending on the parasite species and geographical areas, should enable the development of more precise control and prevention strategies. This must also take climate change into account and be based on a One Health approach.

Pasożyty tworzące cysty u zwierząt gospodarskich i dziczyzny: zagrożenia zoonotyczne i pojawiające się wyzwania

Selene Rubiola, Edoardo Buffa, Francesco Chiesa

University of Turin, Department of Veterinary Sciences, Turin, Italy

Autor korespondencyjny: selene.rubiola@unito.it

Cysty pasożytnicze oraz zmiany o charakterze torbielowatym mogą być wykrywane podczas badania poubojowego (*post-mortem*) zwierząt gospodarskich i łownych. Mogą one stanowić zagrożenie zoonotyczne związane ze spożyciem mięsa, jak w przypadku *Taenia saginata* i *Taenia solium*, lub być związane z zoonozami przenoszonymi za pośrednictwem środowiska, takimi jak zarażenia *Echinococcus* spp. Inne inwazje pasożytnicze nie mają charakteru zoonotycznego, jednak mogą wpływać na przydatność tusz lub narządów do spożycia oraz utrudniać diagnostykę. Celem pracy jest przegląd znaczenia tego rodzaju zmian w badaniu mięsa oraz przedstawienie wyników zintegrowanego dochodzenia dotyczącego ogniska wągrzycy bydła. Po wielokrotnym wykrywaniu podczas uboju zmian podejrzewanych o obecność wągrów *T. saginata* u bydła pochodzącego z fermy opasowej we Włoszech w latach 2024–2025 przebadano 78 serc. Zmiany sklasyfikowano makroskopowo, poddano badaniu metodą PCR oraz sekwencjonowaniu. Czterdzieści pięć sztuk bydła monitorowano za pomocą testu ELISA wykrywającego antygeny: po przybyciu do gospodarstwa, trzy miesiące później oraz podczas uboju. Pracowników gospodarstwa oraz próbki środowiskowe przebadano w kierunku *T. saginata*. W większości serc stwierdzono zmiany zdegenerowane lub zwapniałe, natomiast żywe wągry wykryto u sześciu zwierząt. Obecność *T. saginata* potwierdzono we wszystkich zmianach badanych metodą PCR. Odsetek zwierząt seropozytywnych wzrósł z 11% w momencie przybycia do gospodarstwa do 31% po trzech miesiącach, a następnie zmniejszył się do 13% w momencie uboju. U jednego z pracowników gospodarstwa uzyskano wynik dodatni i wdrożono leczenie, natomiast wszystkie próbki środowiskowe były ujemne. Wyniki badań serologicznych wskazywały na ekspozycję zarówno przed przybyciem zwierząt do gospodarstwa, jak i po nim. Wzrost odsetka zwierząt seropozytywnych w okresie opasu, wraz z wykryciem nosiciela, był zgodny z możliwością transmisji pasożyta na terenie gospodarstwa. Identyfikacja zmian torbielowatych wymaga uwzględnienia gatunku żywiciela, lokalizacji anatomicznej oraz obrazu makroskopowego zmian, a także przeprowadzenia odpowiednich badań epidemiologicznych i laboratoryjnych. Takie zintegrowane podejście umożliwia właściwą ocenę ryzyka oraz podejmowanie decyzji w ramach badania i oceny mięsa.

Cyst-forming parasites in livestock and game meat: zoonotic risks and emerging challenges

Selene Rubiola, Edoardo Buffa, Francesco Chiesa

University of Turin, Department of Veterinary Sciences, Turin, Italy

Corresponding author: selene.rubiola@unito.it

Parasitic cysts and cyst-like lesions can be detected during *post-mortem* inspection of livestock and game animals. They may represent meat-borne zoonotic hazards, such as *Taenia saginata* and *Taenia solium*, or environmentally transmitted zoonoses, such as *Echinococcus* spp. Other infections are not zoonotic but may affect the suitability of carcasses or organs and complicate diagnosis.
This work aims to review their significance for meat inspection and presents an integrated investigation of a bovine cysticercosis outbreak.
After putative *T. saginata* cysticerci were repeatedly detected at slaughter in cattle from beef finishing farm in Italy in 2024–2025, 78 hearts were examined. Lesions were classified macroscopically, tested by PCR and sequenced. Forty-five cattle were monitored by antigen-detection ELISA on arrival, three months later and at slaughter. Farm workers and environmental samples were tested for *T. saginata*.
Most hearts contained degenerated or calcified lesions, while viable cysts were found in six. *T. saginata* was confirmed in all lesions examined by PCR. Seropositivity increased from 11% on arrival to 31% after three months and decreased to 13% at slaughter. One farm worker tested positive and was treated, while all environmental samples were negative. The serological findings indicated exposure both before and after arrival. The increase in seropositivity during the finishing period, together with the detection of a carrier, was consistent with transmission on the farm.
Identification of cystic lesions requires consideration of host species, anatomical location and gross appearance, supported by epidemiological and laboratory investigations to inform risk assessment and meat-inspection decisions.

SESJA II

Włośnica w Chorwacji: lekcje z przeszłości i wyzwania współczesności

Davor Balić[1], Ivan Mlinarić[2], Sanja Kurečić Filipović[2], Iva Pem Novosel[2], Lucija Stupar[3]

[1]Croatian Veterinary Institute, Veterinary Department Vinkovci, Diagnostic Laboratory-NRL for parasites (genus *Trichinella*), Vinkovci, Croatia
[2] Croatian Institute of Public Health, Communicable Disease Epidemiology Division, Zagreb, Croatia
[3] Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries, Veterinary Directorate, Zagreb, Croatia

Autor korespondencyjny: balic@veinst.hr

Niniejsza prezentacja przedstawia sytuację epidemiologiczną dotyczącą włośnicy oraz sytuację epizootiologiczną zarażeń *Trichinella* w Chorwacji na przestrzeni ostatnich 30 lat, ze szczególnym uwzględnieniem aktualnej działalności Krajowego Laboratorium Referencyjnego (NRL) ds. *Trichinella* oraz przyszłych kierunków badań. Dane dotyczące przypadków włośnicy u ludzi uzyskano z Chorwackiego Instytutu Zdrowia Publicznego, natomiast dane weterynaryjne dotyczące zarażeń *Trichinella* u świń domowych, dzików oraz innych zwierząt łownych zostały udostępnione przez Ministerstwo Rolnictwa, Leśnictwa i Rybołówstwa. Krajowe Laboratorium Referencyjne, działające w strukturach Chorwackiego Instytutu Weterynaryjnego, analizuje te dane oraz prowadzi badania nad występowaniem pasożyta u zwierząt domowych i dzikich. Dane epidemiologiczne wskazują, że największą liczbę przypadków włośnicy u ludzi odnotowano w 1998 roku, kiedy zarejestrowano 575 zachorowań, podczas gdy w trzech latach ostatniej dekady (2016–2025) nie stwierdzono żadnego przypadku. Podobną tendencję obserwowano w odniesieniu do zarażeń *Trichinella* u świń, których najwyższą liczbę odnotowano w 2000 roku – wynik dodatni uzyskano wówczas u 4478 świń. Po wprowadzeniu strategicznych zmian w zakresie środków zwalczania liczba zarażeń *Trichinella* u świń drastycznie się zmniejszyła, a w ubiegłym roku zarejestrowano zaledwie pięć przypadków. Pomimo poprawy skuteczności zwalczania zarażeń w cyklu synantropijnym, cykl sylwatyczny nadal stanowi aktywny rezerwuar pasożyta, dlatego monitoring dzikich gatunków pozostaje jednym z kluczowych obszarów działań. Na szczególną uwagę zasługują wstępne wyniki projektu badawczego „TICAH", wskazujące na szakala złocistego jako najważniejszy naturalny rezerwuar *Trichinella*. Prewalencja zarażenia u tego gatunku wynosi 27%, czemu towarzyszy jego szerokie rozmieszczenie geograficzne i duża liczebność populacji. Podsumowując, włośnica pozostaje jedną z najczęściej występujących pasożytniczych chorób odzwierzęcych u ludzi w Chorwacji. Pomimo skutecznego ograniczenia zarażeń u świń domowych, cykl sylwatyczny nadal stanowi praktycznie niewyczerpany rezerwuar *Trichinella,* co podkreśla konieczność prowadzenia ciągłego nadzoru oraz dalszych badań.

Trichinellosis in Croatia: lessons from the past and challenges of the present

Davor Balić[1], Ivan Mlinarić[2], Sanja Kurečić Filipović[2], Iva Pem Novosel[2], Lucija Stupar[3]

[1]Croatian Veterinary Institute, Veterinary Department Vinkovci, Diagnostic Laboratory-NRL for parasites (genus *Trichinella*), Vinkovci, Croatia
[2] Croatian Institute of Public Health, Communicable Disease Epidemiology Division, Zagreb, Croatia
[3] Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries, Veterinary Directorate, Zagreb, Croatia

Corresponding author: balic@veinst.hr

This presentation outlines the epidemiological situation of trichinellosis and the epizootiological situation of *Trichinella* infection in Croatia over the past 30 years, highlighting the current activities of the National Reference Laboratory (NRL) for *Trichinella* and future research directions. Data on human trichinellosis were collected from the Croatian Institute of Public Health, while veterinary data regarding *Trichinella* infection in domestic pigs, wild boars, and other game were provided by the Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries. The NRL, operating within the Croatian Veterinary Institute, analyzes these data and researches parasite prevalence in domestic and wild animals. Epidemiological records show that human trichinellosis cases peaked in 1998 with 575 cases, whereas three years in the last decade (2016–2025) saw zero cases. Similarly, porcine *Trichinella* infections peaked in 2000 with 4,478 positive pigs. Following a strategic change in control measures, *Trichinella* infection in pigs drastically declined, resulting in only five registered cases last year. While control within the domestic cycle has improved, the sylvatic cycle remains an active reservoir; therefore, the monitoring of wild species remains a key focus. Notably, preliminary results from the "TICAH" research project identify the golden jackal as the largest natural reservoir of *Trichinella*, showing a 27% prevalence alongside high distribution and abundance. In conclusion, trichinellosis remains one of the most common human parasitic zoonosis in Croatia. While controlled effectively in domestic pigs, the sylvatic cycle continues to act as an inexhaustible reservoir for *Trichinella* infection, emphasizing the need for ongoing surveillance and research.

Zwierzęta mięsożerne – strategiczny rezerwuar i wektor włośnicy w Polsce

Jakub Kubacki [1], Aneta Bełcik [2], Weronika Korpysa-Dzirba [2], Ewelina Antolak [2], Aneta Gontarczyk [2], Martyna Chojecka [2], Ewa Bilska-Zając [2]

[1]Krajowa Rada Drobiarstwa – Izba Gospodarcza, Warszawa, Polska

[2] Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: med.vet@epf.pl

Wolno żyjące zwierzęta mięsożerne odgrywają istotną rolę w utrzymywaniu sylwatycznego cyklu rozwojowego *Trichinella* spp. Celem badań była ocena występowania włośni, ich rozmieszczenia geograficznego oraz składu gatunkowego u wybranych gatunków dzikich ssaków w Polsce.
Analizie poddano 771 próbek mięśni pochodzących od lisów rudych (*Vulpes vulpes*, n = 408), jenotów (*Nyctereutes procyonoides*, n = 241), borsuków europejskich (Meles meles, n = 96) oraz szopów praczy (*Procyon lotor*, n = 26). Próbki badano metodą wytrawiania zgodnie z normą PN-EN ISO 18743:2015/A1, a wykryte larwy identyfikowano gatunkowo metodą multiplex PCR.
Obecność *Trichinella* spp. stwierdzono u 68 zwierząt (8,82%). Najwyższy odsetek wyników dodatnich odnotowano u lisów (10,05%) i jenotów (9,96%), niższy u szopów praczy (3,85%) i borsuków (2,08%). Wśród dodatnich próbek zidentyfikowano *T. britovi* (53 przypadki), *T. spiralis* (12 przypadków) oraz inwazje mieszane obu gatunków (3 przypadki). Najwięcej wyników dodatnich uzyskano w województwach zachodniopomorskim (24) i warmińsko-mazurskim (12).
Uzyskane wyniki potwierdzają, że *Trichinella* spp. pozostaje szeroko obecna w środowisku sylwatycznym w Polsce, a dzikie ssaki odgrywają istotną rolę w utrzymywaniu cyklu pasożyta**.** Lis rudy i jenot stanowią szczególnie istotne rezerwuary *Trichinella* spp., na co wskazuje wynoszący około 10%, odsetek zarażonych zwierząt w obu badanych grupach. Monitoring lisów i jenotów powinien stanowić istotne uzupełnienie nadzoru epidemiologicznego nad *Trichinella* spp., szczególnie na obszarach o wysokiej częstości występowania pasożyta.

Carnivorous animals - a strategic reservoir and vector of trichinellosis in Poland

Jakub Kubacki [1], Aneta Bełcik [2], Weronika Korpysa-Dzirba [2], Ewelina Antolak [2], Aneta Gontarczyk [2], Martyna Chojecka [2], Ewa Bilska-Zając [2]

[1]Polska National Poultry Council – Chamber of Commerce, Warsaw, Poland

[2] Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases, and Aquatic Animal Diseases National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: med.vet@epf.pl

Free-ranging carnivores play an important role in maintaining the sylvatic cycle of *Trichinella* spp. The aim of this study was to assess the occurrence, geographical distribution, and species composition of *Trichinella* spp. in selected wild mammal species in Poland.

A total of 771 muscle samples were examined, including samples from red foxes (*Vulpes vulpes*, n = 408), raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoides*, n = 241), European badgers (*Meles meles*, n = 96), and raccoons (*Procyon lotor*, n = 26). The samples were examined using the digestion method in accordance with PN-EN ISO 18743:2015/A1, and the recovered larvae were identified to species level using multiplex PCR.

Trichinella spp. were detected in 68 animals (8.82%). The highest proportions of positive animals were recorded in red foxes (10.05%) and raccoon dogs (9.96%), followed by raccoons (3.85%) and European badgers (2.08%). Among the positive samples, *T. britovi* was identified in 53 cases, *T. spiralis* in 12 cases, and mixed infections with both species in three cases. The highest numbers of positive animals were recorded in the West Pomeranian (n = 24) and Warmian-Masurian (n = 12) voivodeships.

The results confirm that *Trichinella* spp. remain widely present in the sylvatic environment in Poland and that wild mammals play an important role in maintaining the parasite cycle. Red foxes and raccoon dogs represent particularly important reservoirs of *Trichinella* spp., as indicated by an infection rate of approximately 10% in both groups. Monitoring of red foxes and raccoon dogs should constitute an important component of epidemiological surveillance of *Trichinella* spp., particularly in areas with a high occurrence of the parasite.

Trichinella spiralis w Europie – zmienność genetyczna odkrywana z użyciem Trich-tracker

Ewa Bilska-Zając[1], Annette Johne[2], Davor Balic[3], Laurentiu Mihai Ciupescu[4], Weronika Korpysa-Dzirba[1], Aneta Bełcik[1], Tomasz Cencek[1]

[1] Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy,Puławy, Polska
[2] German Federal Institute for Risk Assessment, Unit Diagnostics, Pathogen Characterisation and Foodborne Parasites, Department Biological Safety, Berlin, Germany
[3]Croatian Veterinary Institute, Veterinary Department Vinkovci, Vinkovci, Croatia
[4] Institute for Hygiene and Veterinary Public Health, Bucharest, Romania

Autor korespondencyjny: ewa.bilska@piwet.pulawy.pl

Trichinella spiralis jest nicieniem odpowiedzialnym za większość przypadków włośnicy u ludzi na świecie. Chociaż tradycyjnie uznawano ten gatunek za charakteryzujący się bardzo niewielką zmiennością genetyczną, opracowanie w ostatnich latach metody Trich-tracker (1) po raz pierwszy umożliwiło wykrywanie subtelnych różnic pomiędzy izolatami. Celem niniejszego badania było określenie struktury genetycznej populacji *T. spiralis* pochodzących z różnych regionów Europy z wykorzystaniem metody ddRADseq, obejmującej analizę wielu losowo wybranych loci rozmieszczonych w genomie pasożyta. Analiza filogenetyczna wykazała znaczną różnorodność genetyczną pomiędzy izolatami *T. spiralis* pochodzącymi z Polski, Niemiec, Chorwacji i Rumunii. W obrębie niektórych kladów izolaty grupowały się zgodnie z ich pochodzeniem geograficznym, szczególnie w przypadku Polski i Niemiec, co może wskazywać na występowanie lokalnych populacji oraz ograniczony przepływ genów. Izolaty pochodzące z Europy Południowej (Chorwacji i Rumunii) często tworzyły odrębne lub peryferyjne gałęzie drzewa filogenetycznego, co sugeruje regionalne zróżnicowanie genetyczne. Obecność kladów obejmujących izolaty pochodzące z różnych krajów i od różnych gatunków żywicieli wskazuje na możliwość rozprzestrzeniania się pasożyta na duże odległości, potencjalnie w wyniku migracji dzikich zwierząt lub działalności człowieka. Wyniki te potwierdzają, że wysokorozdzielcze dane uzyskane metodą ddRADseq umożliwiają wykrywanie subtelnych wzorców zróżnicowania genetycznego, pozwalając na wnioskowanie o pokrewieństwie genetycznym pomiędzy izolatami, które pozostałoby niewykryte przy zastosowaniu pojedynczych markerów molekularnych.

Referencje:

1. Bilska–Zając, E., Rosenthal, B., Thompson, P. Trich-tracker – a practical tool to trace *Trichinella spiralis* transmission based on rapid, cost-effective sampling of genome-wide genetic variation, International Journal for Parasitology, 2022, 52(2–3), 145-155.

Trichinella spiralis in Europe - genetic diversity revealed using Trich-tracker

Ewa Bilska-Zając[1], Annette Johne[2], Davor Balic[3], Laurentiu Mihai Ciupescu[4], Weronika Korpysa-Dzirba[1], Aneta Bełcik[1], Tomasz Cencek[1]

[1] Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases, and Aquatic Animal Diseases National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland
[2] German Federal Institute for Risk Assessment, Unit Diagnostics, Pathogen Characterisation and Foodborne Parasites, Department Biological Safety, Berlin, Germany
[3]Croatian Veterinary Institute, Veterinary Department Vinkovci, Vinkovci, Croatia
[4] Institute for Hygiene and Veterinary Public Health, Bucharest, Romania

Corresponding author: ewa.bilska@piwet.pulawy.pl

Trichinella spiralis is a nematode responsible for the majority of human trichinellosis cases worldwide. Although it has traditionally been considered a species with very low genetic variability, the recent development of the Trich-tracker method (1) has for the first time enabled detection of subtle differences among isolates. The aim of this study was to investigate the genetic structure of *T. spiralis* populations from different regions of Europe using ddRADseq, analyzing multiple randomly selected loci across the parasite's genome. Phylogenetic analysis revealed significant genetic diversity among *T. spiralis* isolates from Poland, Germany, Croatia, and Romania. Within certain clades, isolates grouped according to geographic origin, particularly for Poland and Germany, which may reflect local populations and limited gene flow. Isolates from southern Europe (Croatia, Romania) often formed distinct or peripheral branches of the tree, suggesting regional genetic divergence. The presence of clades containing isolates from different countries and hosts indicates the potential for long-distance parasite dispersal, possibly driven by wildlife migration or human activities. These results confirm that high-resolution ddRADseq data allow the detection of subtle genetic patterns enabling inferences about their genetic relationships that would remain undetected using single molecular markers.

Referencje:

1. Bilska–Zając, E., Rosenthal, B., Thompson, P. Trich-tracker – a practical tool to trace *Trichinella spiralis* transmission based on rapid, cost-effective sampling of genome-wide genetic variation, International Journal for Parasitology, 2022, 52(2–3), 145-155.

Wprowadzenie do oceny ryzyka na przykładach z zakresu parazytologii

Christine Müller-Graf[1], Maira Mateusa[2,3]

[1] German Federal Institute for Risk Assessment (1), Berlin, Germany
[2] Institute of Food Safety, Animal Health and Environment "BIOR", Riga, Latvia
[3] Faculty of Veterinary Medicine, University of Life Sciences and Agriculture, Jelgava, Latvia

Autor korespondencyjnny: Christine.Mueller-Graf@bfr.bund.de

Ocena ryzyka jest stosowana w obszarze bezpieczeństwa żywności i obejmuje podejścia jakościowe, ilościowe oraz półilościowe. W niniejszym opracowaniu przedstawiono przegląd tych metodologii oraz zaprezentowano ich zastosowanie na przykładach dotyczących pasożytów. Przedstawiono studium przypadku dotyczące *Trichinella* spp. – nicienia przenoszonego drogą pokarmową i mającego znaczenie zoonotyczne, który w wyniku spożycia niedogotowanego mięsa może powodować u ludzi długotrwałe objawy kliniczne. Opracowano jakościowy model ryzyka w celu analizy całkowitego ryzyka zarażenia populacji w Niemczech i na Łotwie larwami *Trichinella* spp. W związku ze spożywaniem mięsa dzika. W celu oszacowania prawdopodobieństwa wystąpienia określonej koncentracji pasożytów oraz ich częstości występowania opracowano scenariusz uwzględniający czynniki wpływające na prawdopodobieństwo zarażenia. Dla każdego parametru oceniono zmienność danych oraz niepewność oszacowań. Przedstawione przykłady ilustrują również zastosowanie jakościowej oceny ryzyka jako narzędzia umożliwiającego przejrzystą komunikację. Ponadto przedstawiono ilościowy model ryzyka dotyczący *Trichinella* spp. Model ten uwzględnia zależności dawka–odpowiedź oraz symulacje stochastyczne w celu oszacowania prawdopodobieństwa zarażenia. Łącznie przedstawione przykłady pokazują, w jaki sposób zarówno jakościowe, jak i ilościowe narzędzia oceny ryzyka mogą być wykorzystywane do komunikowania złożonych zagrożeń parazytologicznych, potencjalnego identyfikowania luk w danych oraz wspierania podejmowania decyzji w zakresie zarządzania ryzykiem w obszarze bezpieczeństwa żywności.

Introduction to risk assessment with examples from parasitology

Christine Müller-Graf[1], Maira Mateusa[2,3]

[1] German Federal Institute for Risk Assessment (1), Berlin, Germany
[2] Institute of Food Safety, Animal Health and Environment "BIOR", Riga, Latvia
[3] Faculty of Veterinary Medicine, University of Life Sciences and Agriculture, Jelgava, Latvia

Corresponding author: Christine.Mueller-Graf@bfr.bund.de

Risk assessment is used in the area of food safety encompassing qualitative, quantitative and semi-quantitative approaches. This contribution provides an overview of these methodologies and demonstrates their application to parasitological examples.
We present a case study on *Trichinella* spp. a food-borne, zoonotic nematode that causes long-term clinical manifestations in humans through the consumption of under-cooked meat. A qualitative risk model to analyse the overall risk for the populations in Germany and Latvia getting infected with *Trichinella* spp. larvae from consuming wild boar meat has been developed. To estimate the probability of concentration and prevalence, a scenario was created with factors influencing the probability of infection. For each parameter, data variability and uncertainty were assessed. The examples furthermore illustrate the use of qualitative risk assessment as a tool for transparent communication. In addition, a quantitative risk model for *Trichinella* spp. is introduced. This model integrates dose-response relationships and stochastic simulations to estimate the probability of infection.
Together, the examples show how both qualitative and quantitative risk-assessment tools can be employed to communicate complex parasitological hazards, potentially identify critical data gaps, and support evidence-based risk management in the food-safety domain.

SESJA III

Wpływ zmian klimatu na patogeny przenoszone przez żywność, czyli szacowanie szacunków

Martin H. Richter, Mirjam S. Schoch

German Federal Institute for Risk Assessment, Berlin, Germany

Autor korespondencyjny: Martin.Richter@bfr.bund.de

Temperatura, opady, wilgotność oraz właściwości gleby są ważnymi czynnikami środowiskowymi wpływającymi na rozprzestrzenianie się i przeżywalność patogenów zoonotycznych. Zmiany tych czynników środowiskowych w wyniku zmian klimatu, takie jak utrzymujące się podwyższone temperatury otoczenia, intensywne opady deszczu, ale także niedobory wody, mogą przyczyniać się do rozprzestrzeniania się i przeżywalności patogenów. Zmiany klimatu mogą zatem wywierać coraz większy wpływ na ponad połowę wszystkich chorób zakaźnych. Dotyczy to nie tylko już występujących, tj. endemicznych, czynników zakaźnych; zmiany klimatyczne sprzyjają również pojawianiu się nowych czynników zakaźnych (*emergence*), jak również ponownemu pojawianiu się patogenów, których występowanie w przeszłości było ograniczone (*re-emergence*). Przykładowo, w przyszłości rolnictwo może być zmuszone do częstszego wykorzystywania oczyszczonych ścieków do nawadniania ze względu na niedobory wody, które będą nasilane przez zmiany klimatu. Stwarza to szereg zagrożeń dla bezpieczeństwa żywności, w tym zanieczyszczenie nawadnianych produktów różnymi rodzajami patogenów. Z kolei intensywne opady deszczu mogą przyczyniać się do rozprzestrzeniania czynników zakaźnych, w tym między innymi patogenów przenoszonych przez wodę. Kolejnym istotnym zagadnieniem jest to, że dane naukowe dotyczące zmian klimatu często muszą opierać się na analizach prognostycznych, aby umożliwić lepsze zrozumienie potencjalnych przyszłych skutków. Dlatego ważne jest, aby wiedzieć, w jaki dokładnie sposób przeprowadzono daną prognozę, np. z wykorzystaniem modelowania predykcyjnego. Jednak prognozy dotyczące przyszłego wpływu zmian klimatu w przeszłości nie zawsze opierały się wyłącznie na aktualnie dostępnych zbiorach danych, lecz uwzględniały scenariusze najgorszego lub najlepszego przypadku, często bez uwzględnienia scenariuszy pośrednich. Przedstawimy przegląd dostępnych dowodów naukowych pochodzących z wcześniej opublikowanych danych naukowych oraz danych z aktualnych badań autorów, odnosząc się również do wpływu danych klimatycznych na poszczególne mikroorganizmy. Ostatecznie zmiany klimatu mogą odgrywać istotną rolę w rozprzestrzenianiu się chorób zakaźnych, co ma znaczące konsekwencje dla zdrowia publicznego, w tym zdrowia konsumentów. Aby przeciwdziałać zdrowotnym skutkom zmian klimatu, kluczowe jest, aby rządy i organizacje traktowały priorytetowo działania w zakresie adaptacji i odporności, oparte na odpowiednio wyważonym połączeniu danych faktycznych i analiz prognostycznych.

Impact of climate change on (foodborne) pathogens or estimating the estimate

Martin H. Richter, Mirjam S. Schoch

German Federal Institute for Risk Assessment, Berlin, Germany

Corresponding author: Martin.Richter@bfr.bund.de

Temperature, precipitation, humidity, and soil properties are important environmental factors that influence the spread and survival of zoonotic pathogens. Changes in these environmental factors as a result of climate change, such as permanently elevated ambient temperatures, heavy rainfall, but also water scarcity, may contribute to the spread and survival of pathogens. Climate change may thus exert an increasing influence on more than half of all infectious diseases. This is not only true for already existing, i.e., endemic, infectious agents; climatic changes also favor the establishment of infectious agents (emergence) as well as the return of pathogens confined in the past (re-emergence). For example, in the future, agriculture may have to rely more frequently on treated wastewater for irrigation due to water scarcity, which will be exacerbated by climate change. This poses a number of risks to food safety, including contamination of irrigated produce by various types of pathogens. Conversely, heavy rainfall my contribute to the spread of agents including but not limited to water borne pathogens.
Another topic of interest is that climate change-related scientific data must often rely on prediction analyses in order to gain a better understanding of potential future impacts. Hence, it is important to know how exactly a prediction e.g., via predictive modeling was conducted. However, predictions on future climate impact in the past have not always relied on currently available data sets alone but included worst or best-case scenarios often with a lack for middle ground. We will give an overview of available scientific evidence from previously published scientific data and data from current studies of the authors, also addressing the impact of climate data on particular microorganisms. Lastly, climate change may play a profound role in the spread of infectious diseases with significant implications for public health including consumer health. In order to address the health impacts of climate change, it is crucial for governments and organizations to prioritize adaptation and resilience measures based on a well-balanced composition of factual data and prediction analyses.

Szopy pracze – rosnąca populacja i związane z nią zagrożenia

Dariusz J. Gwiazdowicz

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań, Polska

Autor korespondencyjny: dariusz.gwiazdowicz@up.poznan.pl

Szop pracz jest inwazyjnym gatunkiem obcym, który ze względu na brak skutecznej strategii zarządzania populacją i brak naturalnych wrogów, dynamicznie rozszerza swój zasięg występowania w całej Polsce. Jego szybka ekspansja, duża elastyczność ekologiczna i bliskie sąsiedztwo człowieka sprawiają, że jest on coraz częściej postrzegany nie tylko jako gatunek stanowiący zagrożenie dla rodzimej fauny (głównie poprzez niszczenie gniazd i lęgów ptaków), ale także jako potencjalne zagrożenie epidemiologiczne. Szopy mogą pełnić zarówno funkcję rezerwuarów, jak i wektorów patogenów bakteryjnych, wirusowych oraz pasożytów. W 2024 roku, we współpracy z Polskim Związkiem Łowieckim, zainicjowano projekt badawczy mający na celu zbadanie endo- i ektopasożytów szopa pracza. Analizy parazytologiczne wykazały obecność glisty szopiej *Baylisascaris procyonis* (Nematoda: Ascarididae), która stanowi istotne zagrożenie dla zdrowia ludzi. Larwy tego pasożyta mogą migrować do oka lub mózgu, powodując potencjalnie zagrażającą życiu baylisaskariozę ośrodkowego układu nerwowego. Ponadto, u wszystkich badanych osobników (n=15) regularnie wykrywano wszy szopie *Trichodectes octomaculatus* (Phthiraptera: Trichodectidae). Chociaż intensywność inwazji była bardzo zróżnicowana, odnotowano wszystkie stadia rozwojowe tego gatunku. Ponadto, często wykrywano stadia nimfalne kleszcza *Ixodes ricinus* (Acari: Ixodidae), który jest stałym elementem parazytofauny wielu gatunków ssaków w Polsce. Badanie pozornie zdrowej skóry, bez widocznych śladów inwazji pasożytniczej, doprowadziło do odkrycia nowego dla nauki gatunku należącego do nużeńcowatych. Izdebska i in. (2025) opisali ten gatunek jako *Demodex procyonis* (Acari: Demodecidae). Odkrycie nieznanego wcześniej gatunku pasożyta wskazuje na niedostateczną wiedzę na temat pasożytów szopów, co stanowi dodatkową motywację do dalszych badań.

Referencje:

1. Izdebska J.N., Rolbiecki L., Faleńczyk-Koziróg K., Gwiazdowicz D.J. 2025. A new Demodecidae mite (Acariformes: Prostigmata) parasitizing the raccoon *Procyon lotor* (Carnivora: Procyonidae), an invasive species in Europe. Insects, 16, 1218.

Raccoons – a growing population and associated threats

Dariusz J. Gwiazdowicz

Poznań University of Life Sciences, Poznań, Poland

Corresponding author: dariusz.gwiazdowicz@up.poznan.pl

The raccoon is an invasive alien species that, due to the lack of an effective population management strategy and the absence of natural enemies, is rapidly expanding its range throughout Poland. Its rapid expansion, high ecological flexibility, and close proximity to humans mean that it is increasingly perceived not only as a species posing a threat to native fauna (primarily through the destruction of bird nests and broods), but also as a potential epidemiological threat. In 2024, in cooperation with the Polish Hunting Association, a research project was initiated to investigate the endo- and ectoparasites of the raccoon. Parasitological analyses revealed the presence of the raccoon roundworm *Baylisascaris procyonis*, which poses a significant health risk to humans. The larvae of this parasite can migrate into the eye or brain, causing potentially life-threatening baylisascariasis of the central nervous system. Furthermore, the raccoon louse *Trichodectes octomaculatus*, was regularly detected in all examined individuals (n=15). Although the intensity of infestation varied considerably, all developmental stages of this species were recorded. Additionally, the nymphal stages of tick *Ixodes ricinus* has been frequently detected, a permanent parasitofauna element of many mammal species in Poland. Examination of apparently healthy skin, showing no visible signs of parasitic infestation, resulted in the discovery of a species new to science belonging to the family Demodecidae. Izdebska and co-workers described this species as *Demodex procyonis*. The discovery of previously unknown parasite species indicates insufficient knowledge of raccoon parasites, which is an additional motivation to develop further research.

References:

1. Izdebska J.N., Rolbiecki L., Faleńczyk-Koziróg K., Gwiazdowicz D.J. 2025. A new Demodecidae mite (Acariformes: Prostigmata) parasitizing the raccoon *Procyon lotor* (Carnivora: Procyonidae), an invasive species in Europe. Insects, 16, 1218.

Dynamika populacji dzikich zwierząt w zmieniającym się świecie: wpływ człowieka, konsekwencje ekologiczne i nowe zagrożenia zdrowotne

Paweł Janiszewski

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydział Bioinżynierii Zwierząt, Katedra Hodowli Zwierząt Futerkowych i Łowiectwa, Olsztyn, Polska

Autor korespondencyjny: janisz@uwm.edu.pl

Wiele gatunków zwierząt łownych, jak i chronionych w ostatnich dziesięcioleciach wyraźnie zwiększyło liczebność na terenie Polski. Cześć z nich może być źródłem cennego surowca konsumpcyjnego, jakim jest dziczyzna. Celem pracy było przeanalizowanie świadomości konsumenckiej dotyczącej potencjalnego zagrożenia zoonozami związanego ze pożywaniem dziczyzny, przy zwiększającej się podaży tego surowca.
Analizę przeprowadzono w oparciu o przedmiotową literaturę naukową oraz dane statystyczne dotyczące zmian liczebności i redukcji zwierząt w Polsce.
W okresie 2010-2025 stan liczebny jelenia szlachetnego i daniela zwyczajnego w Polsce zwiększył się o ponad 50%, co determinowało także wzrost pozyskania tej zwierzyny. Wieloletnia akcja informacyjna propagująca spożywanie dziczyzny (m.in. PZŁ, PIWET, LP) oraz łatwiejsza jej dostępność na krajowym rynku (np. punkty sprzedaży bezpośredniej) spowodowały większe spożycie tego typu mięsa. Jednocześnie wśród osób konsumujących dziczyznę aż około 90% uważa ją za mięso bezpieczne zdrowotnie [1].
Poza gatunkami łownymi w latach 2015-2019 odstrzelono także ponad 5100 bobrów. Brak jest oficjalnych danych o przeznaczeniu tusz, jednak część z nich mogła zostać wykorzystana kulinarnie. W analogicznym okresie stosunkowo liczne prace naukowe propagowały mięso z bobra, jako surowiec kulinarny [2, 3]. Jednak publikowane są także doniesienia stwierdzające obecność włośni u tego gatunku [4, 5]. Mimo, że są to sporadyczne przypadki, nie wskazujące bezpośredniego zagrożenia dla ludzi, to informacja taka nie pojawia się w procedurach związanych z wydawaniem pozwoleń na redukcję.
W oparciu o powyższe przykłady sugeruje się skoordynowanie działań informacyjnych dotyczących bezpieczeństwa zdrowotnego dziczyzny, pochodzącej zarówno od zwierząt łownych jak i chronionych, przez wszystkie zainteresowane instytucje: m.in. służbę weterynaryjną, placówki naukowe, jednostki administracji odpowiedzialne za gospodarowanie populacjami zwierząt dziko żyjących.

Referencje:

1. Kilar J., Ruda M., Kilar M. 2016. Dziczyzna: co o niej wiedzą i czy ją jedzą mieszkańcy Podkarpacia. Wydawnictwo Państwowej Wyższej Szkoły Zawodowej w Krośnie, 100 pp.
2. Florek M., Domaradzki P., Drozd L., Skałecki P., Tajchman K. 2017. Proximate composition and physicochemical properties of European beaver (*Castor fiber* L.) meat. Meat Sciences 123, 8–12.
3. Żochowska-Kujawska J., Lachowicz K., Sobczak M., Bienkiewicz G., Tokarczyk G., Kotowicz M., Machcińska E. 2016. Compositional characteristics and nutritional quality of European beaver (*Castor fiber* L.) meat and its utility for sausage production. Czech Journal of Food Sciences 34, 87-92.
4. Różycki M., Bilska-Zając E., Kochanowski M., Grądziel-Krukowska K., Zdybel J., Karamon J., Wiśniewski J, Cencek T. 2019. First case of *Trichinella spiralis* infection in beavers (*Castor fiber*) in Poland and Europe. International Journal of Parasitology: Parasites and Wildlife 11, 46-49.
5. Seglina, Z., Bakasejevs, E., Deksne, G., Spungis, V., Kurjusina, M., 2015. New finding of *Trichinella britovi* in a European beaver (*Castor fiber*) in Latvia. Parasitology Research 114, 3171–3173.

Wildlife population dynamics in a changing world: human impact, ecological consequences, and new health risks

Paweł Janiszewski

University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Faculty of Animal Bioengineering, Department of Fur-bearing Animal Breeding and Game Management, Olsztyn, Poland

Corresponding author: janisz@uwm.edu.pl

The populations of many game and protected animals have increased significantly in Poland over recent decades. Some of these may serve as a source of a valuable food product. The aim of this study was to analyse consumer awareness regarding the potential risk of zoonoses associated with the consumption of game meat, given the increasing supply of this product.
The analysis was carried out on the basis of the relevant scientific literature and statistical data concerning changes in population numbers and harvesting of animals in Poland.
Between 2010 and 2025, the population of Red deer and Fallow deer in Poland increased by over 50%, which also led to a rise in the harvest of this species. Long-term information campaigns promoting the consumption of game meat, conducted by many organizations, together with improved availability of the product, have contributed to increase of its consumption. At the same time, among those who consume venison, as many as approximately 90% consider it to be safe for health [1].
In addition to game species, over 5,100 beavers were culled between 2015 and 2019. There are no official data on the use of the carcasses, although some of them may have been used for culinary purposes. During the same period, a relatively large number of scientific studies promoted beaver meat as a culinary ingredient [2, 3]. However, reports have also been published confirming the presence of *Trichinella* in this species [4, 5]. Although these are sporadic cases, indicating no direct threat to humans, such information does not feature in the procedures relating to the issuing of culling permits.
Based on the above examples, it is suggested that all relevant authorities, including the veterinary service, scientific institutions and administrative bodies responsible for the management of wild animal populations, should coordinate their information campaigns regarding the health safety of game meat, both from hunted and protected animals.

References:

1. Kilar J., Ruda M., Kilar M. 2016. Dziczyzna: co o niej wiedzą i czy ją jedzą mieszkańcy Podkarpacia. Wydawnictwo Państwowej Wyższej Szkoły Zawodowej w Krośnie, 100 pp.
2. Florek M., Domaradzki P., Drozd L., Skałecki P., Tajchman K. 2017. Proximate composition and physicochemical properties of European beaver (*Castor fiber* L.) meat. Meat Sciences 123, 8–12.
3. Żochowska-Kujawska J., Lachowicz K., Sobczak M., Bienkiewicz G., Tokarczyk G., Kotowicz M., Machcińska E. 2016. Compositional characteristics and nutritional quality of European beaver (*Castor fiber* L.) meat and its utility for sausage production. Czech Journal of Food Sciences 34, 87-92.
4. Różycki M., Bilska-Zając E., Kochanowski M., Grądziel-Krukowska K., Zdybel J., Karamon J., Wiśniewski J, Cencek T. 2019. First case of *Trichinella spiralis* infection in beavers (*Castor fiber*) in Poland and Europe. International Journal of Parasitology: Parasites and Wildlife 11, 46-49.
5. Seglina, Z., Bakasejevs, E., Deksne, G., Spungis, V., Kurjusina, M., 2015. New finding of *Trichinella britovi* in a European beaver (*Castor fiber*) in Latvia. Parasitology Research 114, 3171–3173.

SESJA IV

SESJA KRÓTKICH PREZENTACJI *"NAUKI WETERYNARYJNE W ROZKWICIE"*

Short presentations – Veterinary Science on the Rise

Skoordynowana przebudowa ultrastrukturalna mikrośrodowiska wątroby podczas migracji larw *Trichinella spiralis* u myszy szczepu BALB/c

Julia Dąbrowska[1], Monika Dybicz[1], Natalia Dąbrowska[2], Hanna Wiśniewska[3], Maria Doligalska[4]

[1] Katedra Biologii Ogólnej i Parazytologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska
[2] Studenckie Koło Naukowe, Katedra Biologii Ogólnej i Parazytologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska
[3] Studenckie Koło Naukowe Herba, Zakład Biologii Farmaceutycznej, Wydział Farmaceutyczny, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska
[4] Zakład Parazytologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, Polska

Autor korespondencyjny: julia.dabrowska@wum.edu.pl

Wątroba stanowi przejściowe miejsce bytowania larw *Trichinella spiralis* podczas ich ogólnoustrojowej migracji. Pomimo tego, że narząd ten nie jest miejscem docelowego rozwoju larw, odpowiedź komórkowa i ultrastrukturalna tkanki wątrobowej w tej fazie zarażenia pozostaje stosunkowo słabo poznana. Dotychczasowe badania koncentrowały się przede wszystkim na zmianach zapalnych i histopatologicznych, natomiast kompleksowa charakterystyka ultrastrukturalnej organizacji mikrośrodowiska wątroby podczas migracji larw nie została dotychczas przedstawiona. Celem niniejszego badania była szczegółowa charakterystyka ultrastrukturalnej odpowiedzi zrazika wątrobowego na zarażenie *T. spiralis* w fazie migracji larw.
Myszy szczepu BALB/c zarażono doświadczalnie 400 lub 800 larwami mięśniowymi *T. spiralis*. Próbki wątroby poddano analizie z wykorzystaniem mikroskopii świetlnej oraz transmisyjnej mikroskopii elektronowej. Ocenie poddano zmiany ultrastrukturalne w obrębie hepatocytów, komórek Kupffera, zatok wątrobowych, przestrzeni okołozatokowej, komórek gwiaździstych wątroby oraz kanalików żółciowych. Analiza mikroskopowa nie wykazała istotnych różnic zależnych od dawki zarażenia pomiędzy dwoma grupami myszy. Odpowiedź wątroby charakteryzowała się skoordynowanymi zmianami obejmującymi wiele przedziałów komórkowych i strukturalnych narządu. Komórki Kupffera wykazywały cechy zwiększonej aktywności fagocytarnej i wydzielniczej, na co wskazywała obecność licznych lizosomów, dobrze rozwiniętej siateczki śródplazmatycznej szorstkiej oraz licznych filopodiów cytoplazmatycznych. W obrębie mikrośrodowiska zatokowego obserwowano nasilone interakcje międzykomórkowe, poszerzenie przestrzeni okołozatokowej oraz zmiany ultrastrukturalne sugerujące przebudowę macierzy zewnątrzkomórkowej. Komórki gwiaździste wątroby charakteryzowały się dobrze rozwiniętą siateczką śródplazmatyczną szorstką oraz obecnością kropli lipidowych, co może wskazywać na ich aktywację w odpowiedzi na zachodzące procesy przebudowy tkankowej. W hepatocytach obserwowano wyraźną reorganizację organelli komórkowych, obejmującą poszerzenie cystern siateczki śródplazmatycznej szorstkiej, zwiększone gromadzenie kropli lipidowych oraz zmienione rozmieszczenie ziaren glikogenu. Szczególnie widoczne były zmiany w obrębie mitochondriów, obejmujące ich obrzęk, niejednorodną organizację grzebieni mitochondrialnych oraz obecność parakrystalicznych wtrętów wewnątrzmitochondrialnych. W obrębie kanalików żółciowych stwierdzono obrzęk mikrokosmków oraz zmiany w obrębie ich światła, co może wskazywać na przejściowe zaburzenia organizacji i polaryzacji hepatocytów. Przeprowadzone badanie przedstawiają zintegrowany obraz ultrastrukturalnej odpowiedzi wątroby podczas fazy migracyjnej zarażenia *T. spiralis* wskazując na skoordynowaną przebudowę mikrośrodowiska wątrobowego obejmującą komórki układu odpornościowego, struktury związane z macierzą zewnątrzkomórkową oraz organelle odpowiedzialne za metabolizm hepatocytów. Uzyskane wyniki potwierdzają, że mimo tego iż wątroba nie stanowi narządu docelowego dla rozwoju i długotrwałego przebywania larw *T. spiralis*, ich przejściowa obecność podczas migracji może wywoływać złożoną odpowiedź komórkową jak i zmiany związane z przebudową strukturalną oraz adaptacją metaboliczną hepatocytów. Obserwowane zmiany mogą odzwierciedlać mechanizmy adaptacyjne umożliwiające utrzymanie lub przywrócenie homeostazy wątroby po przejściowej ekspozycji na migrujące larwy.

Coordinated ultrastructural remodeling of the hepatic microenvironment during the migration of *Trichinella spiralis* larvae in BALB/c mice

Julia Dąbrowska[1], Monika Dybicz[1], Natalia Dąbrowska[2], Hanna Wiśniewska[3], Maria Doligalska[4]

[1] Katedra Biologii Ogólnej i Parazytologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska
[2] Studenckie Koło Naukowe, Katedra Biologii Ogólnej i Parazytologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska
[3] Studenckie Koło Naukowe Herba, Zakład Biologii Farmaceutycznej, Wydział Farmaceutyczny, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska
[4] Zakład Parazytologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, Polska

Corresponding author: julia.dabrowska@wum.edu.pl

The liver represents a transient site of exposure during the systemic migration of *Trichinella spiralis* larvae; however, the cellular response of hepatic tissue during this phase remains poorly characterized. Previous studies have mainly focused on inflammatory and histopathological alterations, while the ultrastructural organization of the hepatic microenvironment during larval migration has not been comprehensively described. The aim of this study was to characterize the ultrastructural response of the hepatic lobule during experimental *T. spiralis* infection.

BALB/c mice were experimentally infected with 400 or 800 *T. spiralis* muscle larvae. Liver samples were examined using light microscopy and transmission electron microscopy. Ultrastructural alterations were evaluated in hepatocytes, Kupffer cells, sinusoidal structures, the perisinusoidal compartment, hepatic stellate cells and bile canaliculi.

Light microscopy and transmission electron microscopy revealed no significant dose-dependent differences between mice infected with 400 and 800 larvae. The hepatic response was characterized by coordinated alterations affecting multiple cellular compartments. Kupffer cells exhibited features of enhanced phagocytic and secretory activity, including abundant lysosomes, developed rough endoplasmic reticulum and numerous cytoplasmic filopodia. The sinusoidal microenvironment showed increased cellular interactions, widening of the perisinusoidal space and ultrastructural features consistent with extracellular matrix remodeling. Hepatic stellate cells displayed prominent rough endoplasmic reticulum and lipid droplets, suggesting activation associated with tissue remodeling responses. Hepatocytes exhibited marked organelle reorganization, including dilatation of rough endoplasmic reticulum, accumulation of lipid droplets, altered glycogen distribution and prominent mitochondrial remodeling characterized by swelling, heterogeneous cristae organization and intramitochondrial paracrystalline inclusions. Alterations of bile canaliculi, including microvillar swelling and luminal changes, indicated transient disturbances of hepatocellular polarity.

This study provides an integrated ultrastructural characterization of hepatic responses during the migratory phase of *T. spiralis* infection. The observed changes indicate coordinated remodeling of the hepatic microenvironment involving immune cells, extracellular matrix-associated compartments and hepatocellular metabolic organelles. These findings suggest that although the liver is not a target organ for larval establishment, transient exposure to migrating larvae induces a complex cellular adaptation response that may contribute to restoration of hepatic homeostasis.

Występowanie przeciwciał przeciwko *Toxoplasma gondii, Neospora caninum* i *Sarcoptes scabiei* u dzików w Polsce

Ewelina Barbara Czyżewska-Dors[1], Ewa Piekutowska-Nóżka[2], Katarzyna Podgórska[2]

[1]Katedra Chorób Wewnętrznych i Diagnostyki, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań, Polska
[2]Dział Wirusologii i Chorób Wirusowych Zwierząt, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: ewelina.dors@up.poznan.pl

Celem badania była ocena występowania przeciwciał przeciwko *Toxoplasma gondii, Neospora caninum* i *Sarcoptes scabiei* u dzików (*Sus scrofa*) w Polsce oraz identyfikacja czynników związanych z seropozytywnością [1-3]. Badaniem objęto 184 dziki odstrzelone na terenie 21 okręgów łowieckich Polskiego Związku Łowieckiego. Próbki surowicy badano w kierunku swoistych przeciwciał przeciwko *T. gondii*, *N. caninum* i *S. scabiei* z zastosowaniem komercyjnych testów ELISA. Dodatkowo w badaniu oceniono związek między seropozytywnością a płcią, grupą wiekową oraz zagęszczeniem populacji dzików. W celu identyfikacji czynników związanych z seropozytywnością zastosowano wieloczynnikową regresję logistyczną. Przeciwciała przeciwko *T. gondii* wykryto u 54/184 (29,3%) dzików, przeciwko *S. scabiei* u 35/184 (19,0%), natomiast przeciwko *N. caninum* u 18/184 (9,8%). Wiek był istotnie związany z seropozytywnością wobec *T. gondii* (p = 0,009); dziki w wieku 1–2 lat miały niższą szansę seropozytywności niż osobniki dorosłe (>2 lat) (OR = 0,50; 95% CI: 0,25–0,99; p = 0,047). W przypadku *S. scabiei* wzrost zagęszczenia populacji o jednego dzika na 1000 ha wiązał się z 10% większą szansą seropozytywności (OR = 1,10; 95% CI: 1,02–1,20; p = 0,021). W przypadku *N. caninum* nie stwierdzono istotnych związków między analizowanymi czynnikami a seropozytywnością.

Obecność swoistych przeciwciał wskazuje na ekspozycję dzików na wszystkie trzy badane pasożyty, przy czym najwyższą seroprewalencję odnotowano w przypadku *T. gondii*. Związek seropozytywności wobec *T. gondii* z wiekiem oraz *S. scabiei* z zagęszczeniem populacji dzików sugeruje odmienne uwarunkowania epidemiologiczne ekspozycji na badane pasożyty. Wyniki podkreślają znaczenie monitorowania populacji dzików w ramach podejścia One Health, szczególnie w kontekście ryzyka transmisji badanych pasożytów na pograniczu populacji zwierząt dzikich, zwierząt domowych i ludzi.

Referencje:

1. Witkowski L, Czopowicz M, Nagy DA, Potarniche AV, Aoanei MA, Imomov N, et al. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* in wild boars, red deer and roe deer in Poland. Parasite. 2015;22. https://doi.org/10.1051/parasite/2015017.
2. Karamati SA, Effatpanah H, Khodayari MT, Shiee MR, Davari A, Faraji R, et al. Global Prevalence of *Neospora caninum* in Domestic Pigs (*Sus domesticus*) and Wild Boars (*Sus scrofa*): A Systematic Review and Meta-Analysis. Vet Med Sci. 2025;11. https://doi.org/10.1002/vms3.70207.
3. Haas C, Origgi FC, Rossi S, López-Olvera JR, Rossi L, Castillo-Contreras R, et al. Serological survey in wild boar (*Sus scrofa*) in Switzerland and other European countries: *Sarcoptes scabiei* may be more widely distributed than previously thought. BMC Vet Res. 2018;14. https://doi.org/10.1186/s12917-018-1430-3.

Occurrence of antibodies against *Toxoplasma gondii*, *Neospora caninum*, and *Sarcoptes scabiei* in wild boars in Poland

Ewelina Barbara Czyżewska-Dors[1], Ewa Piekutowska-Nóżka[2], Katarzyna Podgórska[2]

[1]Department of Internal Diseases and Diagnostics, Poznan University of Life Sciences, Poznań, Poland
[2]Department of Virology and Viral Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Pulawy, Poland

Corresponding author: ewelina.dors@up.poznan.pl

The aims of this study were to assess the occurrence of antibodies against *Toxoplasma gondii*, *Neospora caninum*, and *Sarcoptes scabiei* in wild boars (*Sus scrofa*) in Poland and to identify factors associated with seropositivity. The study included 184 wild boars culled across 21 hunting districts of the Polish Hunting Association. Serum samples were tested for specific antibodies against *T. gondii*, *N. caninum*, and *S. scabiei* using commercial ELISA kits. Associations between seropositivity and sex, age group, and wild boar population density were evaluated. Factors associated with seropositivity were identified using multivariable logistic regression. Antibodies against *T. gondii* were detected in 54/184 (29.3%) wild boars, antibodies against *S. scabiei* in 35/184 (19.0%), and antibodies against *N. caninum* in 18/184 (9.8%). Age was significantly associated with *T. gondii* seropositivity ($p = 0.009$); subadults aged 1–2 years had lower odds of seropositivity than adults aged >2 years (OR = 0.50; 95% CI: 0.25–0.99; $p = 0.047$). For *S. scabiei*, an increase in population density of one wild boar per 1,000 ha was associated with 10% higher odds of seropositivity (OR = 1.10; 95% CI: 1.02–1.20; $p = 0.021$). No significant associations were found between the analyzed factors and *N. caninum* seropositivity.
The presence of specific antibodies indicates exposure of wild boars to all three investigated parasites, with the highest seroprevalence observed for *T. gondii*. The association of *T. gondii* seropositivity with age and that of *S. scabiei* seropositivity with wild boar population density suggest differences in the epidemiological determinants of exposure to the investigated parasites. These findings emphasize the importance of monitoring wild boar populations within a One Health framework, particularly in the context of the risk of transmission of the investigated parasites at the wildlife–domestic animal–human interface.

References:

1. Witkowski L, Czopowicz M, Nagy DA, Potarniche AV, Aoanei MA, Imomov N, et al. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* in wild boars, red deer and roe deer in Poland. Parasite. 2015;22. https://doi.org/10.1051/parasite/2015017.
2. Karamati SA, Effatpanah H, Khodayari MT, Shiee MR, Davari A, Faraji R, et al. Global prevalence of *Neospora caninum* in domestic pigs (*Sus domesticus*) and wild boars (*Sus scrofa*): a systematic review and meta-analysis. Veterinary Medicine and Science. 2025;11. https://doi.org/10.1002/vms3.70207.
3. Haas C, Origgi FC, Rossi S, López-Olvera JR, Rossi L, Castillo-Contreras R, et al. Serological survey in wild boar (*Sus scrofa*) in Switzerland and other European countries: *Sarcoptes scabiei* may be more widely distributed than previously thought. BMC Veterinary Research. 2018;14. https://doi.org/10.1186/s12917-018-1430-3.

Ameby wolnożyjące jako „konie trojańskie” patogenów – ogniwo na styku środowisko–zwierzę

Edyta B. Hendiger-Rizo, Magdalena Chmielewska-Jeznach, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik

Pracownia Parazytologii, Zakład Biologii Medycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska

Autor korespondencyjny: edyta.hendiger@wum.edu.pl

Ameby wolnożyjące (FLA) są powszechnymi składnikami ekosystemów wodnych i glebowych. Oprócz własnego potencjału patogennego mogą stanowić gospodarzy dla mikroorganizmów opornych na trawienie wewnątrzkomórkowe. Zjawisko to, określane jako mechanizm „konia trojańskiego”, może mieć szczególne znaczenie w środowiskach współdzielonych przez zwierzęta dzikie i hodowlane [1].
Dokonano przeglądu piśmiennictwa dotyczącego interakcji FLA z mikroorganizmami o znaczeniu weterynaryjnym, ze szczególnym uwzględnieniem ich przeżywalności w środowisku oraz potencjalnej roli FLA jako rezerwuarów mikroorganizmów.
FLA mogą chronić pochłonięte bakterie przed niekorzystnymi warunkami środowiska, a w niektórych przypadkach umożliwiać ich namnażanie [2]. Szczególnie interesującym przykładem jest *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP). Wykazano przeżywanie MAP wewnątrz ameb oraz obecność FLA zawierających żywe MAP w glebie nawożonej zakażoną gnojowicą [2]. MAP wykryto również w amebach wyizolowanych ze środowiska bydła [3]. Interakcje z FLA mogą ponadto sprzyjać selekcji cech umożliwiających mikroorganizmom przeżywanie w komórkach fagocytujących [4;5].
Ameby wolnożyjące mogą stanowić niedoceniany rezerwuar środowiskowy mikroorganizmów istotnych dla zdrowia zwierząt. Ich obecność w wodzie, glebie i biofilmach wskazuje na potencjalną rolę FLA jako ekologicznego ogniwa na styku środowiska zwierząt dzikich i hodowlanych oraz uzasadnia uwzględnienie ich w badaniach prowadzonych zgodnie z koncepcją One Health.

Referencje:

1. Greub G., Raoult D. (2004). Clin Microbiol Rev. 17:413–433.
2. Salgado M. et al. (2015). Vet Microbiol. 175:26–34.
3. Samba-Louaka A. et al. (2018). Front Cell Infect Microbiol. 8:28.
4. Mura M. et al. (2006). Appl Environ Microbiol. 72:854–859.
5. Drancourt M. et al. (2010). Clin Microbiol Infect. 16:1144–1149.

Free-living amoebae as “trojan horses” of pathogens – a link at the environment–animal interface

Edyta B. Hendiger-Rizo, Magdalena Chmielewska-Jeznach, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik

Parasitology Laboratory, Department of Medical Biology, Medical University of Warsaw, Warsaw, Poland

Corresponding author: edyta.hendiger@wum.edu.pl

Free-living amoebae (FLA) are common components of aquatic and soil ecosystems. In addition to their own pathogenic potential, they can serve as hosts for microorganisms resistant to intracellular digestion. This phenomenon, referred to as the “Trojan horse” mechanism, may be particularly important in environments shared by wild and farmed animals [1].

A literature review was conducted on the interactions between FLA and microorganisms of veterinary importance, with particular emphasis on their survival in the environment and the potential role of FLA as reservoirs of microorganisms.

FLA can protect engulfed bacteria from adverse environmental conditions and, in some cases, enable their replication [2]. A particularly interesting example is *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP). MAP has been shown to survive within amoebae, and FLA containing viable MAP have been detected in soil fertilized with contaminated slurry [2]. MAP has also been detected in amoebae isolated from cattle environments [3]. Interactions with FLA may additionally promote the selection of traits that enable microorganisms to survive within phagocytic cells [4;5].

Free-living amoebae may constitute an underestimated environmental reservoir of microorganisms relevant to animal health. Their presence in water, soil, and biofilms indicates a potential role of FLA as an ecological link at the interface between the environments of wild and farmed animals and supports their inclusion in studies conducted within the One Health framework.

References:

1. Greub G., Raoult D. (2004). Clin Microbiol Rev. 17:413–433.
2. Salgado M. et al. (2015). Vet Microbiol. 175:26–34.
3. Samba-Louaka A. et al. (2018). Front Cell Infect Microbiol. 8:28.
4. Mura M. et al. (2006). Appl Environ Microbiol. 72:854–859.
5. Drancourt M. et al. (2010). Clin Microbiol Infect. 16:1144–1149

Transfer substancji perfluoroalkilowych z zanieczyszczonej wody do mięsa kurczaka podczas gotowania

Justyna Lewtak, Szczepan Mikołajczyk

Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: justyna.lewtak@piwet.pulawy.pl

Substancje perfluoroalkilowe (PFAS) stanowią grupę trwałych zanieczyszczeń organicznych o udokumentowanej toksyczności, które są coraz częściej wykrywane w wodzie pitnej na całym świecie. Chociaż obecność tych związków została szeroko przeanalizowana w surowych produktach spożywczych, niewiele wiadomo o możliwości wtórnego zanieczyszczenia żywności podczas gotowania w zanieczyszczonej wodzie. Potencjalna migracja tych związków z wody do żywności może mieć znaczenie dla pełnej oceny narażenia człowieka. Celem niniejszego badania była ocena transferu piętnastu wybranych substancji perfluoroalkilowych z zanieczyszczonej wody do niezanieczyszczonego mięsa kurczaka podczas gotowania.

Próbki mięsa kurczaka (200 g) gotowano w całości lub pokrojone na kawałki, w 1 l wody, przez 20, 60 lub 90 minut. Zastosowano trzy poziomy zanieczyszczenia wody: 0,1; 0,05 i 0,025 µg/l, odpowiadające wysokiemu, średniemu i niskiemu poziomowi narażenia. Po ugotowaniu sporządzono z nich ekstrakty i oznaczono stężenia analitów za pomocą chromatografii cieczowej sprzężonej z tandemową spektrometrią mas (LC-MS/MS) korzystając z izotopowo znakowanych wzorców.

Przy najniższym poziomie zanieczyszczenia wody (0,025 µg/l) w mięsie kurczaka nie wykryto żadnego związku PFAS, niezależnie od czasu gotowania i formy mięsa. Przy stężeniu 0,05 µg/l wykryto sześć związków, jednak ich stężenia były bardzo niskie i zbliżone do limitu oznaczalności metody. Natomiast przy najwyższym poziomie zanieczyszczenia (0,1 µg/l) transferowi do mięsa uległo 13 związków PFAS. Najwyższe stężenia (0,013 – 0,035 µg/kg) stwierdzono w mięsie pokrojonym i gotowanym przez 90 minut. Stężenie związków wzrastało wraz z czasem gotowania, a w mięsie pokrojonym obserwowano nieznacznie większy transfer, prawdopodobnie ze względu na większą powierzchnię kontaktu z wodą.

Badanie potwierdza możliwość transferu PFAS z zanieczyszczonej wody do mięsa kurczaka podczas gotowania. W przypadku niskiego scenariusza narażenia ryzyko wtórnego zanieczyszczenia żywności podczas gotowania wydaje się niewielkie. Jednak wykrycie 13 PFAS przy najwyższym poziomie narażenia wskazuje na potrzebę dalszego monitorowania obecności tych związków w wodzie pitnej. Wyniki podkreślają, że jakość wody odgrywa ważną rolę w kontekście bezpieczeństwa żywności przygotowywanej z jej użyciem.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki. Numer grantu: 2025/57/B/NZ7/01672.

Transfer of perfluoroalkyl substances from contaminated water to chicken meat during cooking

Justyna Lewtak, Szczepan Mikołajczyk

National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: justyna.lewtak@piwet.pulawy.pl

Per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS) are a group of persistent organic pollutants with documented toxicity that are increasingly detected in drinking water worldwide. Although the presence of these compounds has been extensively investigated in raw food products, little is known about the potential for secondary contamination of food during cooking in contaminated water. The potential migration of these compounds from water to food may be relevant to a comprehensive assessment of human exposure. Therefore, the aim of this study was to evaluate the transfer of fifteen selected PFAS from contaminated water to uncontaminated chicken meat during cooking.

Chicken meat samples (200 g) were cooked either whole or cut into pieces in 1 L of water for 20, 60, or 90 minutes. Three water contamination levels were applied: 0.1, 0.05, and 0.025 µg/L, representing high, medium, and low exposure scenarios, respectively. After cooking, samples were extracted, and analyte concentrations were determined using liquid chromatography coupled with tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) with isotopically labelled standards.

At the lowest water contamination level (0.025 µg/L), no PFAS were detected in chicken meat, regardless of cooking time or meat form. At a concentration of 0.05 µg/L, six PFAS were detected; however, their concentrations were very low and close to the method's limit of quantification. In contrast, at the highest contamination level (0.1 µg/L), 13 PFAS were transferred to the meat. The highest concentrations (0.013–0.035 µg/kg) were found in cut meat cooked for 90 minutes. PFAS concentrations increased with cooking time, and slightly greater transfer was observed in cut meat, probably due to its larger surface area in contact with the water.

The study confirms that PFAS can migrate from contaminated water to chicken meat during cooking. Under the low-exposure scenario, the risk of secondary food contamination during cooking appears to be minimal. However, the detection of 13 PFAS at the highest exposure level highlights the need for further monitoring of these compounds in drinking water. These findings underline the important role of water quality in ensuring the safety of food prepared using water.

This research was funded by the National Science Centre, Poland. Grant number: 2025/57/B/NZ7/01672.

Malaria ptaków w ognisku HPAIV H5N1 u pingwinów przylądkowych: diagnostyka różnicowa przyczyn śmierci

Joanna Sajewicz-Krukowska[1], Anna Kycko[1], Kamila Dziadek[1], Natalia Styś-Fijoł[1], Krzysztof Wyrostek[1], Jolanta Skóra[1], Karolina Tarasiuk[1], Karolina Piekarska[1], Izabela Piórkowska[2], Krzysztof Śmietanka[1], Katarzyna Domańska-Blicharz[1]

[1]Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska
[2]Miejski Ogród Zoologiczny w Łodzi, Łódź, Polska

Autor korespondencyjny: joanna.sajewicz@piwet.pulawy.pl

Celem pracy było ustalenie bezpośrednich przyczyn śmierci dwóch pingwinów przylądkowych (*Spheniscus demersus*) ze stada, w którym potwierdzono ognisko HPAIV H5N1, z uwzględnieniem zarażenia *Plasmodium* spp.
Badaniom poddano zwłoki dwóch pingwinów: nr 6, u którego przez pięć dni obserwowano objawy neurologiczne i pogorszenie stanu ogólnego, oraz nr 7, który padł nagle, bez wcześniej obserwowanych objawów. Wykonano badania sekcyjne, histopatologiczne i immunohistochemiczne. Narządy przebadano metodami molekularnymi w kierunku HPAIV H5N1 i hemosporidiów. Ponadto, krew od pozostałych 11 ptaków ze stada zbadano serologicznie w kierunku AIV oraz molekularnie w kierunku hemosporidiów.
U pingwina nr 6 RNA HPAIV H5N1 wykryto w niemal wszystkich narządach, przy czym najniższą wartość Ct uzyskano dla mózgu (Ct = 12). Stwierdzono nieropne zapalenie mózgu, a antygen AIV wykazano głównie w neuronach i komórkach glejowych. U pingwina nr 7 badania molekularne i immunohistochemiczne w kierunku HPAIV były ujemne. DNA *Plasmodium* wykryto w niemal wszystkich narządach obu osobników. U pingwina nr 7 w komórkach śródbłonka naczyń serca, płuc i wątroby stwierdzono liczne pozaerytrocytarne meronty *Plasmodium*, którym towarzyszyły zaburzenia krążenia, martwica i zmiany zapalne. We krwi DNA *Plasmodium* wykryto wyłącznie u pingwina nr 6, natomiast przeciwciała anty-AIV stwierdzono w jednej spośród 11 badanych próbek surowicy.
Bezpośrednią przyczyną śmierci pingwina nr 6 była niewydolność wielonarządowa, przede wszystkim w następstwie zapalenia mózgu wywołanego HPAIV H5N1, natomiast u pingwina nr 7 – niewydolność sercowo-oddechowa związana z malarią ptaków. Przypadek pokazuje, że w stadzie objętym ogniskiem HPAIV śmierć poszczególnych ptaków może mieć odmienną etiologię, dlatego rozpoznanie wymaga kompleksowej diagnostyki różnicowej.

Referencje:

1. Grilo M.L. i wsp. Malaria in penguins – current perceptions. *Avian Pathology*. 2016;45:393–407.
2. Vanstreels R.E.T. i wsp. Epidemiology and pathology of avian malaria in penguins undergoing rehabilitation in Brazil. *Veterinary Research*. 2015;46:30.

Avian malaria during an HPAIV H5N1 outbreak in african penguins: differential diagnosis of the causes of death

Joanna Sajewicz-Krukowska[1], Anna Kycko[1], Kamila Dziadek[1], Natalia Styś-Fijoł[1], Krzysztof Wyrostek[1], Jolanta Skóra[1], Karolina Tarasiuk[1], Karolina Piekarska[1], Izabela Piórkowska[2], Krzysztof Śmietanka[1], Katarzyna Domańska-Blicharz[1]

[1]National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland
[2]Łódź Municipal Zoological Garden, Łódź, Poland

Corresponding author: joanna.sajewicz@piwet.pulawy.pl

To determine the immediate causes of death of two African penguins (*Spheniscus demersus*) from a flock with a confirmed HPAIV H5N1 outbreak, with particular consideration of *Plasmodium* spp. infection.
Two penguins were examined post-mortem: no. 6, which had shown neurological signs and deterioration for five days, and no. 7, which died suddenly without previously observed signs. Gross, histopathological and immunohistochemical examinations were performed. Organs were tested molecularly for HPAIV H5N1 and haemosporidians. Additionally, blood from the remaining 11 birds in the flock were tested serologically for AIV and molecularly for haemosporidians.
In penguin no. 6, HPAIV H5N1 RNA was detected in nearly all organs, with the lowest Ct value in the brain (Ct = 12). Non-suppurative encephalitis was observed, and AIV antigen was detected mainly in neurons and glial cells. In penguin no. 7, molecular and immunohistochemical tests for HPAIV were negative. *Plasmodium* DNA was detected in nearly all examined organs of both birds. In penguin no. 7, numerous exoerythrocytic *Plasmodium* meronts were present in vascular endothelial cells of the heart, lungs and liver, accompanied by circulatory disturbances, necrosis and inflammation. In blood, *Plasmodium* DNA was detected only in penguin no. 6, whereas anti-AIV antibodies were detected in one of the 11 serum samples tested.
Penguin no. 6 died from multiorgan failure, primarily secondary to HPAIV H5N1-associated encephalitis, whereas penguin no. 7 died from cardiopulmonary failure associated with avian malaria. The case demonstrates that deaths within one HPAIV outbreak may have different aetiologies and require comprehensive differential diagnosis.

References:

1. Grilo M.L. et al. Malaria in penguins – current perceptions. *Avian Pathol.* 2016;45(4):393–407.
2. Vanstreels R.E.T. et al. Epidemiology and pathology of avian malaria in penguins undergoing rehabilitation in Brazil. *Vet Res.* 2015;46:30.

Czy sprzedaż środków przeciwdrobnoustrojowych w Polsce wpływa na oporność *Campylobacter jejuni*? Analiza danych z lat 2014-2023

Kinga Wieczorek, Beata Lachtara, Jacek Osek

Dział Badań Mikrobiologicznych Żywności i |Pasz, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: kinga.wieczorek@piwet.pulawy.pl

Przedmiotem badań była analiza oporności szczepów *C. jejuni* izolowanych z tusz drobiowych w Polsce oraz ocena jej związku z wielkością sprzedaży środków przeciwdrobnoustrojowych. Wrażliwość na środki przeciwdrobnoustrojowe oznaczano metodą mikrorozcieńczeń w bulionie, określając dla każdego izolatu minimalne stężenia hamujące (MIC). Oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe interpretowano zgodnie z epidemiologicznymi wartościami granicznymi [3]. Dane dotyczące oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe *C. jejuni* pochodzących z jelit brojlerów pozyskano z raportów Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA) [1]. Informacje o sprzedaży i zużyciu weterynaryjnych środków przeciwdrobnoustrojowych pozyskano z corocznych raportów Europejskiej Agencji Leków (EMA) [2].
W latach 2014-2023 zbadano łącznie 869 izolatów *C. jejuni* z tusz drobiowych. Wykazano bardzo wysoki odsetek szczepów opornych na ciprofloksacynę (92,4%) oraz wysoki na tetracyklinę (64,7%). Natomiast oporność na erytromycynę występowała sporadycznie i dotyczyła jedynie 1,6% izolatów. Poziomy te były zbieżne z wynikami oporności *C. jejuni* izolowanych z jelit brojlerów, a badanych w ramach zharmonizowanego monitoringu oporności środki przeciwdrobnoustrojowe u bakterii zoonotycznych i komensalnych w UE. W analizowanym okresie całkowita sprzedaż weterynaryjnych środków przeciwdrobnoustrojowych stosowanych głównie u zwierząt przeznaczonych do produkcji żywności w Polsce wzrosła z 578,5 t w 2014 r. do 838,3 t w 2022 r., co odpowiada 44,9% a wyrażona w mg/PCU z 140,8 do 196,0 mg/PCU (wzrost o 39,2%). Odnotowano wzrost sprzedaży fluorochinolonów i makrolidów, przy nieznacznym spadku sprzedaży tetracyklin.
W analizowanym okresie odnotowano wzrost sprzedaży weterynaryjnych środków przeciwdrobnoustrojowych w Polsce, szczególnie fluorochinolonów i makrolidów. Jednocześnie poziom oporności *C. jejuni* na ciprofloksacynę i tetracyklinę pozostawał wysoki, natomiast oporność na erytromycynę utrzymywała się na niskim poziomie. Nie stwierdzono jednoznacznego związku pomiędzy zmianami wielkości sprzedaży a trendami oporności badanych szczepów na substancje przeciwdrobnoustrojowe.

References:

1. European Food Safety Authority (EFSA) i European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Raporty dotyczące oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe bakterii zoonotycznych i wskaźnikowych izolowanych od ludzi, zwierząt i z żywności. EFSA Journal. Dostęp: https://www.efsa.europa.eu ; https://www.ecdc.europa.eu
2. EMA (European Medicines Agency) European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption (ESVAC). Raporty roczne dotyczące sprzedaży weterynaryjnych środków przeciwdrobnoustrojowych w krajach europejskich Amsterdam: European Medicines Agency. Dostęp: https://www.ema.europa.eu
3. Wieczorek K., Bocian Ł., Osek J. (2020). Prevalence and antimicrobial resistance of *Campylobacter* isolated from carcasses of chickens slaughtered in Poland: a retrospective study. Food Control, 112, 107159. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.1071

Does the sale of antimicrobials in Poland influence the antimicrobial resistance of *Campylobacter jejuni*? Analysis of data from 2014-2023

Kinga Wieczorek, Beata Lachtra, Jacek Osek

Department of Microbiology of Food and Feed, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: kinga.wieczorek@piwet.pulawy.pl

The aim of the study was to analyse the antimicrobial resistance of *C. jejuni* strains isolated from poultry carcasses in Poland and to assess its association with antimicrobial sales.
Antimicrobial susceptibility was determined by the broth microdilution method, and minimum inhibitory concentrations (MICs) were established for each isolate. Antimicrobial resistance was interpreted according to the European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) epidemiological *cut*-off values (ECOFFs) [3]. Data on antimicrobial resistance *C. jejuni* isolates from chicken intestines were retrieved from the annual European Union Summary Reports published by EFSA on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food [1]. Information on the sales and consumption of veterinary antimicrobial agents was collected from annual reports published by the European Medicines Agency (EMA) [2].
A total of 869 *C. jejuni* isolates from poultry carcasses were examined during 2014-2023. A very high proportion of isolates resistant to ciprofloxacin (92.4%) and a high proportion resistant to tetracycline (64.7%) were detected. In contrast, resistance to erythromycin occurred sporadically and was detected in only 1.6% of isolates. These findings were consistent with those reported for *C. jejuni* isolates recovered from broiler intestines within the framework of the harmonised European Union monitoring programme for antimicrobial resistance in zoonotic and commensal bacteria. During the study period, total sales of veterinary antimicrobial agents intended mainly for food-producing animals in Poland increased from 578.5 tonnes in 2014 to 838.3 tonnes in 2022, representing an increase of 44.9%. When expressed as mg/PCU, sales increased from 140.8 to 196.0 mg/PCU (39.2%). Increased sales were observed for fluoroquinolones and macrolides, whereas sales of tetracyclines showed a slight decline.
During the study period, sales of veterinary antimicrobial agents in Poland increased, particularly those of fluoroquinolones and macrolides. At the same time, resistance of *C. jejuni* to ciprofloxacin and tetracycline remained high, whereas resistance to erythromycin remained low. No clear association was identified between changes in antimicrobial sales and trends in antimicrobial resistance among the analysed *C. jejuni* isolates.

References:

1. EFSA (European Food Safety Authority) and ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control). (2016-2025). The European Union Summary Reports on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food (data from 2014-2023). EFSA Journal. Available at: https://www.efsa.europa.eu and https://www.ecdc.europa.eu
2. EMA (European Medicines Agency). European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption (ESVAC) annual reports covering sales of veterinary antimicrobial agents in European countries for the years 2014-2023. Amsterdam: EMA. Available at: https://www.ema.europa.eu
3. Wieczorek, K., Bocian Ł., Osek J. (2020). Prevalence and antimicrobial resistance of *Campylobacter* isolated from carcasses of chickens slaughtered in Poland– a retrospective study. Food Control, 112, 107159. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107159

Ameby wolnożyjące jako patogeny zwierząt – niedoceniany problem w medycynie weterynaryjnej

Magdalena Chmielewska-Jeznach, Edyta B. Hendiger-Rizo, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik

Pracownia Parazytologiczna, Zakład Biologii Medycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska

Autor korespondencyjny: magdalena.chmielewska-jeznach@wum.edu.pl

Ameby wolnożyjące (FLA) są szeroko rozpowszechnionymi pierwotniakami zasiedlającymi wodę i glebę. Niektóre z nich, przede wszystkim *Acanthamoeba* spp., *Balamuthia mandrillaris* oraz *Naegleria fowleri*, mogą przechodzić z wolnożyjącego do oportunistycznego lub patogennego trybu życia, wywołując ciężkie zakażenia ludzi i zwierząt. Ich znaczenie w medycynie weterynaryjnej pozostaje jednak słabo rozpoznane [1].

Dokonano przeglądu piśmiennictwa dotyczącego naturalnych zakażeń FLA u zwierząt, ze szczególnym uwzględnieniem gatunków gospodarczych, obrazu klinicznego, lokalizacji zmian oraz metod diagnostycznych.

Zakażenia wywoływane przez *Acanthamoeba, Balamuthia* i *Naegleria* opisano u zwierząt domowych, gospodarskich, dzikich oraz utrzymywanych w ogrodach zoologicznych. Najpoważniejszą postacią są zakażenia ośrodkowego układu nerwowego, często prowadzące do śmierci [2-5]. *Acanthamoeba* i *Balamuthia* mogą również powodować zakażenia układowe obejmujące płuca, skórę i inne narządy [2,3]. Rozpoznanie jest trudne ze względu na niespecyficzne objawy, rzadkie uwzględnianie FLA w diagnostyce różnicowej oraz konieczność potwierdzenia rozpoznania metodami immunohistochemicznymi lub molekularnymi [1-3].

Amebozy wywoływane przez FLA stanowią prawdopodobnie niedoszacowany problem w medycynie weterynaryjnej. FLA powinny być uwzględniane w diagnostyce różnicowej zapaleń mózgu i zakażeń układowych o niewyjaśnionej etiologii, szczególnie u zwierząt mających kontakt ze środowiskiem wodnym i glebowym.

Referencje:

1. Schuster F.L., Visvesvara G.S. (2004). Int J Parasitol. 34:1001–1027.
2. Morales J.A. et al. (2006). Vet Parasitol. 139:221–223.
3. Van der Lugt J.J., Van der Merwe H.E. (1990). *J S Afr Vet Assoc*. 61:33–36.
4. Niedringhaus K.D. et al. (2023). J Vet Diagn Invest. 35:311–316.
5. Barrantes Murillo D.F. et al. (2025). J Vet Diagn Invest. 37:164–172.

Free-living amoebae as animal pathogens – an underestimated problem in veterinary medicine

Magdalena Chmielewska-Jeznach, Edyta B. Hendiger-Rizo, Anna Koryszewska-Bagińska, Natalia Mielczarek, Gabriela Olędzka, Marcin Padzik

Parasitology Laboratory, Medical Biology Department, Medical University of Warsaw, Warsaw, Poland

Corresponding author: magdalena.chmielewska-jeznach@wum.edu.pl

Free-living amoebae (FLA) are ubiquitous protozoa commonly found in water and soil. Some of them, particularly Acanthamoeba spp., Balamuthia mandrillaris, and Naegleria fowleri, can shift from a free-living to an opportunistic or pathogenic lifestyle, causing severe infections in humans and animals. However, their significance in veterinary medicine remains poorly recognized [1].
A literature review of naturally occurring FLA infections in animals was conducted, with particular emphasis on livestock species, clinical manifestations, lesion distribution, and diagnostic methods.
Infections caused by Acanthamoeba, Balamuthia, and Naegleria have been reported in companion animals, livestock, wildlife, and zoo animals. The most severe manifestations involve the central nervous system and are frequently fatal [2-5]. Acanthamoeba and Balamuthia may also cause systemic infections involving the lungs, skin, and other organs [2;3]. Diagnosis is challenging because of nonspecific clinical signs, the infrequent consideration of FLA infections in differential diagnosis, and the need for diagnostic confirmation using immunohistochemical or molecular methods [1-3].
Amoebic infections caused by FLA are likely an underrecognized problem in veterinary medicine. FLA should be considered in the differential diagnosis of encephalitis and systemic infections of unknown etiology, particularly in animals exposed to aquatic and soil environments.

References:

1. Schuster F.L., Visvesvara G.S. (2004). Int J Parasitol. 34:1001–1027.
2. Morales J.A. et al. (2006). Vet Parasitol. 139:221–223.
3. Van der Lugt J.J., Van der Merwe H.E. (1990). *J S Afr Vet Assoc.* 61:33–36.
4. Niedringhaus K.D. et al. (2023). J Vet Diagn Invest. 35:311–316.
5. Barrantes Murillo D.F. et al. (2025). J Vet Diagn Invest. 37:164–172.

SESJA V

Choroby odkleszczowe w praktyce klinicznej – diagnostyka i leczenie

Anna Moniuszko-Malinowska, Joanna Oklińska

Klinika Chorób Zakaźnych i Neuroinfekcji, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Białystok, Polska

Autor korespondencyjny: anna.moniuszko-malinowska@umb.edu.pl

Zwiększenie świadomości zagrożeń płynących z rozprzestrzeniania się kleszczy na zdrowie populacji. Analiza meldunków epidemiologicznych PZH, przebieg diagnostyki oraz leczenia chorób przenoszonych przez kleszcze. W dobie zmian klimatycznych obserwowana jest coraz większa ekspansja kleszczy - wektorów chorób zagrażających zwierzętom oraz ludziom, na tereny północne. Stawonogi te przenoszą patogeny bakteryjne, wirusowe oraz pierwotniakowe, z których najczęstszymi są choroba z Lyme oraz kleszczowe zapalenie mózgu. Wg meldunków epidemiologicznych PZH w 2016 r. zgłoszono 21220, w 2024 r. 25285, a w 2025 r. aż 48725 przypadków choroby z Lyme. W przypadku KZM było to odpowiednio 284, 661 oraz 935 zgłoszonych przypadków. Wskazuje to na istotny i widoczny wzrost zachorowań. Choroba z Lyme oraz KZM mogą prowadzić nie tylko do przejściowego pogorszenia stanu zdrowia, ale również do długoterminowych powikłań. Poprawna diagnostyka oraz właściwie prowadzone leczenie jest więc niezwykle istotne. Choroba z Lyme, która przebiegać może pod postacią rumienia wędrującego, neuroboreliozy, zapalenia stawów, borrelial lymphocytoma, przewlekłego zanikowego zapalenia skóry (ACA), zapalenia mięśnia sercowego, z powodzeniem leczona jest antybiotykami – skuteczne są m.in. doksycyklina, amoksycylina bądź ceftriakson w zależności od manifestacji zakażenia. W przypadku KZM terapia opiera się na leczeniu objawowym, a ciężkość przebiegu zakażenia jest zmienna, dlatego najskuteczniejsza jest profilaktyka w postaci szczepienia. Zagrożenie stanowić mogą również inne patogeny przenoszone przez kleszcze wywołujące choroby takie jak anaplazmoza, tularemia, riketsjozy. Często pomijane są one w rutynowej diagnostyce z uwagi na niespecyficzne objawy, a mogą być skutecznie leczone antybiotykoterapią. Konieczna jest poprawa dostępności do metod diagnostycznych tych chorób, by móc jak najskuteczniej pomagać pacjentom. Właściwa profilaktyka, diagnostyka oraz leczenie chorób przenoszonych przez kleszcze jest niezmiernie ważna w kontekście wzrostu zachorowań.

Referencje:

1. Moniuszko-Malinowska A. (red.) (2025). Choroby przenoszone przez kleszcze. Gdańsk: Mimesis. ISBN 978-83-974839-2-7.
2. Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego PZH, Biuletyny, meldunki, informacje epidemiologiczne, https://wwwold.pzh.gov.pl/oldpage/epimeld/index_p.html [dostęp: 27.08.2026].
3. Giecko M., Czupryna P., Moniuszko-Malinowska A., Borelioza – postępowanie diagnostyczno-terapeutyczne, „Medycyna po Dyplomie", 2024, nr 9, online, https://podyplomie.pl/czasopisma/medycyna-po-dyplomie/2024/09/borelioza-postepowanie-diagnostyczno-terapeutyczne [dostęp: 27.08.2026].

Tick-borne diseases in clinical practice – diagnosis and treatment

Anna Moniuszko-Malinowska, Joanna Oklińska

Department of Infectious Diseases and Neuroinfections, Medical University of Bialystok, Białystok, Poland

Corresponding author: anna.moniuszko-malinowska@umb.edu.pl

Raising awareness of the health risks associated with the expanding distribution of ticks. Analysis of epidemiological reports from the National Institute of Public Health (PZH), with a focus on the diagnosis and treatment of tick-borne diseases.Climate change is contributing to the expansion of ticks into northern regions. These vectors transmit bacterial, viral, and protozoan pathogens, most commonly Lyme disease and tick-borne encephalitis (TBE). According to PZH reports, 21,220 Lyme disease cases were reported in 2016, 25,285 in 2024, and 48,725 in 2025. TBE cases increased from 284 in 2016 to 661 in 2024 and 935 in 2025, indicating a marked rise in incidence. Both diseases may cause temporary health deterioration and long-term complications, making accurate diagnosis and appropriate treatment essential. Lyme disease may manifest as erythema migrans, neuroborreliosis, arthritis, borreliotic lymphocytoma, chronic atrophic dermatitis (ACA), or myocarditis. It is treated effectively with antibiotics, including doxycycline, amoxicillin, and ceftriaxon, depending on the clinical manifestation. TBE treatment is symptomatic, and disease severity varies; therefore, vaccination is the most effective preventive measure. Other tick-borne infections, including anaplasmosis, tularemia and rickettsiosis, may also pose a threat. Their nonspecific symptoms can lead to underdiagnosis, although they can be effectively treated with antibiotics. Improving access to diagnostic methods for these diseases is essential in order to help patients as effectively as possible.
Given the increasing incidence of tick-borne diseases, appropriate prevention, timely diagnosis, and adequate treatment are essential for reducing their health consequences.

References:

1. Moniuszko-Malinowska A. (red.) (2025). Choroby przenoszone przez kleszcze. Gdańsk: Mimesis. ISBN 978-83-974839-2-7.
2. Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego PZH, Biuletyny, meldunki, informacje epidemiologiczne, https://wwwold.pzh.gov.pl/oldpage/epimeld/index_p.html [access: 27.08.2026].
3. Giecko M., Czupryna P., Moniuszko-Malinowska A., Borelioza – postępowanie diagnostyczno-terapeutyczne, „Medycyna po Dyplomie", 2024, nr 9, online, https://podyplomie.pl/czasopisma/medycyna-po-dyplomie/2024/09/borelioza-postepowanie-diagnostyczno-terapeutyczne [access: 27.08.2026].

Pierwotniaki przenoszone przez kleszcze u dzikich ssaków w Polsce: występowanie, charakterystyka molekularna i znaczenie w kontekście One Health

Emily Sel[1], Giulia Libertini[1], Aneta Gontarczyk[2], Ewelina Antolak[2], Martyna Chojecka[2], Agnieszka Jodełko[3], Maciej Frant[3], Anna Gal[3], Blanka Orłowska[4], Katarzyna Filip-Hutsch[4], Magdalena Nowak[4], Ewa Bilska-Zając[2], Lisa Guardone[1]

[1]Department of Veterinary Science, University of Pisa, Pisa, Italy;
[2]Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland;
[3]Department of Bacteriology and Bacterial Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland;
[4]Department of Food Hygiene and Public Health Protection, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw, Poland.

Autor korespondencyjny: emily.sel@phd.unipi.it

Patogeny przenoszone przez kleszcze (TBP, *tick-borne pathogens*) stanowią istotne zagrożenie dla zdrowia zwierząt i zdrowia publicznego, a prowadzenie nadzoru nad ich występowaniem u dzikich zwierząt jest przydatnym narzędziem oceny ryzyka. Celem niniejszego badania była ocena występowania, różnorodności molekularnej oraz rozmieszczenia u poszczególnych gatunków żywicieli wybranych pierwotniaków przenoszonych przez kleszcze u dzikich zwierząt w Polsce. Łącznie pobrano 438 próbek tkanki śledziony z tusz przypadkowo znalezionych martwych lub upolowanych zwierząt należących do dziesięciu różnych gatunków. Próbki analizowano metodą PCR typu *end-point*, a następnie poddano sekwencjonowaniu. *Babesia* spp. wykryto u 43 (9,8%) zwierząt. Prewalencja wynosiła 29,6% u lisów, 26,7% u wilków, 22,2% u jenotów, 20,0% u szakali złocistych oraz 6,8% u łosi; wynik dodatni uzyskano również u jednej kuny leśnej. *Theileria* spp. wykryto u 27 (6,2%) zwierząt, przy czym najwyższą prewalencję stwierdzono u jeleni szlachetnych (46,7%), a następnie u danieli (26,7%) i saren (16,7%). U dzików nie wykryto *Babesia* spp. ani *Theileria* spp. *Hepatozoon* spp. wykryto u 62 (40,5%) spośród 153 przebadanych zwierząt mięsożernych. Najwyższą prewalencję stwierdzono u wilków (93,3%), następnie u szakali złocistych (60,0%), lisów (57,8%) i jenotów (1,9%). U lisów i wilków wykryto łącznie 17 koinfekcji *Babesia* spp. i *Hepatozoon* spp. Na podstawie sekwencjonowania wśród psowatych zidentyfikowano *B. vulpes* oraz *B. canis*, u łosi stwierdzono *Babesia* należącą do kladu jeleniowatych, natomiast u kuny leśnej – *Babesia* sp. U żywicieli należących do jeleniowatych zidentyfikowano dwa genotypy *T. capreoli*. Wszystkie izolaty *Hepatozoon* poddane sekwencjonowaniu zidentyfikowano jako *H. canis*. Uzyskane wyniki wskazują na dużą różnorodność oraz częste występowanie pierwotniaków przenoszonych przez kleszcze u dzikich zwierząt w Polsce i podkreślają znaczenie zintegrowanego nadzoru nad populacjami dzikich zwierząt w ramach podejścia One Health.

Tick-borne protozoa in wild mammals in Poland: occurrence, molecular characterization, and One Health relevance

Emily Sel[1], Giulia Libertini[1], Aneta Gontarczyk[2], Ewelina Antolak[2], Martyna Chojecka[2], Agnieszka Jodełko[3], Maciej Frant[3], Anna Gal[3], Blanka Orłowska[4], Katarzyna Filip-Hutsch[4], Magdalena Nowak[4], Ewa Bilska–Zając[2], Lisa Guardone[1]

[1]Department of Veterinary Science, University of Pisa, Pisa, Italy;
[2]Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland;
[3]Department of Bacteriology and Bacterial Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland;
[4]Department of Food Hygiene and Public Health Protection, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw, Poland.

Corresponding author: emily.sel@phd.unipi.it

Tick-borne pathogens (TBPs) represent a concern for animal and public health, and surveillance in wildlife is useful for assessing the risk. This study investigated the occurrence, molecular diversity and host distribution of selected tick-borne protozoa in wildlife in Poland. A total of 438 spleen tissue samples were collected from carcasses of accidentally found dead or hunted animals of ten different species and analyzed by end-point PCR and sequencing. *Babesia* spp. was detected in 43 (9.8%) animals, with prevalences of 29.6% in foxes, 26.7% in wolves, 22.2% in raccoon dogs, 20.0% in golden jackals and 6.8% in moose; one pine marten also tested positive. *Theileria* spp. was detected in 27 (6.2%) animals, with the highest prevalence in red deer (46.7%), followed by fallow deer (26.7%) and roe deer (16.7%). No *Babesia* spp. or *Theileria* spp. was detected in wild boars. *Hepatozoon* spp. was detected in 62 (40.5%) of 153 carnivores tested, with the highest prevalence in wolves (93.3%), followed by golden jackals (60.0%), foxes (57.8%) and raccoon dogs (1.9%). A total of 17 co-infections between *Babesia* spp. and *Hepatozoon* spp. were detected in foxes and wolves. Sequencing identified *B. vulpes* and *B. canis* among canids, a deer-clade *Babesia* in moose, *Babesia* sp. in pine marten, and two genotypes of *T. capreoli* in cervid hosts. All sequenced *Hepatozoon* isolates were identified as *H. canis*. These findings highlight the diversity and frequent occurrence of tick-borne protozoa in Polish wildlife and support the importance of integrated wildlife surveillance within a One Health approach.

Dirofilarioza u ludzi – narastający problem i wyzwanie w diagnostyce medycznej

Anna Bogucka-Kocka

Katedra i Zakład Biologii z Genetyką, Wydział Farmaceutyczny, Uniwersytet Medyczny w Lublinie, Polska

Autor korespondencyjny: Anna.Bogucka-Kocka@umlub.edu.pl

Na przestrzeni ostatnich lat poszerza się dynamicznie pula badań prowadzonych w oparciu o opracowaną w 2017 roku w USA koncepcję *One Health* która coraz wyraźniej znajduje potwierdzenie w wynikach badań, które dowodzą, że zdrowie ludzi, zwierząt, roślin oraz środowiska jest ze sobą nierozłącznie powiązane i wzajemnie na siebie oddziaływuje.
Doświadczenie wynikające z prowadzonych w różnych obszarach nauki badań potwierdza, że zdrowie człowieka musi być rozpatrywane i chronione w kontekście jednoczesnego prowadzenia działań mających na celu ochronę zdrowia zwierząt, roślin i środowiska, w którym żyjemy.
Z roku na rok uzyskujemy nowe dowody naukowe, że coraz więcej pasożytów wywołujących choroby u zwierząt przenosi swój cykl życiowy częściowo lub całkowicie do nowego żywiciela, którym jest człowiek. Rosnącym problemem diagnostycznym i terapeutycznym stają się zoonozy pasożytnicze przenoszone przez wektory. Ilość wykrytych przypadków wydaje się być mocno niedoszacowana. Zoonozy pasożytnicze przenoszone przez wektory stają się coraz częstsze u ludzi ze względu na gwałtownie zachodzące zmiany środowiskowo – klimatyczne takie jak wzrost temperatur sprzyjający rozszerzaniu się siedlisk komarów, muchówek i kleszczy; wylesianie i zmiana użytkowania gruntów zmniejszająca teren środowiska życia zwierząt co powoduje migrację zwierząt na tereny zurbanizowane; oraz zwiększająca się migracja ludności i rosnąca popularność turystyki w rejony endemicznego występowania chorób pasożytniczych.
Na przestrzeni ostatnich lat pojawia się znaczna liczba artykułów naukowych wskazujących na problem zwiększającej się liczby przypadków dirofilariozy u ludzi i psów na terenie Europy. Pomimo zwiększającej się skali zachorowań i wzrastającej liczby przypadków autochtonicznych dirofilarioza wciąż pozostaje lekceważoną zoonozą. Znaczącą rolę w jej rozprzestrzenianiu odgrywa globalizacja i obserwowane na przestrzeni ostatnich lat zmiany klimatyczne, rosnąca liczba psów z mikrofilaremią i liczby wektorów jakimi są komary. Zróżnicowany obraz kliniczny zoonoz pasożytniczych u ludzi, brak dostatecznej świadomości lekarzy różnych specjalności i pozostałego personelu medycznego na temat tych chorób, niewątpliwie przyczynia się do trudności diagnostycznych i rosnącej liczby niezdiagnozowanych przypadków tych chorób.

Human Dirofilariasis – a growing problem and a challenge in medical diagnostics

Anna Bogucka-Kocka

Department of Biology and Genetics, Faculty of Pharmacy, Medical University of Lublin, Poland

Corresponding author: Anna.Bogucka-Kocka@umlub.edu.pl

In recent years, there has been a dynamic expansion of research based on the "One Health" concept—developed in the USA in 2017—which is increasingly supported by findings demonstrating that the health of humans, animals, plants, and the environment is inextricably linked and mutually interdependent. Experience gained from research across various scientific fields confirms that human health must be considered and protected alongside efforts to safeguard the health of animals, plants, and the environment in which we live. Year by year, new scientific evidence emerges showing that an increasing number of parasites causing disease in animals are shifting their life cycles—either partially or entirely—to a new host: humans. Vector-borne parasitic zoonoses are becoming an increasingly significant diagnostic and therapeutic challenge. The number of detected cases appears to be vastly underestimated. These zoonoses are becoming more common in humans due to rapid environmental and climatic changes, such as rising temperatures that facilitate the expansion of habitats for mosquitoes, biting flies, and ticks; deforestation and land-use changes that shrink animal habitats, driving wildlife migration into urban areas; and increasing human migration combined with the growing popularity of travel to regions where parasitic diseases are endemic. In recent years, a significant number of scientific articles have highlighted the problem of rising dirofilariasis cases in humans and dogs across Europe. Despite the growing scale of the disease and the increasing number of autochthonous cases, dirofilariasis remains an overlooked zoonosis. Globalization, recent climate change, and the increasing prevalence of microfilaremia in dogs and mosquito vectors play significant roles in its spread. The diverse clinical presentation of parasitic zoonoses in humans, combined with a lack of sufficient awareness among physicians across various specialties and other medical personnel, undoubtedly contributes to diagnostic challenges and a growing number of undiagnosed cases.

Epidemiologia molekularna i charakterystyka genetyczna *Dirofilaria immitis* i *D. repens* u różnych żywicieli i w różnych regionach geograficznych

Ali, A.[1]; Alsarraf, M.[1]; Fuehrer, H-P.[2]; Lamien-Meda, A.[2]; Papp, T.[3,4]; Jańczak, D.[5]; Mesquita, J.[6]; Panarese, R.[7]; Kołodziej-Sobocińska, M.[8]; Boldbaatar, B.[9]; Banda, A.[10]; Levytska, V.[11]; Mostkula, M.[12]; Freitas, F. M.[13]; Dwużnik-Szarek, D.[1]; Bajer, A.[1]

[1] Department of Eco-Epidemiology of Parasitic Diseases, Institute of Developmental Biology and Biomedical Sciences, Faculty of Biology, University of Warsaw, Warsaw, Poland.
[2] Institute of Parasitology, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria
[3] PraxisLab Ltd. Veterinary Diagnostics, Budapest, Hungary
[4] HUN-REN Veterinary Medical Research Institute, Budapest, Hungary
[5] Department of Infectious and Invasive Diseases and Veterinary Administration, Institute of Veterinary Medicine, Faculty of Biological and Veterinary Sciences, Nicolaus Copernicus University, Toruń, Poland
[6] School of Medicine and Biomedical Sciences, Porto University, Porto, Portugal
[7] School of Biodiversity, One Health and Veterinary Medicine, College of Medical, Veterinary and Life Sciences, The University of Glasgow, UK
[8] Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences, Białowieża, Poland
[9] School of Veterinary Medicine, Mongolian University of Life Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia
[10] Department of Wildlife Conservation and Research, Gwanda State University, Filabusi, Zimbabwe
[11] Podillia State University, Kamianets-Podilskyi, Ukraine
[12] Estonian University of Life Sciences, Estonia
[13] Faculty of Veterinary Medicine, Department of Pathology, State University of Maranhão, São Luís, Brazil

Autor korespondencyjny: aa.ali@uw.edu.pl

Dirofilaria repens i *D. immitis* są zoonotycznymi nicieniami o rosnącym znaczeniu epidemiologicznym i rozszerzającym się zasięgu występowania na świecie. Precyzyjny nadzór molekularny ma kluczowe znaczenie dla monitorowania ich rozprzestrzeniania się oraz oceny ryzyka zoonotycznego. Celem niniejszego badania była ocena występowania oraz charakterystyka molekularna pasożytów z rodzaju *Dirofilaria* w materiale pochodzącym od zwierząt domowych, dzikich, ludzi oraz naczelnych innych niż człowiek, zebranym w 12 krajach Europy, Ameryki Południowej, Afryki i Azji.

Materiał badawczy obejmował dorosłe nicienie, próbki krwi oraz karty FTA pochodzące od psów, kotów, borsuków, ludzi i małp. Po izolacji DNA przeprowadzono badania molekularne ukierunkowane na gen mitochondrialnej podjednostki I oksydazy cytochromu c (COI) oraz gen 12S rRNA, a następnie wykonano sekwencjonowanie metodą Sangera. Kompletne genomy mitochondrialne sekwencjonowano z wykorzystaniem technologii NGS Oxford Nanopore.Spośród 512 badanych próbek, 165 uzyskało wynik dodatni. *D. repens* zidentyfikowano w 68 próbkach pochodzących od psów, kotów i ludzi z Europy (Polska, Estonia, Hiszpania i Ukraina), wykazując 99,55–100% identyczności sekwencji COI w stosunku do szczepów referencyjnych. Wśród nich znajdował się również potwierdzony molekularnie przypadek zarażenia człowieka w Polsce. *D. immitis* wykryto w 76 próbkach pochodzących od psów z Polski, Grecji, Węgier, Portugalii, Hiszpanii i Brazylii, a identyczność sekwencji COI wynosiła 98–100%. Próbki pochodzące z Maroka, Mongolii, Zimbabwe i Argentyny uzyskały wyniki ujemne. Ponadto na podstawie analizowanych próbek uzyskano 75 kompletnych genomów mitochondrialnych, w tym 25 dla *D. repens* (13 675 pz) oraz 11 dla *D. immitis* (13 812 pz), które zostały pomyślnie potwierdzone przy użyciu sekwencjonowania nowej generacji Nanopore (NGS).

Uzyskane wyniki dostarczają istotnych danych molekularnych dotyczących występowania *D. repens* i *D. immitis* u różnych żywicieli i w różnych regionach geograficznych oraz podkreślają pilną potrzebę prowadzenia systematycznego nadzoru w celu dokładniejszego określenia rozmieszczenia pasożytów, ich powiązań z poszczególnymi żywicielami oraz znaczenia zoonotycznego.

Projekt został sfinansowany przez Narodowe Centrum Nauki w ramach konkursu OPUS-LAP, nr grantu: 2023/51/I/NZ6/00988.

Molecular epidemiology and genetic characterization of *Dirofilaria Immitis* and *D. Repens* across diverse hosts and geographic regions

Ali, A[1].; Alsarraf, M[1].; Fuehrer, H-P[2].; Lamien-Meda, A.[2]; Papp, T[3,4]; Jańczak, D[5]; Mesquita, J[6]; Panarese, R[7]; Kołodziej-Sobocińska, M[8]; Boldbaatar, B[9]; Banda, A[10]; Levytska, V[11]; Mostkula, M[12]; Freitas, F. M[13]; Dwużnik-Szarek, D[1]; Bajer, A[1].

[1] Department of Eco-Epidemiology of Parasitic Diseases, Institute of Developmental Biology and Biomedical Sciences, Faculty of Biology, University of Warsaw, Warsaw, Poland.
[2] Institute of Parasitology, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria
[3] PraxisLab Ltd. Veterinary Diagnostics, Budapest, Hungary
[4] HUN-REN Veterinary Medical Research Institute, Budapest, Hungary
[5] Department of Infectious and Invasive Diseases and Veterinary Administration, Institute of Veterinary Medicine, Faculty of Biological and Veterinary Sciences, Nicolaus Copernicus University, Toruń, Poland
[6] School of Medicine and Biomedical Sciences, Porto University, Porto, Portugal
[7] School of Biodiversity, One Health and Veterinary Medicine, College of Medical, Veterinary and Life Sciences, The University of Glasgow, UK
[8] Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences, Białowieża, Poland
[9] School of Veterinary Medicine, Mongolian University of Life Sciences, Zaisan 17029, Ulaanbaatar, Mongolia
[10] Department of Wildlife Conservation and Research, Gwanda State University, Filabusi, Zimbabwe
[11] Podillia State University, Kamianets-Podilskyi, Ukraine
[12] Estonian University of Life Sciences, Estonia
[13] Faculty of Veterinary Medicine, Department of Pathology, State University of Maranhão, São Luís, Brazil

Corresponding Author: aa.ali@uw.edu.pl

Dirofilaria repens and D. immitis are emerging zoonotic nematodes with expanding global distributions. Precise molecular surveillance is essential for tracking their spread and assessing zoonotic risks. This study investigated the occurrence and molecular characteristics of Dirofilaria parasites in domestic, wildlife, human, and non-human primate specimens across 12 countries in Europe, South America, Africa, and Asia. The sample panel included adult worms, blood, and FTA cards from dogs, cats, badgers, humans, and monkeys. DNA was extracted and screened targeting mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) and 12S rRNA genes, followed by Sanger sequencing. Complete mitochondrial genomes were sequenced by NGS Nanopore Oxford.

Of 512 molecularly screened samples, 165 were positive. *D. repens* was identified in 68 canine, feline, and human specimens from Europe (Poland, Estonia, Spain, Ukraine), showing 99.55–100% COI sequence identity to reference strains, including a molecularly confirmed human infection in Poland. *D. immitis* was detected in 76 canine specimens from Poland, Greece, Hungary, Portugal, Spain, and Brazil, with 98–100% COI identity. Specimens from Morocco, Mongolia, Zimbabwe, and Argentina tested negative. Additionally, From these samples, 75 complete mitochondrial genomes were generated, including 25 for *D. repens* (13,675 bp) and 11 for *D. immitis* (13,812 bp), which were successfully confirmed using Nanopore next-generation sequencing (NGS).

Overall, these findings provide crucial molecular records of *D. repens* and *D. immitis* across diverse host-geographic interfaces, highlighting the urgent need for systematic surveillance to clarify parasite distribution, host associations, and zoonotic relevance.

This project was funded by the National Science Centre, Poland, OPUS-LAP, grant number: 2023/51/I/NZ6/00988

SESJA VI

Pasożyty psów i kotów w Polsce- aspekty zoonotyczne w perspektywie klinicznej i środowiskowej

Marta Demkowska-Kutrzepa

Zakład Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Lublin, Polska

Autor korespondencyjny: marta.demkowska@up.edu.pl

Historia obecności pasożytów w świecie istot żywych rozpoczęła się wraz z kolonizacją globu przez organizmy heterotroficzne. Pierwotne formy pasożytnicze wyewoluowały z prostych komensali i symbiontów, przekształcając się stopniowo w wysoko wyspecjalizowane organizmy pozostające w antagonistycznych relacjach ze swoim żywicielem. Część gatunków zachowała charakter monokseniczny, podczas gdy inne przystosowały się do pasożytnictwa poliksenicznego. Wiele z tych ostatnich wykorzystało bliskość człowieka oraz zwierząt towarzyszących – psa i kota – tworząc układ sprzyjający szerzeniu się inwazji zoonotycznych. Pasożyty te stanowią istotne zagrożenie dla zdrowia publicznego zarówno poprzez bezpośredni kontakt ludzi ze zwierzętami, jak i poprzez kontaminację środowiska ich formami dyspersyjnymi. Na przestrzeni lat skład parazytofauny psów i kotów ulegał zmianom, równolegle doskonalono metody diagnostyczne oraz strategie zwalczania parazytoz. Pomimo dynamicznego rozwoju parazytologii weterynaryjnej, wciąż pojawiają się nowe wyzwania, takie jak narastająca lekooporność pasożytów oraz występowanie nowych jednostek określanych jako „pojawiające się choroby pasożytnicze". Ich rozprzestrzenianiu sprzyjają m.in. zmiany klimatyczne oraz rosnąca mobilność ludzi i zwierząt. Z tego względu kluczowe znaczenie ma prowadzenie regularnego monitoringu parazytologicznego, uwzględniającego aktualną sytuację inwazjologiczną danego obszaru, a także wdrażanie odpowiedniej, systematycznej profilaktyki przeciwpasożytniczej.

Parasites of dogs and cats in Poland: zoonotic aspects from a clinical and environmental perspectives

Marta Demkowska-Kutrzepa

Department of Parasitology and Invasive Diseases, University of Life Sciences in Lublin, Lublin, Poland

Corresponding author: marta.demkowska@up.edu.pl

The history of parasites in the living world began with the colonization of the Earth by heterotrophic organisms. The earliest parasitic forms evolved from simple commensals and symbionts, gradually transforming into highly specialized organisms engaged in antagonistic relationships with their hosts. Some species retained a monoxenous character, while others adapted to polyxenous parasitism. Many of the latter took advantage of the close association between humans and companion animals—dogs and cats—creating a system conducive to the spread of zoonotic infections. These parasites pose a significant threat to public health both through direct contact between humans and animals and through environmental contamination with their dispersal stages. Over the years, the composition of the parasitofauna of dogs and cats has changed, while diagnostic methods and strategies for controlling parasitic diseases have been continuously improved. Despite the dynamic development of veterinary parasitology, new challenges continue to emerge, including increasing parasite drug resistance and the occurrence of new entities referred to as "emerging parasitic diseases." Their spread is facilitated, among other factors, by climate change and the increasing mobility of humans and animals. For this reason, regular parasitological monitoring—taking into account the current epidemiological situation in a given area—as well as the implementation of appropriate, systematic antiparasitic prophylaxis, are of key importance.

Pasożyty odzwierzęce przenoszone drogą pokarmową u zwierząt łownych na Litwie: wyniki badań i znaczenie dla zdrowia publicznego

Petras Prakas

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Laboratory of Molecular Ecology, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: prakaspetras@gmail.com

Zwierzęta łowne pozyskiwane w celach konsumpcyjnych, w tym sarny, jelenie szlachetne, łosie, dziki, bobry, borsuki oraz ptaki łowne, stanowią istotny element ekosystemów dzikiej przyrody. Jednocześnie pozyskiwane w drodze polowań dzikie zwierzęta mięsożerne i padlinożerne, które nie są przeznaczone do spożycia przez ludzi, mogą odgrywać istotną rolę w utrzymywaniu i rozprzestrzenianiu pasożytów w populacjach dzikich zwierząt. W niniejszej pracy przedstawiono przegląd wyników badań parazytologicznych prowadzonych na Litwie na przestrzeni około dwóch dekad. Ssaki i ptaki łowne badano w kierunku *Sarcocystis* spp., *Toxoplasma gondii* oraz *Trichinella* spp. z wykorzystaniem metod morfologicznych i molekularnych. Według danych NMVRVI prewalencja *Trichinella* u dzików utrzymywała się na ogół na niskim poziomie (około 0,05–0,1%). Wyniki naszych badań wskazują jednak, że dzikie zwierzęta mięsożerne mogą w znacznym stopniu przyczyniać się do krążenia *Trichinella*, a prewalencja w niektórych populacjach osiąga nawet 25%. Jedno z pierwszych badań genetycznych *T. gondii* przeprowadzonych na Litwie wykazało niewielką zmienność genetyczną pasożyta u bobrów, przy prewalencji wynoszącej odpowiednio 25,2% w sercu i 9,4% w mózgu. Wśród ptaków łownych makrocysty *Sarcocystis* stwierdzane są u kaczek, przede wszystkim u krzyżówek, a ich obecność powoduje, że zarażone tuszki nie nadają się do spożycia przez ludzi. W mięśniach jeleniowatych wykazano dużą różnorodność gatunkową, wysoką prewalencję oraz znaczne obciążenie pasożytami niezoonotycznych gatunków *Sarcocystis*, przy czym odnotowano również przypadki zatruć pokarmowych. Zoonotyczny gatunek *S. suihomis* zidentyfikowano w próbkach środowiskowych, jednak nie wykryto go w tuszach dzików, co wskazuje, że cykl zarażenia utrzymywany jest głównie w populacji świń. Zintegrowany monitoring dzikich zwierząt, mięsa zwierząt łownych oraz dróg transmisji pasożytów ma kluczowe znaczenie dla zrozumienia ryzyka zoonotycznego i ochrony zdrowia publicznego.

Foodborne zoonotic parasites in game animals in Lithuania: research findings and public health implications

Petras Prakas

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Laboratory of Molecular Ecology, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: prakaspetras@gmail.com

Food-associated game animals, including roe deer, red deer, moose, wild boar, beaver, badger, and game birds represent an important component of wildlife ecosystems. At the same time, hunted carnivorous and scavenging wildlife that is not intended for human consumption may play an important role in maintaining and disseminating parasites within wildlife populations. This work provides an overview of approximately two decades of parasitological investigations conducted in Lithuania. We examined game mammals and birds for *Sarcocystis* spp., *Toxoplasma gondii*, and *Trichinella* spp. using morphological and molecular methods. In wild boar, *Trichinella* prevalence reported by the NMVRVI has generally remained low (approximately 0.05–0.1%); however, our findings indicate that wild carnivores may contribute substantially to *Trichinella* circulation, with prevalence reaching 25% in some populations. One of the first genetic study of *T. gondii* in Lithuania showed limited genetic variability in beavers with 25.2% and 9.4% prevalence in heart and brain, respectively. Among hunted birds, *Sarcocystis* macrocysts occur in ducks, predominantly in mallards and render infected carcasses unsuitable for human consumption. High species richness, prevalence, and parasite load of nonzoonotic *Sarcocystis* were detected in cervid muscles, with cases of food poisoning. Zoonotic *S. suihomis* was identified in environmental samples; however not in wild boar carcases, indicating that infection is mainly maintained by pigs. Integrated monitoring of wildlife, game meat, and parasite transmission pathways is essential for understanding zoonotic risks and protecting public health. Integrated monitoring of wildlife, game meat, and parasite transmission pathways is essential for understanding zoonotic risks and protecting public health.

Toksoplazmoza – rezerwuary, drogi transmisji na ludzi oraz najnowsze dane epidemiologiczne i molekularne

Jacek Sroka[1,2], Ewa Bilska-Zając[1], Weronika Korpysa-Dzirba[1], Jacek Karamon[1], Małgorzata Samorek-Pieróg[1], Jolanta Zdybel[1], Aneta Bełcik[1], Angelina Wójcik-Fatla[2], Weronika Piotrowska[1], Aleksandra Marzec[1], Tomasz Cencek[1]

[1]Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny, Puławy, Polska
[2]Zakład Biologicznych Szkodliwości Zdrowotnych i Parazytologii, Instytut Medycyny Wsi, Lublin, Polska

Autor korespondencyjny: jacek.sroka@piwet.pulawy.pl

Zarażenie pasożytniczym pierwotniakiem *Toxoplasma gondii* może stanowić poważny problem zdrowotny, zwłaszcza dla kobiet w ciąży, ze względu na ryzyko transmisji pasożytów do płodu i wystąpienia toksoplazmozy wrodzonej, a także dla osób z osłabioną odpornością, u których zmiany patologiczne mogą dotyczyć różnych tkanek i narządów. Skutki inwazji *T. gondii* w okresie płodowym mogą czasami ujawnić się nawet po kilku latach, np. w postaci zmian zapalnych narządu wzroku, zaburzeń neurologicznych lub psychicznych. W Polsce, odsetek osób mających kontakt z pasożytem, oceniany na podstawie wyników testów serologicznych, szacuje się na ok. 40-60%. Wg danych NIZP PZH–PIB, , w latach 2017 - 2025 odnotowano w Polsce 178 przypadków toksoplazmozy wrodzonej. Ze względu na brak raportowania innych postaci klinicznych toksoplazmozy, dane te nie odzwierciedlają rzeczywistej sytuacji epidemiologicznej w tym zakresie w Polsce. Rezerwuarami pasożyta są zarówno zwierzęta gospodarskie jak i wolnożyjące oraz środowisko, m.in. woda i gleba. Źródłem zanieczyszczenia środowiska formami dyspersyjnymi *T. gondii* (oocystami) są koty domowe i dzikie, u których stwierdzana znaczna seroprewalencja (do 75%) potwierdza ich częsty kontakt z pasożytem. Z punktu widzenia zdrowia publicznego, najważniejszym rezerwuarem pasożyta i źródłem zarażenia dla ludzi w Polsce są zwierzęta rzeźne, u których *T. gondii* występuje w postaci cyst tkankowych. Potwierdzają to wyniki badań własnych, w których wykazano obecność DNA i żywych *T. gondii,* odpowiednio: w 7,1% i 2,3% badanych próbek surowych wędlin i mięsa sprzedawanych w Polsce. Badania nad charakterystyką molekularną szczepów *T. gondii* izolowanych z surowych produktów mięsnych, wykazały dominację typu II (ok. 50-60%), co odzwierciedla ogólną tendencję notowaną w Europie. W dalszej kolejności identyfikowany był typ III (30-40%) oraz typ I (do 10%), a także szczepy atypowe (1-3%). Wśród zwierząt wolnożyjących, ze względu na wielkość populacji i kierunki gospodarki łowieckiej, największe znaczenie epidemiologiczne jako potencjalne źródła pasożyta mają dziki i jeleniowate. Badania nad rezerwuarami *Toxoplasma gondii* z wykorzystaniem metod molekularnych pozwalają kontrolować drogi transmisji tego pasożyta, identyfikować źródła zarażenia dla ludzi i zwierząt oraz skutecznie planować działania profilaktyczne.

Toxoplasmosis – reservoirs, routes of transmission to humans, and the latest epidemiological and molecular data

Jacek Sroka[1,2], Ewa Bilska-Zając[1], Weronika Korpysa-Dzirba[1], Jacek Karamon[1], Małgorzata Samorek-Pieróg[1], Jolanta Zdybel[1], Aneta Bełcik[1], Angelina Wójcik-Fatla[2], Weronika Piotrowska[1], Aleksandra Marzec[1], Tomasz Cencek[1]

[1]Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland
[2] Department of Biological Health Hazards and Parasitology, Institute of Rural Medicine, Lublin, Poland

Corresponding author: jacek.sroka@piwet.pulawy.pl

Infection with the parasitic protozoan *Toxoplasma gondii* can pose a serious health problem - particularly for pregnant women, due to the risk of parasite transmission to the fetus and the development of congenital toxoplasmosis, and for immunocompromised individuals, in whom pathological changes may affect various tissues and organs. The effects of *T. gondii* infection during the fetal period may manifest many years later. e.g. as chorioretinitis, neurological or mental disorders. In Poland, the percentage of the population exposed to the parasite - based on serological test results - is estimated at 40–60%. According to data from the NIZP PZH–PIB, 178 cases of congenital toxoplasmosis were recorded in Poland between 2017 and 2025. Due to the lack of a requirement to report other clinical forms of toxoplasmosis, these data do not reflect the actual epidemiological situation regarding the disease in Poland. *T. gondii* reservoirs include both livestock and free-living animals, as well as the environment (e.g., water and soil). Domestic and wild felids serve as the source of environmental contamination with *T. gondii* dispersal forms (oocysts); high seroprevalence rates (up to 75%) in felids confirm frequent exposure to the parasite. From a public health perspective, the primary reservoir of the parasite and source of human infection in Poland are slaughter animals, in whose tissues *T. gondii* occurs in the form of cysts. This is confirmed by the study's own findings, which detected *T. gondii* DNA and live parasites in samples of raw meat products sold in Poland - in 7.1% and 2.3% of the samples, respectively. Studies on the molecular characteristics of *T. gondii* strains isolated from raw meat products have demonstrated the predominance of Type II (approx. 50–60%), reflecting the general trend observed across Europe. This is followed by Type III (30–40%), Type I (up to 10%), and atypical strains (1-3%). Among free-living animals, wild boars and cervids are of the greatest epidemiological importance as potential parasite sources, given their population sizes and game management practices. Research on *Toxoplasma gondii* reservoirs using molecular methods enables the monitoring of transmission routes, the identification of infection sources for humans and animals, and the effective planning of preventive measures.

Pasożyty pasożyta: wpływ *Giardiavirus* na *Giardia duodenalis*

Gianluca Marucci[1], Pierrick Lucas[2], Simona Cherchi[1], Serena Cecchetti[3], Giovanna Nunziata[1], Yannick Blanchard[2], Serena Camerini[3], Loredana Le Pera[3], Irene Ruspantini[3], Marialuisa Casella[3], Alfredo Pagliuca[3], Marco Lalle[1]

[1]Department of Infectious Diseases, Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy
[2]Viral Genetic and Biosecurity Unit, Ploufragan-Plouzané-Niort Laboratory, ANSES, Ploufragan, France
[3]Core Facilities, Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy

Autor korespondencyjny: gianluca.marucci@iss.it

Giardia duodenalis może być gospodarzem niewielkiego wirusa dsRNA, znanego jako *Giardiavirus* (GLV). Zidentyfikowano dwa blisko spokrewnione podtypy wirusa, GLVHP i GLVCAT, związane z odmiennymi fenotypami zarażenia. Celem niniejszego badania było poszerzenie aktualnej wiedzy na temat różnorodności GLV, zakresu jego żywicieli oraz biologicznego wpływu na *G. duodenalis*. W celu identyfikacji wirusów przeprowadzono analizę izolatów *G. duodenalis* pochodzących z różnych regionów świata. Wyizolowano całkowity RNA, który następnie poddano sekwencjonowaniu RNA w technologii Illumina w celu identyfikacji szczepów wirusa. Właściwości biologiczne izolatów GLV, obejmujące zakaźność oraz wpływ na namnażanie pasożyta i proces encystacji, oceniano poprzez eksperymentalne zarażenie niezainfekowanego izolatu *Giardia* WBC6. W celu poznania molekularnych podstaw fenotypów charakterystycznych dla poszczególnych podtypów przeprowadzono analizy transkryptomiczne i proteomiczne komórek WBC6 zarażonych GLVHP lub GLVCAT. Analizy filogenetyczne potwierdziły występowanie dwóch genetycznie odrębnych podtypów GLV – GLVHP i GLVCAT – różniących się zdolnością do transmisji oraz wpływem biologicznym. Podatność na zarażenie różniła się pomiędzy poszczególnymi grupami genetycznymi (*assemblages*) *Giardia*: AI i E były podatne na zarażenie, natomiast AII i B wykazywały oporność. Badania eksperymentalne wykazały silniejsze działanie hamujące GLVHP na namnażanie pasożyta i tworzenie cyst w porównaniu z GLVCAT. Analizy molekularne potwierdziły obserwowane różnice fenotypowe, wykazując odmienne odpowiedzi gospodarza na oba podtypy wirusa. GLVHP wywoływał bardziej wyraźne zmiany w szlakach związanych z odpowiedzią na stres, biologią błon komórkowych oraz wirulencją. Uzyskane wyniki wskazują, że poszczególne podtypy GLV w odmienny sposób wpływają na kluczowe cechy biologiczne *G. duodenalis*. Wyniki wspierają hipotezę, że GLV uczestniczą w modulowaniu cech pasożyta związanych z wirulencją, a także wskazują na ich potencjalne wykorzystanie jako celów lub narzędzi w opracowywaniu innowacyjnych strategii przeciwpasożytniczych.

Parasites of a parasite: *Giardiavirus* impact on *Giardia duodenalis*

Gianluca Marucci[1], Pierrick Lucas[2], Simona Cherchi[1], Serena Cecchetti[3], Giovanna Nunziata[1], Yannick Blanchard[2], Serena Camerini[3], Loredana Le Pera[3], Irene Ruspantini[3], Marialuisa Casella[3], Alfredo Pagliuca[3], Marco Lalle[1]

[1]Department of Infectious Diseases, Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy
[2]Viral Genetic and Biosecurity Unit, Ploufragan-Plouzané-Niort Laboratory, ANSES, Ploufragan, France
[3]Core Facilities, Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy

Corresponding author: gianluca.marucci@iss.it

Giardia duodenalis can host a small dsRNA virus known as *Giardiavirus* (GLV).
Two closely related viral subtypes, GLVHP and GLVCAT, associated with distinct infection phenotypes have been identified. This study aimed to expand current knowledge of GLV diversity, host range, and biological impact on *G. duodenalis.* A viral discovery approach was applied to *G. duodenalis* isolates collected worldwide. Total RNA was extracted and subjected to Illumina RNA sequencing to identify viral strains. The biological properties of GLV isolates, including infectivity, effects on parasite replication, and encystation, were investigated through experimental infections of the naïve *Giardia* WBC6 isolate. To explore the molecular basis of subtype-specific phenotypes, transcriptomic and proteomic analyses were performed on WBC6 cells infected with GLVHP or GLVCAT.
Phylogenetic analyses confirmed the existence of two genetically distinct GLV subtypes, GLVHP and GLVCAT, displaying different transmissibility and biological effects. Susceptibility to infection varied among *Giardia* assemblages: AI and E were susceptible, whereas AII and B were resistant. Experimental infections revealed a stronger inhibitory effect of GLVHP on parasite replication and cyst formation compared with GLVCAT. Molecular analyses supported these phenotypic differences, showing distinct host responses to the two viral subtypes, with GLVHP inducing more pronounced alterations in pathways related to stress response, membrane biology, and virulence.
Our findings demonstrate that distinct GLV subtypes differentially influence key biological features of *G. duodenalis*. They support the hypothesis that GLVs contribute to the modulation of parasite virulence-associated traits and highlight their potential as targets or tools for the development of innovative antiparasitic strategies.

SESJA VII

Zagrożenia pasożytnicze związane ze spożyciem ryb słodkowodnych

Vasco Menconi[1], Lisa Guardone[2], Giuseppe Arcangeli[1], Amedeo Manfrin[1], Federica Tosi[1], Andrea Gustinelli[3], Christine Müller-Graf[4], Mélanie Gay[5], Monica Caffara[3], Marino Prearo[6], Paolo Pastorino[6], Gianluca Marucci[7], Selene Rubiola[8], Andrea Armani[2], Maira Mateusa[9], Sasa Vasilev[10], Aneta Bełcik[11], Ewa Paździor[11], Weronika Korpysa-Dzirba[11], Giorgia Angeloni[1], Ewa Bilska-Zając[11]

[1]Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Italy;
[2]Department of Veterinary Sciences, University of Pisa, Italy;
[3]Department of Veterinary Medical Sciences, University of Bologna, Italy;
[4]Federal Institute for Risk Assessment (BfR), Germany;
[5]French agency for food, environmental and occupational health & safety, France;
[6]Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte Liguria e Valle D'Aosta, Italy;
[7]Department of Infectious Diseases, Istituto Superiore di Sanità, Italy;
[8]Department of Veterinary Sciences, University of Torino, Italy;
[9]Institute of Food Safety, Animal Health and Environment BIOR, Latvia;
[10]University of Belgrade, Institute for the Application of Nuclear Energy INEP, Serbia;
[11] Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy (PIWet-PIB), Zakład Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Zwierząt Wodnych, Polska

Autor korespondencyjny: VMenconi@izsvenezie.it

W ciągu ostatnich 20 lat spożycie ryb wzrosło na całym świecie, w tym również w Europie, sprawiając, że zoonotyczne helminty przenoszone przez ryby (FBZH, *fish-borne zoonotic helminths*) stanowią narastający, choć nadal niedostatecznie rozpoznany problem w zakresie bezpieczeństwa żywności. W 2024 roku EFSA dokonała ponownej oceny niektórych aspektów swojej opinii naukowej z 2010 roku, poświęcając większą uwagę zoonotycznym pasożytom ryb słodkowodnych. Nadal jednak brakuje wystarczająco wiarygodnych danych umożliwiających przeprowadzenie kompleksowej oceny ryzyka. W 2026 roku konsorcjum kierowane przez Polskę, z udziałem Włoch, Francji i Niemiec jako partnerów oraz Serbii i Łotwy jako obserwatorów, rozpoczęło finansowany przez EFSA projekt EURO-PAR-FISH. Wykorzystując podejście One Health, projekt ma na celu uzupełnienie luk w wiedzy dotyczącej najważniejszych zoonotycznych helmintów występujących u dzikich ryb słodkowodnych, w tym *Dibothriocephalus latus*, *Eustrongylides excisus*, *Clinostomum complanatum* oraz *Opisthorchis felineus*. Podczas gdy *D. latus* i *O. felineus* są uznanymi w Europie pasożytami zoonotycznymi przenoszonymi przez ryby, *C. complanatum* i *E. excisus* stanowią obecnie niewielkie zagrożenie zoonotyczne, a do tej pory w Europie nie odnotowano przypadków zarażeń ludzi tymi pasożytami. Ryby słodkowodne o znaczeniu handlowym, pochodzące z wybranych dorzeczy w krajach uczestniczących w projekcie, zostaną przebadane w kierunku obecności FBZH. Pasożyty będą identyfikowane na podstawie cech morfologicznych, a ich identyfikacja zostanie potwierdzona za pomocą analiz molekularnych opartych na sekwencjonowaniu. Dane dotyczące zarażeń u ludzi będą pozyskiwane z dokumentacji szpitalnej i uzupełniane badaniami anamnestycznymi dotyczącymi historii podróży oraz nawyków żywieniowych pacjentów. Projekt obejmuje również badania epidemiologiczne, analizy laboratoryjne oraz ocenę zachowań konsumentów związanych ze spożyciem ryb słodkowodnych.

Projekt EURO-PAR-FISH dostarczy danych epidemiologicznych i molekularnych dotyczących rozmieszczenia FBZH, zakresu ich żywicieli oraz potencjalnych dróg narażenia człowieka. Ustandaryzowana baza danych, integrująca dane parazytologiczne, molekularne i epidemiologiczne, umożliwi tworzenie map przestrzennego rozmieszczenia pasożytów oraz będzie stanowić podstawę przyszłych ocen ryzyka.

Zoonotic parasitic threats from freshwater fish consumption

Vasco Menconi[1], Lisa Guardone[2], Giuseppe Arcangeli[1], Amedeo Manfrin[1], Federica Tosi[1], Andrea Gustinelli[3], Christine Müller-Graf[4], Mélanie Gay[5], Monica Caffara[3], Marino Prearo[6], Paolo Pastorino[6], Gianluca Marucci[7], Selene Rubiola[8], Andrea Armani[2], Maira Mateusa[9], Sasa Vasilev[10], Aneta Bełcik[11], Ewa Paździor[11], Weronika Korpysa-Dzirba[11], Giorgia Angeloni[1], Ewa Bilska-Zajac[11]

[1]Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Italy;
[2]Department of Veterinary Sciences, University of Pisa, Italy;
[3]Department of Veterinary Medical Sciences, University of Bologna, Italy;
[4]Federal Institute for Risk Assessment (BfR), Germany;
[5]French agency for food, environmental and occupational health & safety, France;
[6]Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte Liguria e Valle D'Aosta, Italy;
[7]Department of Infectious Diseases, Istituto Superiore di Sanità, Italy;
[8]Department of Veterinary Sciences, University of Torino, Italy;
[9]Institute of Food Safety, Animal Health and Environment BIOR, Latvia;
[10]University of Belgrade, Institute for the Application of Nuclear Energy INEP, Serbia;
[11]National Veterinary Research Institute (PIWet), Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, Poland

Corresponding author: VMenconi@izsvenezie.it

Over the last 20 years, fish consumption has increased worldwide, including in Europe, making fish-borne zoonotic helminths (FBZH) an emerging yet under-recognised food safety concern. In 2024, EFSA re-evaluated aspects of its 2010 Scientific Opinion, increasing its focus on freshwater zoonotic parasites. However, robust data supporting comprehensive risk assessment remain scarce.

In 2026, a consortium led by Poland, with Italy, France, and Germany as partners and Serbia and Latvia as observers, launched the EFSA-funded EURO-PAR-FISH project. Using a One Health approach, the project addresses knowledge gaps concerning major zoonotic helminths in wild freshwater fish, including *Dibothriocephalus latus*, *Eustrongylides excisus*, *Clinostomum complanatum*, and *Opisthorchis felineus*. While *D. latus* and *O. felineus* are established fish-borne zoonotic parasites in Europe, *C. complanatum* and *E. excisus* currently represent minor zoonotic concerns, with no human infections reported in Europe to date.

Commercially relevant freshwater fish from selected basins across participating countries will be examined for FBZH. Parasites will be identified morphologically and confirmed using sequencing-based molecular analyses. Data on human infections will be collected from hospital records and complemented by anamnestic investigations of patients' travel history and dietary habits. The project also integrates epidemiological investigations, laboratory analyses, and assessment of consumer habits related to freshwater fish consumption.

EURO-PAR-FISH will generate epidemiological and molecular data on FBZH distribution, host range, and potential human exposure pathways. A standardised database integrating parasitological, molecular, and epidemiological data will support spatial distribution mapping and future risk assessment. The project will also develop standard operating procedures for parasite detection and molecular characterisation, supporting public health authorities in improving food safety measures.

Available data indicate a negligible risk of zoonotic parasite transmission through European aquaculture products, although inadequate biosecurity may increase this risk. Uncontrolled water intake, inadequate feed management, and poor farm hygiene may facilitate parasite introduction and maintenance. Effective biosecurity, hygiene, and farm management are therefore essential to maintain the currently negligible risk and prevent its emergence.

Od morza na talerz: niewidzialni pasażerowie - Anisakidae

Katarzyna Nadolna-Ałtyn

Morski Instytut Rybacki – Państwowy Instytut Badawczy, Gdynia, Polska

Autor korespondencyjny: knadolna@mir.gdynia.pl

Ryby są ważnym elementem diety człowieka. Szczególnie polecane są tłuste ryby morskie (np. łosoś, makrela, śledź), które są bogatym źródłem m.in. kwasów tłuszczowych omega-3. W przypadku Bałtyku ryby morskie pozyskuje się przez połowy ryb dzikożyjących. Należy pamiętać, że u ryb dzikich występowanie pasożytów jest regułą a nie wyjątkiem. Zagrożenie dla zdrowia konsumentów mogą stanowić zoonotyczne nicienie Anisakidae, które mają zdolność migracji poza przewód pokarmowy ryby (np. do wątroby lub mięśni, które są przedmiotem konsumpcji). Nicienie Anisakidae są niebezpieczne zarówno żywe (wywołują anisakidozę) jak i martwe (mogą powodować reakcje alergiczne). Celem badań było określenie ekstensywności i intensywności zarażenia nicieniami Anisakidae ryb z południowego Bałtyku. Szczególną uwagę zwrócono na gatunki ryb wykorzystywane konsumpcyjnie. W tym celu na przestrzeni dekady przebadano m.in. dorsze *Gadus morhua*, śledzie *Clupea harengus*, szproty *Sprattus sprattus*, łososie *Salmo salar*, belony *Belone belone*, stornie *Platichthys flesus*. Odnotowano występowanie nicieni Anisakidae u przedstawicieli każdego z wymienionych gatunków ryb. Wyniki porównano z wcześniejszymi badaniami z tego rejonu i zaobserwowano wzrost zarażenia ryb tymi pasożytami. Taki stan wynika m.in. ze wzrostu populacji foki szarej *Halichoerus grypus* w Bałtyku. Omówione zostaną wskazania mające na celu zminimalizowanie ryzyka dla konsumentów, jakie wiążą się ze spożyciem ryb morskich.

From the sea to the plate: invisible passengers – Anisakidae

Katarzyna Nadolna-Ałtyn

Morski Instytut Rybacki – Państwowy Instytut Badawczy, Gdynia, Polska

Corresponding author: knadolna@mir.gdynia.pl

Fish are an important component of the human diet. Fatty marine fish (e.g., salmon, mackerel, herring) are particularly recommended, as they are rich sources of nutrients such as omega-3 fatty acids. In the Baltic Sea, marine fish are obtained through the harvesting of wild stocks. It is important to note that the occurrence of parasites in wild fish is the rule rather than the exception. Zoonotic nematodes of the family Anisakidae pose a potential health risk to consumers, as they are capable of migrating beyond the digestive tract of the fish to the tissues such as the liver or the muscle which are intended for human consumption. Anisakidae nematodes are potentially hazardous both alive (causing anisakidosis) and dead (potentially triggering allergic reactions). The aim of this study was to determine the prevalence and intensity of Anisakidae nematode infections in fish from the southern Baltic Sea. Particular attention was paid to fish species intended for human consumption. Over the course of a decade, species such as cod *Gadus morhua*, herring *Clupea harengus*, European sprat *Sprattus sprattus*, Atlantic salmon *Salmo salar*, garfish *Belone belone* and European flounder *Platichthys flesus* were examined. The presence of Anisakidae nematodes was recorded in representatives of all the fish species examined. The results were compared with those of previous studies conducted in this region, revealing an increase in the prevalence of these parasites in fish. This trend may be attributed, among other factors, to the increasing population of grey seals (*Halichoerus grypus*) in the Baltic Sea. Recommendations aimed at minimizing the potential health risks to consumers associated with the consumption of marine fish will be discussed.

Między środowiskiem a zdrowiem – zoonotyczne helminty w glebach

Tomasz Cencek

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: tcencek@piwet.pulawy.pl

PIWet-PIB od połowy lat 90. prowadzi badania nad zanieczyszczeniem parazytologicznym nawozów organicznych, ścieków oraz gleb. W tym celu rutynowo poszukuje się jaj nicieni z rodzajów *Ascaris, Toxocara* i *Trichuris*. Stanowią one doskonałe wskaźniki sanitarne ze względu na powszechność występowania, potencjał zoonotyczny oraz wysoką odporność środowiskową. Kluczowym elementem tych prac jest opracowywanie i walidacja skutecznych metod diagnostycznych. Opracowane w instytucie procedury, wymagające minimum 30% odzysku jaj, stały się podstawą dwóch Polskich Norm.

Wykorzystując te metody, w latach 2014–2025 zbadano 1149 próbek substancji organicznych używanych nawozowo. Jaja helmintów wykryto w 450 z nich (w tym 171 zawierało żywe jaja). Równoległe analizy 133 próbek gleb ornych z pięciu województw wykazały obecność pasożytów w 67 próbkach (50,4%), z dominacją *Ascaris* spp. Poziom zanieczyszczenia zależał od regionu, terminu poboru oraz lokalnej struktury produkcji zwierzęcej.

Uzyskane wyniki potwierdzają, że gleba stanowi kluczowe ogniwo transmisji zoonotycznych helmintów między produkcją zwierzęcą, środowiskiem a łańcuchem żywnościowym. Wskazuje to na pilną potrzebę stałej kontroli parazytologicznej nawozów organicznych oraz systematycznego monitoringu stanu sanitarnego gleb wykorzystywanych w rolnictwie.

Between environment and health – zoonotic helminths in soils

Tomasz Cencek

Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Pulawy, Poland

Corresponding author: tcencek@piwet.pulawy.pl

Since the mid-1990s, NVRI has been conducting research on the parasitological contamination of organic fertilizers, sewage, and soils. For this purpose, eggs of nematodes belonging to the genera *Ascaris*, *Toxocara*, and *Trichuris* are routinely searched for. They serve as excellent sanitary indicators due to their prevalence, zoonotic potential, and high environmental resistance. A key element of this work is the development and validation of effective diagnostic methods. The procedures developed at the institute, requiring a minimum of 30% egg recovery, became the basis for two Polish Standards.

Using these methods, 1,149 samples of organic substances used as fertilizers were examined between 2014 and 2025. Helminth eggs were detected in 450 of them (including 171 containing viable eggs). Parallel analyses of 133 arable soil samples from five voivodeships showed the presence of parasites in 67 samples (50.4%), with a dominance of *Ascaris* spp. Contamination levels depended on the region, sampling date, and local livestock production structure.

The obtained results confirm that soil is a key transmission link for zoonotic helminths between livestock production, the environment, and the food chain. This points to an urgent need for continuous parasitological control of organic fertilizers and systematic monitoring of the sanitary status of soils used in agriculture.

SESJA PLAKATOWA

Określenie czasu inkubacji niezbędnego do oceny żywotności jaj *Ascaris suum* pochodzących z różnych źródeł

Radosław Badziak, Aleksandra Kominek, Dagmara Ochal, Jolanta Zdybel, Ewa Bilska-Zając, Jacek Karamon, Jacek Sroka, Tomasz Cencek

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: rbadziak@piwet.pulawy.pl

Celem badań było określenie optymalnego czasu inkubacji niezbędnego do dokładnej i skutecznej oceny żywotności jaj nicieni pasożytniczych. Do eksperymentu wykorzystano jaja *Ascaris suum* pozyskane z macic dojrzałych samic nicieni (grupa: U), odchodów świń (grupa: F) oraz odwodnionego osadu ściekowego (grupa: S). Jaja izolowano następującymi metodami: flotacji z użyciem nasyconego roztworu siarczanu magnezu, znormalizowaną metodą: PN-Z-19005:2018-10, oraz używając narzędzi chirurgicznych (izolacja jaj z macic). Jaja inkubowano w temperaturze 26-28 °C i obserwowano co tydzień przez 12 tygodni. Następnie jaja klasyfikowano jako martwe (DE – z deformacjami), żywe (LE – z ruchliwą larwą) lub o niepewnej żywotności (QE – bez rozwoju embrionalnego). Wyniki wykazały różnice w żywotności jaj między grupami U, F i S. Jaja wyizolowane z macic nicieni wykazywały wysoką żywotność i szybki rozwój larwalny, natomiast jaja z odchodów i osadu ściekowego charakteryzowały się opóźnionym rozwojem larwalnym. Czas potrzebny do potwierdzenia żywotności wszystkich jaj różnił się znacząco: grupa U osiągnęła ten etap po trzech tygodniach, podczas gdy w grupach F i S trwało to 8–12 tygodni. Ponadto 96% jaj grupy U przekształciło się w larwy, w porównaniu z 52% w grupie F i zaledwie 3% w grupie S. Badanie dostarcza informacji o optymalnych czasach inkubacji potrzebnych do oceny żywotności jaj *Ascaris suum*. Wyniki sugerują, że metody diagnostyczne, zwłaszcza w przypadku próbek osadu ściekowego, wymagają dłuższych okresów inkubacji.

Determining the incubation time required to assess viability of *Ascaris suum* eggs from different sources

Radosław Badziak, Aleksandra Kominek, Dagmara Ochal, Jolanta Zdybel, Ewa Bilska-Zając, Jacek Karamon, Jacek Sroka, Tomasz Cencek

Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases, and Aquatic Animal Diseases
National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: rbadziak@piwet.pulawy.pl

Our study aimed to determine the optimal incubation time required for an accurate and efficient assessment of the viability of parasitic nematode eggs. The experiment used *Ascaris suum* eggs from: the uteruses of mature female nematodes (group: U), pig faeces (group: F), and dewatered sewage sludge (group: S). The eggs were isolated by flotation using a saturated magnesium sulphate, standardised method: PN-Z-19005:2018-10 and using surgical instruments (isolation of eggs from uteruses). The eggs were incubated at a temperature of 26 - 28 °C and observed weekly for 12 weeks. The eggs were then classified as dead (DE—with deformities), alive (LE—with a motile larva), or of uncertain viability (QE—without embryonic development). The results revealed differences in egg viability between the U, F and S groups. Eggs isolated from nematode uteri exhibited high viability and rapid larval development, in contrast, eggs from faeces and sewage sludge were characterised by delayed larval development. The time required to confirm the viability of all the eggs varied significantly. Group U reached this stage after three weeks, whereas Groups F and S took 8–12 weeks. Furthermore, 96% of the eggs in Group U developed into larvae, compared to 52% in Group F and just 3% in Group S. This study provides information on the optimal incubation times required to assess the viability of *Ascaris suum* eggs. The results indicate that diagnostic methods using sewage sludge samples require longer incubation periods.

Ocena wewnątrzgatunkowego zróżnicowania genetycznego izolatów *Listeria monocytogenes* występujących w zakładach przetwórstwa żywności

Dalius Butkauskas, Donata Grikštaitė

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Laboratory of Molecular Ecology, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: dalius.butkauskas@gamtc.lt

Utrzymywanie się *Listeria monocytogenes* w środowisku zakładów przetwórstwa spożywczego stanowi jedno z najpoważniejszych wyzwań współczesnego bezpieczeństwa żywności. Określone szczepy klonalne *L. monocytogenes* mogą utrzymywać się w tych samych zakładach produkcyjnych przez miesiące, lata, a nawet dziesięciolecia. Taka długotrwała kolonizacja stanowi stałe źródło wtórnego zanieczyszczenia krzyżowego po zakończeniu procesów technologicznych, stwarzając zagrożenie dla produkcji żywności gotowej do spożycia. Nadal nierozwiązanym problemem pozostaje opracowanie czułej metody, która mogłaby stanowić alternatywę dla sekwencjonowania całogenomowego w badaniach przesiewowych dotyczących obecności *L. monocytogenes* w różnych obszarach zakładów przetwórstwa spożywczego oraz umożliwiałaby określenie częstości występowania i dróg transmisji poszczególnych szczepów bakterii w środowisku produkcyjnym. Głównym celem niniejszego badania była ocena wewnątrzgatunkowej różnorodności genetycznej izolatów *L. monocytogenes* występujących w różnych obszarach zakładów przetwórstwa spożywczego z wykorzystaniem ekonomicznych metod analiz molekularnych. Cały proces badawczy obejmował pobieranie próbek z różnych obszarów zakładów przetwórstwa spożywczego, namnażanie i przygotowanie izolatów *L. monocytogenes* hodowanych na odpowiednich podłożach, a następnie izolację i amplifikację swoistego gatunkowo fragmentu DNA. Kolejne etapy obejmowały zaprojektowanie i selekcję markerów służących do oceny wewnątrzgatunkowej różnorodności genetycznej oraz analizę zróżnicowania genetycznego szczepów na podstawie analiz filogenetycznych z wykorzystaniem nowo uzyskanych danych oraz publicznie dostępnych zasobów sekwencji DNA. Wyniki badania pozwoliły wytypować zestaw najbardziej informatywnych loci, które mogą zostać wykorzystane jako ekonomiczne cele molekularne do oceny zróżnicowania genetycznego szczepów *L. monocytogenes* oraz identyfikacji dróg ich transmisji w zakładach przetwórstwa spożywczego.

Assessment of intraspecific genetic diversity of *Listeria monocytogenes* isolates spread out in food processing facilities

Dalius Butkauskas, Donata Grikštaitė

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Laboratory of Molecular Ecology, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: dalius.butkauskas@gamtc.lt

The continual persistence of *Listeria monocytogenes* in food processing environments is one of the most critical challenges in modern food safety. The specific clonal strains of *L. monocytogenes* can reside in the same manufacturing facilities for months, years, or even decades. This persistent colonization acts as a chronic source of post-processing cross-contamination, threatening ready to eat food production.
The development of sensitive method that could be offered as an alternative to whole genome sequencing for screening of presence of *L. monocytogenes* in different compartments of food processing facilities in order to determine the prevalence and transmission routes of specific bacterial strains within the production environment remains unsolved. The main objective of the current study was to explore intraspecific genetic diversity of *L.monocytogenes* isolates found spread out in different compartments of food processing facilities based on cost-effective molecular analysis.
Whole process included sample collection at different compartments of food processing facilities, enrichment and preparation of *L. monocytogenes* isolates grown on specific medium following by extraction and amplification of species specific DNA fragment, designation and selection of markers for assessment of intraspecific genetic diversity, research of genetic differentiation of strains based on phylogenetic analysis of newly obtained and publicly available DNA data resources. The results of the study revealed set of the most informative loci that could be implemented as cost-effective molecular targets suitable for assessment of genetic differentiation of *L. monocytogenes* strains and identification of transmission routes of these strains at food processing facilities.

Deltakoronawirusy w krajowej populacji przepiórek

Katarzyna Domańska-Blicharz, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Joanna Sajewicz-Krukowska, Kamila Dziadek

Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: domanska@piwet.pulawy.pl

Celem pracy była charakterystyka molekularna deltakoronawirusów (dCoV) występujących w populacji przepiórek w Polsce. Badaniom poddano próbki narządów pobranych od przepiórek pochodzących z dwóch stad, jedno w 2015 r. oraz kolejne w 2026 r. W obu stadach przebieg choroby był zbliżony. Obserwowano ostre zapalenie jelit; najpierw u rodziców wystąpiła krótkotrwała biegunka, a wyklute potomstwo było osłabione; wodnista biegunka rozpoczęła się w 2.–4. dniu życia, trwała około 2 tygodni i towarzyszyła jej podwyższona śmiertelność wynosząca od 3 do 10 ptaków dziennie. Wykonano badania sekcyjne, a pobrane narządy poddano badaniom molekularnym. W jelitach ptaków z obu stad wykryto obecność deltakoronawirusa, który następnie poddano dokładnej charakterystyce molekularnej (NGS). Uzyskano pełny genom w próbkach przepiórek z 2015 r., o wielkości 25881 nt i strukturze 5'UTR-ORF1a/1b-S-E-M-NS6-N-NS7a-NS7b-3'UTR. Analiza filogenetyczna wykazała, że szczep QdCoV/PL/G032/2015 tworzył wspólną gałąź z innymi dCoV typu UEA-HKU30 z homologią nt na poziomie 92,4–92,6%, w pobliżu szczepów koronawirusów świńskich PdCoV HKU15. Z kolei w przypadku dCoV z 2026 r. uzyskano dotychczas sekwencję wysokokonserwatywnego fragmentu wirusowej polimerazy, której homologia do dCoV z 2015 r. wynosiła 98,1%. Deltakoronawirus przepiórek po raz pierwszy zidentyfikowano w Zjednoczonych Emiratach Arabskich w 2018 r. W Polsce po raz pierwszy zidentyfikowano go w próbkach przepiórek pobranych w 2015 r. W styczniu 2026 r. otrzymano ponownie próbki od przepiórek, w których identyfikowano podobny przebieg choroby. Wstępne badania molekularne wskazują na ich zróżnicowanie, co sugeruje ewolucję dCoV krążących w populacji tych ptaków w Polsce na przestrzeni ponad 10 lat.

Referencje:

1. Lau S.K.P., Wong E.Y.M., Tsang C., Ahmed S.S., Au-Yeung R.K.H., Yuen K., Wernery U., Woo P.C.Y.: Discovery and sequence analysis of four deltacoronavioruses from birds in the Middle East suggest interspecies jumping and recombination as potential mechanism for avian-to-avian and avian-to-mammalian transmission. J Virol 2018, 92:e00265-00218
2. Domańska-Blicharz K., Kuczkowski M., Sajewicz-Krukowska J.: Whole genome characterisation of quail deltacoronavirus detected in Poland. *Virus Genes*. 2019 Apr;55(2):243-247.

Deltacoronaviruses in the quail population in Poland

Katarzyna Domańska-Blicharz, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Joanna Sajewicz-Krukowska, Kamila Dziadek

National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: domanska@piwet.pulawy.pl

The aim of this study was to molecularly characterise of deltacoronaviruses (dCoV) in the quail population in Poland. The study involved samples of organs taken from quails from two flocks, one in 2015 and the other in 2026. The course of the disease was similar in both flocks. Acute enteritis was observed; the parent birds first developed short-lived diarrhoea, whilst the hatched chicks were debilitated; watery diarrhoea began on days 2–4 of life, lasted approximately 2 weeks and was accompanied by increased mortality ranging from 3 to 10 birds per day. Post-mortem examinations were carried out, and the organs collected were subjected to molecular testing. A deltacoronavirus was detected in the intestines of birds from both flocks, which was subsequently subjected to detailed molecular characterisation (NGS). A complete genome was obtained from the 2015 quail samples, measuring 25,881 nt and with the following structure: 5'UTR-ORF1a/1b-S-E-M-NS6-N-NS7a-NS7b - 3'UTR. Phylogenetic analysis showed that strain QdCoV/PL/G032/2015 formed a common branch with other UEA-HKU30-type dCoVs, with nucleotide homology of 92.4–92.6%, closely related to the swine coronavirus strains PdCoV HKU15. In contrast, for the 2026 dCoV, a sequence of a highly conserved fragment of the viral polymerase has so far been obtained, showing 98.1% homology with the 2015 dCoV**.** The quail deltacoronavirus was first identified in the United Arab Emirates in 2018. In Poland, it was first identified in quail samples collected in 2015. In January 2026, further samples were obtained from quail, in which a similar clinical course of the disease was identified. Preliminary molecular studies indicate that these viruses are distinct, suggesting that the dCoVs circulating in the quail population in Poland have evolved over a period of more than 10 years.

References:

1. Lau S.K.P., Wong E.Y.M., Tsang C., Ahmed S.S., Au-Yeung R.K.H., Yuen K., Wernery U., Woo P.C.Y.: Discovery and sequence analysis of four deltacoronavioruses from birds in the Middle East suggest interspecies jumping and recombination as potential mechanism for avian-to-avian and avian-to-mammalian transmission. J Virol 2018, 92:e00265-00218
2. Domańska-Blicharz K., Kuczkowski M., Sajewicz-Krukowska J.: Whole genome characterisation of quail deltacoronavirus detected in Poland. *Virus Genes*. 2019 Apr;55(2):243-247.

Wstępne wyniki identyfikacji molekularnej gatunków *Sarcocystis* u kóz w Algierii

Naglis Gudiškis[1], Petras Prakas[1], Abdeldjalil Dahmane[2], Reghaissia Nassiba[3], Samari Houssem[4], Abdelkarim Laatamna[5], Donatas Šneideris[1], Dalius Butkauskas[1]

[1]Laboratory of Molecular Ecology, State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania
[2]Department of Veterinary Sciences, Faculty of Nature and Life Sciences, and Earth and Universe Sciences, University of Biskra, Biskra, Algeria
[3]Laboratory of Sciences and Living Techniques, Institute of Agronomic and Veterinary Sciences, University of Souk Ahras, Souk Ahras, Algeria
[4]Faculty of Sciences, University of M'sila, M'sila, Algeria
[5]Laboratory of Exploration and Valorization of Steppic Ecosystems, Faculty of Nature and Life Sciences, University of Djelfa, Djelfa, Algeria

Autor korespondencyjny: naglis.gudiskis@gamtc.lt

Gatunki należące do rodzaju *Sarcocystis* są szeroko rozpowszechnionymi pasożytami z typu Apicomplexa, charakteryzującymi się obligatoryjnym, dwużywicielowym cyklem rozwojowym, obejmującym mięsożernych żywicieli ostatecznych oraz roślinożernych żywicieli pośrednich. Kozy (*Capra hircus*) pełnią funkcję żywicieli pośrednich dla kilku gatunków *Sarcocystis*, jednak różnorodność oraz rozmieszczenie geograficzne tych pasożytów nadal nie są w pełni poznane. Celem niniejszego badania była zatem identyfikacja gatunków *Sarcocystis* występujących u kóz w Algierii. Łącznie pobrano 70 próbek mięśnia sercowego od kóz z Algierii. Ze wszystkich próbek wyizolowano genomowe DNA, które następnie poddano analizie metodą nested PCR z wykorzystaniem starterów swoistych gatunkowo, ukierunkowanych na mitochondrialny gen *cox1*. Wstępne analizy molekularne wykazały, że oprócz *Sarcocystis capracanis* u kóz w Algierii mogą występować również *Sarcocystis arieticanis* oraz *Sarcocystis tenella* – gatunki, w przypadku których dotychczas za typowych żywicieli pośrednich uznawano owce. Wyniki te wskazują, że różnorodność gatunków *Sarcocystis* zarażających kozy może być większa, niż dotychczas przypuszczano. Uzyskane wstępne wyniki poszerzają aktualną wiedzę na temat zarażeń *Sarcocystis* u kóz oraz dostarczają kolejnych dowodów wskazujących, że swoistość żywicielska w obrębie podrodziny Caprinae może być szersza, niż tradycyjnie zakładano. Konieczne są jednak dalsze badania molekularne obejmujące większą liczbę próbek w celu potwierdzenia uzyskanych wyników oraz lepszego poznania epidemiologii i zakresu żywicieli poszczególnych gatunków *Sarcocystis*.

Interim results of the molecular identification of *Sarcocystis* species in goats from Algeria

Naglis Gudiškis[1], Petras Prakas[1], Abdeldjalil Dahmane[2], Reghaissia Nassiba[3], Samari Houssem[4], Abdelkarim Laatamna[5], Donatas Šneideris[1], Dalius Butkauskas[1]

[1]Laboratory of Molecular Ecology, State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania
[2]Department of Veterinary Sciences, Faculty of Nature and Life Sciences, and Earth and Universe Sciences, University of Biskra, Biskra, Algeria
[3]Laboratory of Sciences and Living Techniques, Institute of Agronomic and Veterinary Sciences, University of Souk Ahras, Souk Ahras, Algeria
[4]Faculty of Sciences, University of M'sila, M'sila, Algeria
[5]Laboratory of Exploration and Valorization of Steppic Ecosystems, Faculty of Nature and Life Sciences, University of Djelfa, Djelfa, Algeria

Corresponding author: naglis.gudiskis@gamtc.lt

Species of the genus *Sarcocystis* are widespread apicomplexan parasites with an obligatory two-host life cycle involving carnivorous definitive hosts and herbivorous intermediate hosts. Goats (*Capra hircus*) serve as intermediate hosts for several *Sarcocystis* species, but the diversity and geographical distribution of these parasites remain incompletely understood. Therefore, this study aimed to identify the *Sarcocystis* species infecting goats from Algeria. A total of 70 heart muscle samples were collected from goats in Algeria. Genomic DNA was extracted from all samples and analysed by nested PCR using species-specific primers targeting the mitochondrial *cox1* gene. Preliminary molecular analyses revealed that, in addition to *Sarcocystis capracanis*, Algerian goats may also harbour *Sarcocystis arieticanis* and *Sarcocystis tenella*, species previously considered to use sheep as their typical intermediate hosts. These findings indicate that the diversity of *Sarcocystis* species infecting goats may be greater than previously recognised. The preliminary results expand current knowledge of *Sarcocystis* infections in goats and provide further evidence that host specificity within the subfamily Caprinae may be broader than traditionally assumed. Nevertheless, additional molecular investigations with a larger sample size are required to confirm these findings and better understand the epidemiology and host range of *Sarcocystis* species in goats

Niemal synchroniczne wydalanie oocyst *Toxoplasma gondii* u czterech niewychodzących kociąt po ekspozycji na komercyjną dietę BARF – unikatowa seria przypadków w ujęciu One Health

Dawid Jańczak[1,2], Jakub Kędziorek[2]

[1]Katedra Chorób Zakaźnych, Inwazyjnych oraz Administracji Weterynaryjnej, Instytut Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Toruń, Polska
[2]Laboratoria Weterynaryjne Animallab, Warszawa, Polska

Autor korespondencyjny: parazytologia.vet@gmail.com

Kotowate są jedynymi żywicielami ostatecznymi *Toxoplasma gondii*, a spożycie cyst tkankowych może prowadzić do wydalania znacznej liczby oocyst [1]. Praca przedstawia nietypowe ognisko zarażenia u czterech niewychodzących kociąt z jednego miotu, które wcześniej nie otrzymywały w diecie surowego mięsa. Cztery 11-tygodniowe kocięta otrzymywały przez cztery dni tę samą partię komercyjnej diety BARF. Po wystąpieniu biegunki wykonano badanie mikroskopowe kału, testy FeLV/FIV, Giardia/FCoV/FPV oraz PCR w kierunku *Salmonella* spp., *Tritrichomonas foetus* i *Cryptosporidium* spp. Wykryte w kale oocysty *T. gondii*-like izolowano po flotacji. W celu potwierdzenia wydalania *T. gondii* wykonano PCR dla powtarzalnego fragmentu 529 bp i fragmentu genu B1. Wykonano genotypowanie PCR-RFLP obejmujące markery: B1, SAG1, 5′SAG2, 3′SAG2, SAG3, BTUB i GRA6 [2]. U wszystkich czterech kociąt biegunka wystąpiła w przedziale 3-5 dni od zjedzenia surowego mięsa. W niezależnych próbkach kału wszystkich zwierząt wykryto oocysty *T. gondii*-like. Badania PCR potwierdziły wydalenie oocyst *T. gondii*. Pozostałe badania w kierunku chorób zakaźnych i pasożytniczych były ujemne. Wszystkie izolaty wykazywały profil zgodny z linią klonalną II. Matka kociąt była klinicznie zdrowa, seronegatywna (IgM oraz IgG-anty *T. gondii*) i nie wydalała oocyst pierwotniaka z kałem. Jednoczesne wystąpienie objawów, niemal synchroniczne wydalanie oocyst oraz zgodny profil genotypowy u kociąt z jednego miotu silnie wskazują na wspólne źródło zarażenia. Brak próbki karmy uniemożliwił jego bezpośrednie potwierdzenie. Przypadek zwraca uwagę na potencjalne znaczenie diet surowych jako ogniwa łączącego zdrowie zwierząt, bezpieczeństwo żywności i skażenie środowiska oocystami *T. gondii* w koncepcji One Health.

Referencje:

1. Dubey J.P. Comparative infectivity of oocysts and bradyzoites of *Toxoplasma gondii* for intermediate and definitive hosts. *Vet Parasitol.* 2006;140:69-75.
2. Su C., Zhang X., Dubey J.P. Genotyping of *Toxoplasma gondii* by multilocus PCR-RFLP markers. *Int J Parasitol.* 2006;36:841-848.

Near-synchronous shedding of *Toxoplasma gondii* oocysts in four indoor kittens following exposure to a commercial BARF diet – a unique case series from a One Health perspective

Dawid Jańczak[1,2], Jakub Kędziorek[2]

[1]Department of Infectious and Invasive Diseases and Veterinary Administration, Institute of Veterinary Medicine, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland
[2]Animallab Veterinary Laboratories, Warsaw, Poland

Corresponding author: parazytologia.vet@gmail.com

Felids are the only definitive hosts of *Toxoplasma gondii*, and ingestion of tissue cysts may result in the shedding of large numbers of oocysts [1]. This study describes an unusual case of infection in four indoor littermate kittens that had not previously been fed with raw meat. Four 11-week-old kittens were fed the same batch of a commercial BARF diet for four days. Following the onset of diarrhea, microscopic fecal examination, FeLV/FIV and Giardia/FCoV/FPV tests, and PCR assays for *Salmonella* spp., *Tritrichomonas foetus*, and *Cryptosporidium* spp. were performed. *T. gondii*-like oocysts detected in the feces were recovered by flotation technique. To confirm *T. gondii* shedding, PCR assays targeting the 529-bp repetitive fragment and a fragment of the B1 gene were performed. PCR-RFLP genotyping included the B1, SAG1, 5′SAG2, 3′SAG2, SAG3, BTUB, and GRA6 markers [2]. Diarrhea developed in all four kittens within 3-5 days after ingestion of raw meat. *T. gondii*-like oocysts were detected in individual fecal samples from all animals. PCR confirmed the shedding of *T. gondii* oocysts. All other tests for infectious and parasitic diseases were negative. All isolates showed a genotype profile consistent with clonal type II. The queen was clinically healthy, seronegative for anti-*T. gondii* IgM and IgG antibodies, and did not shed *T. gondii* oocysts in the feces. The simultaneous onset of clinical signs, near-synchronous oocyst shedding, and concordant genotype profiles among littermates strongly suggest a common source of infection. The lack of a food sample prevented direct confirmation of the source. This case highlights the potential importance of raw diets as a link between animal health, food safety, and environmental contamination with *T. gondii* oocysts within the One Health framework.

References:

1. Dubey J.P. Comparative infectivity of oocysts and bradyzoites of *Toxoplasma gondii* for intermediate and definitive hosts. *Vet Parasitol.* 2006;140:69-75.
2. Su C., Zhang X., Dubey J.P. Genotyping of *Toxoplasma gondii* by multilocus PCR-RFLP markers. *Int J Parasitol.* 2006;36:841-848.

Wstepne dane dotyczące zarażeń *Toxascaris leonina* u lisów rudych (*Vulpes vulpes*) i jenotów (*Nyctereutes procyonoides*) na Litwie

Evelina Juozaitytė-Ngugu[1], Evelina Maziliauskaitė[1], Valerija Žiliūtė[2], Petras Prakas[1], Dalius Butkauskas[1]

[1]State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania
[2]Institute of Biosciences, Life Sciences Centre of Vilnius University, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: evelina.ngugu@gamtc.lt

Toxascaris leonina jest kosmopolitycznym nicieniem jelitowym występującym u domowych i dzikich psowatych oraz kotowatych. Chociaż pasożyt ten jest znacznie słabiej poznany niż gatunki z rodzaju *Toxocara*, jest szeroko rozpowszechniony i powszechnie stwierdzany w populacjach zwierząt mięsożernych na całym świecie. Badania epidemiologiczne dotyczące *T. leonina* są nieliczne i często mają ograniczony zakres. *Toxascaris leonina* charakteryzuje się bezpośrednim cyklem rozwojowym, w którym w jajach rozwijają się inwazyjne larwy trzeciego stadium; drobne ssaki mogą sporadycznie pełnić funkcję żywicieli paratenicznych. W latach 2023–2025 przebadano łącznie 30 próbek jelit pochodzących od dzikich psowatych z Litwy – 16 lisów rudych (*Vulpes vulpes*) oraz 14 jenotów (*Nyctereutes procyonoides*) – w kierunku obecności nicieni z rodzaju *Toxocara*, wykorzystując metody mikroskopowe i molekularne. Ponadto zastosowano koproskopową metodę flotacji z wykorzystaniem roztworu sacharozy oraz nasyconego roztworu soli w celu porównania wykrywalności zarażenia *T. leonina* na podstawie obecności dorosłych nicieni i jaj. Dalszą analizę molekularną przeprowadzono poprzez amplifikację i analizę regionów wewnętrznych transkrybowanych sekwencji rozdzielających (ITS1–ITS2) oraz genu podjednostki 5 dehydrogenazy NADH (ND5), co umożliwiło identyfikację *T. leonina* na poziomie gatunku. Analiza mikroskopowa potwierdziła zarażenie *T. leonina*, na podstawie obecności dorosłych nicieni i/lub jaj, u 9 (30%) spośród przebadanych psowatych. Prewalencja zarażenia była wyższa u lisów rudych (37,5%) niż u jenotów (21,4%). Niniejsze badanie stanowi pierwsze molekularne potwierdzenie obecności *T. leonina* w próbkach jelit pochodzących od lisów rudych i jenotów na Litwie, uzyskane z wykorzystaniem markerów genetycznych ITS1–ITS2 i ND5. Na podstawie porównania różnic wewnątrz- i międzygatunkowych wykazano, że *Toxascaris leonina* charakteryzuje się większym poziomem zmienności genetycznej w regionie ND5 niż w regionie ITS1–ITS2.

First insights into *Toxascaris leonina* infection in red foxes (*Vulpes vulpes*) and raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoide*s) in Lithuania

Evelina Juozaitytė-Ngugu[1], Evelina Maziliauskaitė[1], Valerija Žiliūtė[2], Petras Prakas[1], Dalius Butkauskas[1]

[1]State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania
[2]Institute of Biosciences, Life Sciences Centre of Vilnius University, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: evelina.ngugu@gamtc.lt

Toxascaris leonina is a cosmopolitan intestinal nematode of domestic and wild canids and felids. Although generally less studied than *Toxocara* spp., it is widely distributed and commonly found in carnivore populations worldwide. Epidemiological studies of *T. leonina* are scattered and have often been limited. *Toxascaris leonina* has a direct life cycle, with infective third-stage larvae developing in eggs; small mammals may occasionally serve as paratenic hosts. In 2023-2025, a total of 30 intestinal samples from wild canids (16 red foxes (*Vulpes vulpes*), 14 common raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoides*)) collected in Lithuania were examined for the presence of *Toxocara* nematodes using microscopic and molecular techniques. Furthermore, copromicroscopic flotation with sucrose and saturated saline solutions was used to compare *T. leonina* infection detected through adult worms and eggs. Further molecular analysis was performed by amplifying and analyzing the internal transcribed spacer (ITS1-ITS2) and NADH dehydrogenase subunit 5 (ND5) regions to enable species-level identification of *T. leonina*. Microscopic analysis confirmed *T. leonina* infection, based on the presence of adults and/or eggs, in 9 (30%) of examined canids. Infection prevalence was higher in red foxes (37.5%) than in common raccoon dogs (21.4%). This study represents the first molecular confirmation of T. leonina in intestinal samples from red foxes and common raccoon dogs in Lithuania, using the ITS1-ITS2 and ND5 genetic markers. *Toxascaris leonina* showed greater levels of genetic variation in the ND5 region than in the ITS1-ITS2 region, based on comparisons of intraspecific and interspecific differences.

Różnorodność gatunkowa *Sarcocystis* oraz morfometria sporocyst u trzech gatunków psowatych będących żywicielami ostatecznymi: lisa rudego (*Vulpes vulpes*), jenota (*Nyctereutes procyonoides*) i wilka szarego (*Canis lupus*) z Litwy

Tamara Kalashnikova, Donatas Šneideris, Evelina Juozaitytė-Ngugu, Dalius Butkauskas, Petras Prakas

Laboratory of Molecular Ecology, State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: tamara.kalashnikova@gamtc.lt

Pasożyty z rodzaju *Sarcocystis* charakteryzują się dwużywicielowym cyklem rozwojowym, obejmującym żywiciela pośredniego (IH, rozmnażanie bezpłciowe), który zaraża się poprzez spożycie zanieczyszczonego pokarmu lub wody, oraz żywiciela ostatecznego (DH, rozmnażanie płciowe), który zaraża się poprzez drapieżnictwo [1]. Lis rudy (*Vulpes vulpes*), wilk szary (*Canis lupus*) i jenot (*Nyctereutes procyonoides*) wykorzystują tereny rolnicze i mogą uczestniczyć w transmisji gatunków *Sarcocystis* na zwierzęta gospodarskie. Przebadano 67 żywicieli ostatecznych (28 lisów rudych, 13 wilków szarych i 26 jenotów) pod kątem obecności 15 gatunków *Sarcocystis*, dla których żywicielami pośrednimi są „domowe" lub „dzikie" zwierzęta kopytne. Dla każdej grupy obliczono wskaźnik różnorodności Shannona (H) oraz wskaźnik równomierności Pielou (J), a wielkość sporocyst porównano pomiędzy żywicielami z wykorzystaniem programu R oraz jednoczynnikowej analizy wariancji ANOVA z testami post-hoc Tukeya. Normalność rozkładu oceniano za pomocą wykresów QQ, a wyniki dotyczące szerokości sporocyst potwierdzono testem Kruskala-Wallisa. Równomierność była wysoka we wszystkich grupach (J=0,90–0,99), bez dominacji któregokolwiek gatunku, natomiast różnorodność Shannona była konsekwentnie wyższa w grupie „dzikich" niż „domowych" żywicieli pośrednich. Najwyższą ogólną różnorodność stwierdzono u wilka szarego (H=2,04/1,54), natomiast najniższą w grupie „domowych" żywicieli pośrednich odnotowano u jenota (H=0,69). Szerokość ($F = 72,19$; $p < 0,001$) oraz długość sporocyst ($F=329,72$; $p < 0,001$) różniły się istotnie pomiędzy żywicielami (we wszystkich porównaniach Tukeya $p \leq 0,028$), przy czym sporocysty były większe u wilka szarego niż u pozostałych badanych żywicieli. Wyniki te wskazują, że analizowane gatunki psowatych różniły się pod względem udziału gatunków *Sarcocystis* zarażających dzikie i domowe zwierzęta, a także wielkości sporocyst, co prawdopodobnie odzwierciedla różnice w sposobie użytkowania siedlisk oraz zachowaniach pokarmowych. Podkreśla to istotną rolę dzikich psowatych w transmisji *Sarcocystis*.

Referencje:

1. Dubey, J.P.; Calero-Bernal, R.; Rosenthal, B.M.; Speer, C.A.; Fayer, R. Sarcocystosis of Animals and Humans, 2nd ed.; CRC Press: Boca Raton, FL, USA, 2016.

Sarcocystis diversity and sporocyst morphometrics in three canid definitive hosts: red fox (*Vulpes vulpes*), raccoon dog (*Nyctereutes procyonoides*), and grey wolf (*Canis lupus*) from Lithuania

Tamara Kalashnikova, Donatas Šneideris, Evelina Juozaitytė-Ngugu, Dalius Butkauskas, Petras Prakas

Laboratory of Molecular Ecology, State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: tamara.kalashnikova@gamtc.lt

Sarcocystis parasites have a dixenous lifecycle, alternating between an intermediate host (IH, asexual reproduction) infected by ingestion of contaminated food or water and a definitive host (DH, sexual reproduction) infected via predation [1]. Red fox (*Vulpes vulpes*), grey wolf (*Canis lupus*) and raccoon dog (*Nyctereutes procyonoides*) use farmland and may transmit Sarcocystis species to livestock. We examined 67 DH (28 red foxes, 13 grey wolves, and 26 raccoon dogs) for the presence of 15 Sarcocystis species that use “Domestic” or “Wild” ungulates as IH. Shannon diversity (H) and Pielou's evenness (J) were calculated per group, and sporocyst size was compared among hosts using R software and one-way ANOVA with Tukey post-hoc tests; normality was assessed via QQ plots, and the Kruskal-Wallis test confirmed width results. Evenness was high across all groups (J=0.90–0.99), with no dominant species, while Shannon diversity was consistently higher in the “Wild” than “Domestic” IH group. Grey wolf showed the highest overall diversity (H=2.04/1.54), and raccoon dog the lowest in "Domestic" (H=0.69). Sporocyst width ($F=72.19$, $p<0.001$) and length ($F=329.72$, $p<0.001$) differed significantly among hosts (all Tukey comparisons $p\leq0.028$), with sporocysts larger in grey wolf compared to other examined hosts. These results show that analysed canids differed in the proportion of Sarcocystis species that infect wild versus domestic animals, and in sporocyst size, likely reflecting differences in habitat use and feeding behaviour. This highlights the important role that wild canids play in Sarcocystis transmission.

References:

1. Dubey, J.P.; Calero-Bernal, R.; Rosenthal, B.M.; Speer, C.A.; Fayer, R. Sarcocystosis of Animals and Humans, 2nd ed.; CRC Press: Boca Raton, FL, USA, 2016.

Toxoplasma gondii u drobiu na Słowacji – badania seroepidemiologiczne

Dominik Kaňuk[1, 2], Daniela Antolová[1], Daniela Valentová[3], Katarína Strišková[3]

[1] Institute of Parasitology SAS, Košice, Slovakia
[2] University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia
[3] State Veterinary and Food Institute, Bratislava, Slovakia

Autor korespondencyjny: kanuk@saske.sk

Toksoplazmoza jest zoonozą przenoszoną przez żywność o istotnym znaczeniu na całym świecie, stanowiącą poważne zagrożenie szczególnie dla kobiet w ciąży oraz osób z obniżoną odpornością. Do zarażenia człowieka dochodzi głównie poprzez spożycie oocyst obecnych w środowisku lub wodzie albo poprzez spożycie niedogotowanego mięsa zawierającego cysty tkankowe *Toxoplasma gondii*. Drób utrzymywany w systemie wolnowybiegowym stanowi cenny wskaźnik zanieczyszczenia środowiska oocystami *T. gondii* ze względu na sposób pobierania pokarmu z podłoża i może przyczyniać się do transmisji pasożyta zarówno na żywicieli ostatecznych (koty), jak i na ludzi poprzez spożycie mięsa zarażonego drobiu, chociaż kliniczna toksoplazmoza jest rzadko obserwowana u drobiu. Celem badania było monitorowanie seroprewalencji *T. gondii* u indyków i kur, ze szczególnym uwzględnieniem kur niosek oraz kur ze stad reprodukcyjnych na Słowacji. Próbki surowicy pobierano we współpracy z Państwowym Instytutem Weterynaryjnym i Żywności w Bratysławie od stycznia do grudnia 2024 roku. Wyniki wykazały obecność przeciwciał IgG przeciwko *T. gondii* w 14 spośród 145 próbek pochodzących od indyków (9,7%) oraz w 28 spośród 234 próbek pochodzących od kur (12,0%). Nasze badanie potwierdziło, że obecność *T. gondii* u drobiu stanowi potencjalne zagrożenie dla zdrowia publicznego związane ze spożyciem produktów drobiowych pochodzących od drobiu dodatniego w kierunku *T. gondii*.

Podziękowania: Badania zostały sfinansowane w ramach projektu VEGA 2/0024/24.

Toxoplasma gondii in poultry in Slovakia – seroepidemiological study

Dominik Kaňuk[1,2], Daniela Antolová[1], Daniela Valentová[3], Katarína Strišková[3]

[1] Institute of Parasitology SAS, Košice, Slovakia
[2] University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia
[3] State Veterinary and Food Institute, Bratislava, Slovakia

Corresponding author: kanuk@saske.sk

Toxoplasmosis is a globally important foodborne zoonosis that poses a significant risk, particularly to pregnant women and immunocompromised individuals. Human infection occurs mainly through the ingestion of environmentally or waterborne oocysts or by consuming undercooked meat containing *Toxoplasma gondii* tissue cysts. Free-range poultry serve as valuable indicators of environmental contamination with *T. gondii* oocysts due to their ground-feeding behavior and may contribute to the parasite's transmission to both definitive hosts (cats) and humans through the consumption of infected poultry meat, although clinical toxoplasmosis is rarely observed in poultry.
The study aimed to monitor the seroprevalence of *T. gondii* in turkeys and hens, specifically in laying hens and breeder hens in Slovakia. Serum samples were collected in cooperation with the State Veterinary and Food Institute in Bratislava between January and December 2024. The results showed that IgG antibodies to *T. gondii* were detected in 14 of 145 turkey samples (9.7%) and 28 of 234 chicken samples (12.0%).
Our study confirmed that the presence of *T. gondii* in poultry constitutes a potential public health risk through the consumption of poultry products derived from *T. gondii*-positive poultry.

Acknowledgement: The research was financially supported by the project VEGA 2/0024/24.

Komary jako wektory groźnych patogenów w aglomeracji warszawskiej – monitoring molekularny i identyfikacja zagrożeń zdrowotnych

Bartosz Kaszubski

Katedra Biologii Ogólnej i Parazytologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa, Polska

Autor korespondencyjny: bartoszkaszubski123@gmail.com

Komary są jednymi z najpowszechniejszych i jednocześnie najuciążliwszych owadów na świecie. Wiele gatunków z rodzajów *Aedes*, *Anopheles* i *Culex* to skuteczne wektory patogenów odpowiadających za liczne, często groźne choroby zakaźne ludzi i zwierząt. W skali globalnej komary odpowiadają za transmisję między innymi: wirusa Zachodniego Nilu, wirusa Usutu oraz pasożytniczych nicieni z rodzaju *Dirofilaria*. W ostatnich latach zmiany klimatyczne oraz procesy urbanizacji znacząco wpłynęły na występowanie i funkcjonowanie komarów w Europie, również w Polsce. W obliczu dynamicznych zmian klimatycznych, urbanizacyjnych oraz ekologicznych, konieczne staje się prowadzenie systematycznego monitoringu komarów. Ze względu na duże ryzyko szybkiej transmisji, dotyczy to zwłaszcza obszarów o dużym zagęszczeniu ludności - takich jak Warszawa. Celem badania była ocena obecności potencjalnie niebezpiecznych patogenów (wirusowych oraz pasożytniczych) w populacjach komarów występujących na terenie Warszawy i okolic. Badanie zakładało identyfikację materiału genetycznego patogenów takich jak: wirus Usutu (USUV), wirus Zachodniego Nilu (WNV) i zoonotycznych nicieni z rodzaju *Dirofilaria*. Komary zbierano na terenie Warszawy i okolic w okresie od sierpnia 2025 do sierpnia 2026. Zebrane owady pulowano, a następnie izolowano materiał genetyczny (RNA oraz DNA). Przeprowadzono analizę molekularną RNA w kierunku wirusa Zachodniego Nilu oraz Usutu. W celu wykrycia DNA *Dirofilarii* użyto Real-Time PCR.

Mosquitoes as vectors of dangerous pathogens in the Warsaw agglomeration – molecular monitoring and identification of health hazards

Bartosz Kaszubski

Department of General Biology and Parasitology, Medical University of Warsaw, Warsaw, Poland

Corresponding author: bartoszkaszubski123@gmail.com

Mosquitoes are among the most common and, at the same time, most troublesome insects in the world. Many species from the genera *Aedes*, *Anopheles*, and *Culex* are effective vectors of pathogens responsible for numerous, often dangerous, infectious diseases in humans and animals. On a global scale, mosquitoes are responsible for the transmission of, among others: West Nile virus, Usutu virus, and parasitic nematodes of the genus *Dirofilaria*. In recent years, climate change and urbanization processes have significantly influenced the occurrence and functioning of mosquitoes in Europe, including Poland. In the face of dynamic climatic, urban, and ecological changes, systematic mosquito monitoring becomes essential. Due to the high risk of rapid transmission, this especially applies to densely populated areas, such as Warsaw. The aim of the study was to assess the presence of potentially dangerous pathogens (viral and parasitic) in mosquito populations of Warsaw and its surroundings. The study involved identifying the genetic material of pathogens such as: Usutu virus (USUV), West Nile virus (WNV), and zoonotic nematodes of the genus *Dirofilaria*. Mosquitoes were collected in Warsaw and its vicinity between August 2025 and August 2026. The collected insects were pooled, and then the genetic material (RNA and DNA) was isolated. Molecular analysis of RNA was performed for West Nile virus and Usutu virus. Real-Time PCR was used to detect *Dirofilaria* DNA.

Alpaki jako źródło zoonotycznych gatunków *Cryptosporidium* związanych ze środowiskiem sylwatycznym

Agnieszka Kaupke[1], Artur Rzeżutka[1], Monika Krajewska-Wędzina[1, 2], Pamela Turcewicz[3],

[1] Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska
[2] Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Lublin, Polska
[3] Gabinet Weterynaryjny Omni-Vet w Bielawie, Polska

Autor korespondencyjny: agnieszka.kaupke@piwet.pulawy.pl

Celem pracy była ocena występowania zarażeń i identyfikacja gatunków *Cryptosporidium* spp. u alpak utrzymywanych Polsce z uwzględnieniem obecności zoonotycznych gatunków pierwotniaka.
Materiał do badań stanowiło 206 próbek kału alpak pozyskanych w latach 2023-2024 z 57 gospodarstw w Polsce zajmujących się hodowlą alpak rasy huacaya w celach rekreacyjnych, terapeutycznych, a także produkcji wysokogatunkowej wełny. Próbki pobierano od alpak będących w dwóch grupach wiekowych: do 6 m-ca (n = 142), i > 6 m-ca - 1 roku życia (n = 64). Ekstrakcję DNA *Cryptosporidium* z kału przeprowadzano zmodyfikowaną metodą lizy alkalicznej, natomiast detekcję i identyfikację gatunków oraz genotypów pierwotniaka metodą *18SSU rRNA* - PCR (1, 2, 3) i testem *GP60* nested-PCR w połączeniu z analizą sekwencyjną (4). Obecność DNA *Cryptosporidium* wykryto w 1,9% (4/206) badanych próbkach kału. Zarażenia głównie dotyczyły alpak młodych - cria (3/142) do 6 m-ca życia, jak również stwierdzono infekcję u jednego osobnika (1/64) w wieku 9 m-cy. Analiza sekwencyjna uzyskanych amplikonów fragmentu genu *18SSU rRNA* i *GP60* wskazała na obecność *Cryptosporidium alticolis* (*C. alticolis*), *Cryptosporidium ditrichi* (*C. ditrichi*) i *Cryptosporidium erinacei* (*C. erinacei*). Wykryto również zoonotyczny szczep *C. ubiquitum* o genotypie XIIa. U alpak w Polsce po raz pierwszy wykryto sylwatyczne gatunki pasożyta tj. *C. alticolis, C. ditrichi* i *C. erinacei,* chociaż ich obecność nie dowodzi czynnej inwazji u tego gatunku zwierząt. Naturalnym rezerwuarem *C. alticolis* i *C. ditrichi* są dziko żyjące gryzonie i drapieżne ssaki, natomiast dla *C. erinacei* ssaki z rodziny jeżowatych. Nie bez znaczenia jest również fakt, że zarówno *C. ditrichi* jak i *C. erinacei* wykrywano u ludzi, a inwazje wiązano z kontaktem człowieka z gryzoniami lub ściekami. Alpaki mogą być również źródłem zarażenia człowieka zoonotycznym *C. ubiquitum.*

Referencje:

1. Millar, C., Moore, J., Lowery, C., McCorry, K., Dooley, J. Successful PCR amplification of genomic DNA from *Cryptosporidium parvum* oocysts extracted from a human faecal sample: a rapid and simple method suited for outbreak analysis. *Int. J. Hyg. Environ. Health* 204, 191-194 (2001).
2. Rzeżutka, A., Kaupke, A. Occurrence and molecular identification of *Cryptosporidium* species isolated from cattle in Poland. *Vet. Parasitol*. 196, 301-306 (2013).
3. Xiao, L., Escalante, L., Yang, C., Sulaiman, I., Escalante, A.A., Montali, R.J., Fayer, R., Lal, A.A. Phylogenetic analysis of *Cryptosporidium* parasites based on the small-subunit rRNA gene locus. *Appl. Environ. Microbiol*. 65, 1578-1583 (1999).
4. Li N., Xiao L., Alderisio K., Elwin K., Cebelinski E., Chalmers R., Santin M., Fayer R., Kvac M., Ryan U., Sak B, Stanko M., Guo Y., Wang L., Zhang L., Cai J., Roellig D., Feng Y. Subtyping *Cryptosporidium ubiquitum*, a zoonotic pathogen emerging in humans. *Emerg. Infect. Dis.* 20, 217-224 (2014).

Badania sfinansowano ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach tematu nr S/562.

Alpacas as a source of zoonotic *Cryptosporidium* species associated with the sylvatic environment

Agnieszka Kaupke[1], Artur Rzeżutka[1], Monika Krajewska-Wędzina[1, 2], Pamela Turcewicz[3],

[1] National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland
[2] University of Life Sciences in Lublin, Poland
[3] Omni-Vet Veterinary Clinic in Bielawa, Poland

Corresponding author: agnieszka.kaupke@piwet.pulawy.pl

The aim of the study was to assess *Cryptosporidium* spp. infections and identify the species present in alpacas kept in Poland, with particular regard to potentially zoonotic species. The study material consisted of 206 fecal samples collected between 2023 and 2024 from 57 farms in Poland raising Huacaya alpacas for recreational, therapeutic, and fiber production purposes. Samples were obtained from alpacas in two age groups: up to 6 months old and between 6 months and 1 year of age. *Cryptosporidium* DNA was extracted from feces using an alkaline lysis method, while detection and identification of species and genotypes were performed using 18S SSU rRNA PCR and nested GP60 PCR assays. *Cryptosporidium* DNA was detected in 1.9% (4/206) of the fecal samples. The parasite infections were found in young alpacas (crias, n=3) under 6 months of age. Analysis of the obtained amplicons (18S SSU rRNA and GP60 gene fragments) identified *Cryptosporidium alticolis* (*C. alticolis*), *Cryptosporidium ditrichi* (*C. ditrichi*), and *Cryptosporidium erinacei* (*C. erinacei*). The zoonotic strain *C. ubiquitum* (genotype XIIa) was also detected. Sylvatic *Cryptosporidium* species-specifically *C. alticolis*, *C. ditrichi*, and *C. erinacei* - were detected in alpacas in Poland for the first time, although their pathogenicity in this animal species has not been established. Wild rodents and carnivores serve as natural reservoirs for *C. alticolis* and *C. ditrichi*, whereas members of the hedgehog family act as reservoirs for *C. erinacei*. It is also significant that both *C. ditrichi* and *C. erinacei* have been detected in humans, with infections linked to contact with rodents or sewage. Alpacas can also harbor the zoonotic species *C. ubiquitum*, which poses a risk to humans.

Referencje:

1. Millar, C., Moore, J., Lowery, C., McCorry, K., Dooley, J. Successful PCR amplification of genomic DNA from *Cryptosporidium parvum* oocysts extracted from a human faecal sample: a rapid and simple method suited for outbreak analysis. *Int. J. Hyg. Environ. Health* 204, 191-194 (2001).
2. Rzeżutka, A., Kaupke, A. Occurrence and molecular identification of *Cryptosporidium* species isolated from cattle in Poland. *Vet. Parasitol*. 196, 301-306 (2013).
3. Xiao, L. Escalante, L., Yang, C, Sulaiman, I, Escalante, AA, Montali, RJ, Fayer, R, Lal, A.A. Phylogenetic analysis of *Cryptosporidium* parasites based on the small-subunit rRNA gene locus. *Appl. Environ. Microbiol*. 65, 1578-1583 (1999).
4. Li N., Xiao L., Alderisio K., Elwin K., Cebelinski E., Chalmers R., Santin M., Fayer R., Kvac M., Ryan U., Sak B, Stanko M., Guo Y., Wang L., Zhang L., Cai J., Roellig D., Feng Y. Subtyping *Cryptosporidium ubiquitum*, a zoonotic pathogen emerging in humans. *Emerg. Infect. Dis.* 20, 217-224 (2014).

Financial support was received from the Ministry of Science and Higher Education of Poland (research project no. S/562).

Badanie gatunków *Sarcocystis* w mięśniach żwaczy świń na Litwie

Asta Kupčinskienė, Naglis Gudiškis, Paulina Sirvydytė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas

Laboratory of Molecular Ecology, State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: asta.kupcinskiene@gamtc.lt

Sarcocystis jest rodzajem pasożytniczych pierwotniaków obejmującym ponad 220 opisanych gatunków. Większość gatunków *Sarcocystis* charakteryzuje się obligatoryjnym, dwużywicielowym cyklem rozwojowym obejmującym żywiciela pośredniego, w którego tkankach rozwijają się sarkocysty, oraz żywiciela ostatecznego, u którego zachodzi rozmnażanie płciowe. Świnie (*Sus scrofa domesticus*) są żywicielami pośrednimi kilku gatunków *Sarcocystis*. Niektóre z tych pasożytów mają szczególne znaczenie, ponieważ człowiek może pełnić funkcję żywiciela ostatecznego i zarazić się poprzez spożycie zanieczyszczonej wieprzowiny. Ponadto dostępnych jest niewiele aktualnych danych dotyczących zarażeń *Sarcocystis* u świń w Europie. Celem niniejszego badania była identyfikacja gatunków *Sarcocystis* w próbkach wieprzowiny pochodzących z Litwy. Łącznie pobrano 30 próbek mięśni żwaczy świń z litewskich rzeźni. W ramach analizy mikroskopowej próbki mięśni badano metodą kompresji tkanki barwionej błękitem metylenowym. W celu molekularnej oceny składu gatunkowego *Sarcocystis* próbki poddano sztucznemu trawieniu pepsyną, a następnie izolacji genomowego DNA. Gatunki *Sarcocystis* identyfikowano za pomocą konwencjonalnego PCR oraz nested PCR z wykorzystaniem starterów swoistych gatunkowo, ukierunkowanych na mitochondrialny gen *cox1*. W badaniu mikroskopowym nie stwierdzono widocznych sarkocyst w żadnej z próbek, co mogło wynikać z młodego wieku zwierząt, nieprzekraczającego sześciu miesięcy. Analiza molekularna z wykorzystaniem nested PCR wykazała jednak, że 33,3% próbek było dodatnich w kierunku *Sarcocystis miescheriana*, gatunku przenoszonego za pośrednictwem psowatych. Nie wykryto zoonotycznego gatunku *Sarcocystis suihominis*. Te wstępne wyniki podkreślają znaczenie metod molekularnych w wykrywaniu zarażeń *Sarcocystis* u świń i wskazują na potrzebę przeprowadzenia dalszych badań obejmujących większą liczbę próbek.

Investigation of *Sarcocystis* species in pig masseter muscles in Lithuania

Asta Kupčinskienė, Naglis Gudiškis, Paulina Sirvydytė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas

Laboratory of Molecular Ecology, State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: asta.kupcinskiene@gamtc.lt

Sarcocystis is a genus of protozoan parasites comprising more than 220 described species. Most *Sarcocystis* species have an obligatory two-host life cycle involving an intermediate host, in which sarcocysts develop in tissues, and a definitive host, in which sexual reproduction takes place. Pigs (*Sus scrofa domesticus*) are intermediate hosts for several *Sarcocystis* species. Some of these parasites are of particular importance, as humans can serve as definitive hosts and become infected through the consumption of contaminated pork. Furthermore, there is scarce recent data regarding *Sarcocystis* infection in pigs from Europe. The aim of this study was to identify *Sarcocystis* species in pork samples from Lithuania. A total of 30 pig masseter muscle samples were collected from Lithuanian slaughterhouses. For microscopic analysis, muscle samples were examined using the methylene blue-stained tissue compression technique. For the molecular assessment of *Sarcocystis* species composition, samples were subjected to artificial pepsin digestion followed by genomic DNA extraction. *Sarcocystis* species were identified using conventional and nested PCR with species-specific primers targeting the mitochondrial *cox1* gene. Microscopic examination revealed no visible sarcocysts in any of the samples, possibly due to the young age of the animals, not older than six months. However, molecular analysis using nested PCR showed that 33.3% of the samples were positive for the *Sarcocystis miescheriana* transmittable through canids. The zoonotic *Sarcocystis suihominis* was not detected. These preliminary findings highlight the importance of molecular methods for detecting *Sarcocystis* infections in pigs and indicate that further studies with a larger sample size are needed.

Molekularna identyfikacja *Sarcocystis* u drobnych ssaków: linie genetyczne związane z wężami, ptakami i ssakami w śródziemnomorskiej części Hiszpanii

Dovilė Laisvūnė Bagdonaitė[1], Ruth Rodríghez-Pastor[2], Petras Prakas[1], Dalius Butkauskas[1], Javier Millán[2,3,4]

[1]State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Lithuania;
[2]Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (Universidad de Zaragoza-CITA), Spain;
[3]Fundación ARAID, Spain
[4]One Health Institute, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Chile

Autor korespondencyjny: dovile.bagdonaite@gamtc.lt

Drobne ssaki, tj. gryzonie, tupaje oraz przedstawiciele rzędu Eulipotyphla, stanowią najliczniejszą pod względem liczby gatunków grupę ssaków na świecie [1]. Obecnie znanych jest ponad 50 gatunków *Sarcocystis*, dla których drobne ssaki są żywicielami pośrednimi (IH), natomiast węże, ptaki lub ssaki mięsożerne pełnią funkcję żywicieli ostatecznych (DH). Badania w tym zakresie pozostają jednak fragmentaryczne i nieliczne ze względu na stosunkowo niską prewalencję tych pasożytów u drobnych ssaków oraz ograniczoną przydatność powszechnie stosowanych metod badawczych [2]. Celem niniejszej pracy było określenie prewalencji i bogactwa gatunkowego *Sarcocystis* sp. u najczęściej występujących drobnych ssaków w śródziemnomorskiej części Hiszpanii oraz ocena wpływu czynników biotycznych i abiotycznych na występowanie tych pasożytów. Próbki pobierano zarówno w siedliskach naturalnych, jak i na terenach rolniczych, podczas wszystkich czterech pór roku. Zbiorcze próbki serca, płuc i mózgu pochodzące od 371 osobników reprezentujących trzy gatunki – myszy algierskiej, myszy zaroślowej i zębiełka – badano metodą nPCR ukierunkowaną na region *28S* rRNA. Wszystkie próbki dodatnie poddano następnie sekwencjonowaniu metodą Sangera. Najwyższą prewalencję *Sarcocystis* spp. stwierdzono u zębiełków (28%). Najniższą prewalencję pasożytów odnotowano jesienią, natomiast nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy siedliskami. Analiza sekwencji *28S* rRNA wykazała obecność 11 linii *Sarcocystis*. Na podstawie porównawczej analizy sekwencji oraz analizy filogenetycznej przypuszcza się, że większość zidentyfikowanych linii wykorzystuje węże jako żywicieli ostatecznych. Trzy linie były związane z ptakami, natomiast dwie prawdopodobnie wykorzystują ssaki jako żywicieli ostatecznych. Uzyskane wyniki wskazują na znaczną różnorodność *Sarcocystis* u drobnych ssaków w śródziemnomorskiej części Hiszpanii oraz dostarczają nowych informacji na temat cykli transmisji tych pasożytów.

Referencje:

1. Morand S, Krasnov BR, Poulin R and Degen AA (2006) Micromammals and macroparasites: Who is who and how do they interact? In Morand S, Krasnov BR, Poulin R (eds). Micromammals and Macroparasites: From Evolutionary Ecology to Management. Tokyo, Japan: Springer-Verlag Tokyo, pp. 3–9. doi: 10.1007/978-4-431-36025-4.
2. Dubey J P, Calero-Bernal R, Rosenthal B M, Speer C A, and Fayer R (2015) Sarcocystosis of Animals and Humans, 2nd edn. Boca Raton, FL, USA: CRC Press. doi: 10.1201/b19184.

Molecular identification of *Sarcocystis* in micromammals: snake, bird and mammal associated lineages in Mediterranean Spain

Dovilė Laisvūnė Bagdonaitė[1], Ruth Rodríghez-Pastor[2], Petras Prakas[1], Dalius Butkauskas[1], Javier Millán[2,3,4]

[1]State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Lithuania;
[2]Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (Universidad de Zaragoza-CITA), Spain;
[3]Fundación ARAID, Spain
[4]One Health Institute, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Chile

Corresponding author: dovile.bagdonaite@gamtc.lt

Micromammals, namely rodents, tree shrews and eulipotyphlans, represent the most species-rich mammalian group worldwide [1]. Currently, over 50 *Sarcocystis* species are known to use micromammals as IHs and snakes, birds or carnivorous mammals as definitive hosts (DH). However, the research remains quite fragmented and sparce, due to relatively low parasite prevalence rates in the micromammals and limited suitability of commonly used methodology [2]. The aim of this work was to determine the prevalence and species richness of *Sarcocystis* sp. in the most commonly found micromammals in Mediterranean Spain and determine the influence of biotic and abiotic factors in the parasite occurrence. Samples were collected in both natural and agricultural habitats across all four seasons. Pool of heart, lungs and brain of 371 individuals representing three species: Algerian mice, wood mice and white-toothed shrew were screened using nPCR targeting *28S* rRNA. All positive samples were further analysed with Sanger sequencing. Highest prevalence of *Sarcocystis* spp. was observed in white-toothed shrews (28 %). The lowest parasite prevalence was detected in autumn, whereas no significant differences were observed between habitats. Analysis of *28S* rRNA sequences revealed 11 *Sarcocystis* lineages. Based on comparative sequence and phylogenetic analysis are most of these lineages are suspected to use snakes as DH, three lineages were associated with birds and two lineages likely utilize mammals as DH. Current results reveal substantial diversity of *Sarcocystis* in Mediterranean micromammals and provide new insights into their transmission cycles.

References:

1. Morand S, Krasnov BR, Poulin R and Degen AA (2006) Micromammals and macroparasites: Who is who and how do they interact? In Morand S, Krasnov BR, Poulin R (eds). Micromammals and Macroparasites: From Evolutionary Ecology to Management. Tokyo, Japan: Springer-Verlag Tokyo, pp. 3–9. doi: 10.1007/978-4-431-36025-4.
2. Dubey J P, Calero-Bernal R, Rosenthal B M, Speer C A, and Fayer R (2015) Sarcocystosis of Animals and Humans, 2nd edn. Boca Raton, FL, USA: CRC Press. doi: 10.1201/b19184.

Dystrybucja i identyfikacja molekularna *Trichinella* spp. u dzikich ssaków mięsożernych na Litwie

Evelina Maziliauskaitė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Laboratory of Molecular Ecology, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: evelina.maziliauskaite@gamtc.lt

Trichinella spp. są zoonotycznymi nicieniami wywołującymi włośnicę – chorobę pasożytniczą przenoszoną przez żywność, do której dochodzi w wyniku spożycia surowego lub niedogotowanego mięsa zawierającego larwy inwazyjne. Dzikie ssaki mięsożerne odgrywają istotną rolę w utrzymywaniu sylwatycznego cyklu *Trichinella* spp. i stanowią rezerwuar zarażenia dla innych dzikich zwierząt, zwierząt domowych oraz ludzi. Celem badania było określenie prewalencji oraz składu gatunkowego *Trichinella* spp. u dzikich ssaków mięsożernych na Litwie. Łącznie przebadano 195 dzikich ssaków mięsożernych (102 psowate, 71 łasicowatych, 13 szopowatych i 9 kotowatych) pozyskanych na Litwie. Larwy *Trichinella* wykrywano metodą sztucznego trawienia, a intensywność zarażenia wyrażano jako liczbę larw na gram (LPG) tkanki mięśniowej. Z każdego dodatniego zwierzęcia izolowano pojedynczo do dziesięciu larw w celu przeprowadzenia analizy molekularnej. Identyfikację gatunkową przeprowadzono metodą multiplex PCR ukierunkowaną na markery genetyczne ESV i ITS1, a następnie wykonano elektroforezę w żelu agarozowym. Larwy *Trichinella* wykryto u 49 (25,1%) spośród przebadanych zwierząt. Najwyższą prewalencję stwierdzono u psowatych (39,2%), następnie u kotowatych (22,2%) i łasicowatych (9,9%), natomiast u szopowatych nie wykryto larw *Trichinella*. Wśród psowatych i łasicowatych najwyższy odsetek zarażonych osobników stwierdzono odpowiednio u wilków i kun leśnych. Intensywność zarażenia wynosiła od 0,08 do 51,34 LPG u psowatych, od 0,20 do 4,20 LPG u łasicowatych oraz od 9,00 do 10,62 LPG u kotowatych. Analiza molekularna wykazała obecność *Trichinella britovi* i *Trichinella spiralis*. Dalszy nadzór nad występowaniem *Trichinella* na Litwie ma kluczowe znaczenie dla pogłębienia wiedzy na temat epidemiologii zarażeń tymi pasożytami oraz oceny ryzyka dla zdrowia zwierząt i zdrowia publicznego.

Distribution and molecular identification of *Trichinella* spp. in wild carnivorous mammals from Lithuania

Evelina Maziliauskaitė, Dalius Butkauskas, Petras Prakas

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Laboratory of Molecular Ecology, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: evelina.maziliauskaite@gamtc.lt

Trichinella spp. are zoonotic nematodes that cause trichinellosis, a foodborne parasitic disease acquired through the consumption of raw or undercooked meat containing infective larvae. Wild carnivorous mammals play an important role in maintaining the sylvatic cycle of *Trichinella* spp. and serve as reservoirs of infection for other wildlife, domestic animals, and humans. We aimed to investigate the prevalence and species composition of *Trichinella* spp. in wild carnivorous mammals in Lithuania. Overall, 195 wild carnivorous mammals (102 canids, 71 mustelids, 13 procyonids, 9 felids) collected in Lithuania were examined. *Trichinella* larvae were detected using the artificial digestion method, and larval burden was expressed as larvae per gram (LPG) of muscle tissue. Up to ten larvae were individually isolated from each positive animal for molecular analysis. Species identification was performed by multiplex PCR targeting the ESV and ITS1 genetic markers, followed by agarose gel electrophoresis. *Trichinella* larvae were detected in 49 (25.1%) of the examined animals. The highest prevalence was observed in canids (39.2%), followed by felids (22.2%) and mustelids (9.9%), whereas no *Trichinella* larvae were detected in procyonids. Wolves and pine martens showed the highest infection rate among canids and mustelids, respectively. Larval burden ranged from 0.08 to 51.34 LPG in canids, 0.20 to 4.20 LPG in mustelids, and 9.00 to 10.62 LPG in felids. Molecular analysis identified *Trichinella britovi* and *Trichinella spiralis*. Further surveillance in Lithuania is essential for improving our understanding of the epidemiology of *Trichinella* infections and assessing the risk to animal and public health.

Immunoprofilaktyka kokcydiozy kur: analiza trendów rynku szczepionek w Polsce oraz Unii Europejskiej w latach 2020–2025

Katarzyna Pasik, Ewa Borzym, Agnieszka Nowakowska, Ewa Łysiak, Agnieszka Nadzieja

Dział Kontroli Produktów Leczniczych Weterynaryjnych,
Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: katarzyna.pasik@piwet.pulawy.pl

Celem pracy była analiza trendów rynku szczepionek przeciwko kokcydiozie kur w Polsce i Unii Europejskiej w latach 2020–2025 na podstawie danych Oficjalnego Laboratorium Kontroli Produktów Leczniczych (OMCL) oraz krajowych danych sprzedażowych. Przeanalizowano dane z krajowej bazy sprzedaży weterynaryjnych produktów leczniczych oraz bazy OMCL dotyczącej kontroli serii szczepionek w Unii Europejskiej. Obliczono liczbę dawek szczepionek sprzedanych w Polsce oraz liczbę dawek zwolnionych do obrotu na rynku Unii Europejskiej w latach 2020–2025. Szczepionki sklasyfikowano według rodzaju preparatu, procedury dopuszczenia do obrotu, składu gatunkowego rodzaju *Eimeria* oraz kraju produkcji. Dane opracowano z wykorzystaniem metod statystyki opisowej i analizy porównawczej. W latach 2020–2025 liczba dawek szczepionek przeciwko kokcydiozie zwalnianych do obrotu na rynku Unii Europejskiej wykazywała tendencję wzrostową i zwiększyła się o 35%, podczas gdy sprzedaż szczepionek w Polsce utrzymywała się na względnie stabilnym poziomie. Łącznie polskie laboratorium OMCL zwolniło do obrotu 6,26 mld dawek szczepionek przeciwko kokcydiozie kur przeznaczonych na rynek Unii Europejskiej. Dominującym krajem produkcji tych szczepionek była Hiszpania (75%). Wszystkie dostępne preparaty stanowiły żywe szczepionki, z których większość dopuszczono do obrotu w procedurze centralnej. Wśród immunopreparatów dominowały szczepionki wielowalentne zawierające trzy główne patogenne gatunki rodzaju *Eimeria*: *E. acervulina*, *E. maxima* i *E. tenella*, natomiast część preparatów zawierała dodatkowo *E. brunetti, E. necatrix, E. praecox* lub *E. mitis*. Kokcydioza pozostaje jedyną pasożytniczą chorobą kur, przeciwko której szczepienia są powszechnie stosowane w produkcji drobiarskiej. Przeprowadzona analiza wykazała stabilny poziom sprzedaży szczepionek w Polsce oraz wzrost liczby dawek zwalnianych do obrotu na rynku Unii Europejskiej. Połączenie krajowych danych sprzedażowych z wynikami kontroli serii prowadzonych przez laboratorium OMCL stanowi wartościowe narzędzie monitorowania rynku szczepionek i wspiera ocenę strategii profilaktyki kokcydiozy drobiu.

Referencje

1. Rosłoń M. et al. Vaccinations and Functional Feed Supplements as Alternatives to Coccidiostats for the Control of Coccidiosis in Raising Broiler Chickens. Animals. 2025;15:2548.
2. Ahmad R. et al. Management and Control of Coccidiosis in Poultry – A Review. Anim Biosci. 2024;37(1):1–15.
3. Pasik K., Łysiak E. Quality Control of Immunological Veterinary Medicinal Products in Europe. J Vet Res. 2019;63(4):587–595.

Immunoprophylaxis of chicken coccidiosis: analysis of vaccine market trends in Poland and the European Union (2020–2025)

Katarzyna Pasik, Ewa Borzym, Agnieszka Nowakowska, Ewa Łysiak, Agnieszka Nadzieja

Department of Veterinary Medicinal Products Control, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: katarzyna.pasik@piwet.pulawy.pl

The aim of this study was to analyze trends in the chicken coccidiosis vaccine market in Poland and the European Union between 2020 and 2025 based on data from the Official Medicines Control Laboratory (OMCL) and national vaccine sales data. Data from the national database of veterinary medicinal product sales and the OMCL database on batch release of vaccines in the European Union were analyzed. The numbers of vaccine doses sold in Poland and released to the European Union market between 2020 and 2025 were calculated. Vaccines were classified according to vaccine type, marketing authorization procedure, *Eimeria* species composition, and country of manufacture. Data were analyzed using descriptive statistical methods and comparative analysis. Between 2020 and 2025, the number of coccidiosis vaccine doses released to the European Union market showed an upward trend, increasing by 35%, whereas vaccine sales in Poland remained relatively stable. Overall, the Polish OMCL released 6.26 billion doses of chicken coccidiosis vaccines to the European Union market. Spain was the leading country of vaccine production, accounting for 75% of all vaccines. All commercially available products were live vaccines, the majority of which had been authorized through the centralized procedure. Multivalent vaccines predominated among the immunological veterinary medicinal products and contained the three major pathogenic *Eimeria* species, *E. acervulina*, *E. maxima*, and *E. tenella*, whereas some products additionally contained *E. brunetti*, *E. necatrix*, *E. praecox*, or *E. mitis*. Chicken coccidiosis remains the only parasitic disease of chickens for which vaccination is widely used in commercial poultry production. The present analysis demonstrated stable vaccine sales in Poland and an increasing number of vaccine doses released to the European Union market. The combined analysis of national sales data and OMCL batch release data provides a valuable tool for monitoring the vaccine market and supports the evaluation of coccidiosis prevention strategies in poultry.

References:

1. Rosłoń M. et al. Vaccinations and Functional Feed Supplements as Alternatives to Coccidiostats for the Control of Coccidiosis in Raising Broiler Chickens. Animals. 2025;15:2548.
2. Ahmad R. et al. Management and Control of Coccidiosis in Poultry – A Review. Anim Biosci. 2024;37(1):1–15.
3. Pasik K., Łysiak E. Quality Control of Immunological Veterinary Medicinal Products in Europe. J Vet Res. 2019;63(4):587–595.

Histopatologiczne potwierdzenie zarażenia wolno żyjących żubrów pierwotniakami z rodzaju *Sarcocystis*

Anna Maria Pyziel[1], Izabella Dolka[2], Anna Didkowska[3], Wanda Olech[4], Eglė Rudaitytė-Lukošienė[5], Petras Prakas[5], Evelina Juozaitytė-Ngugu[5]

[1] Katedra Ochrony Zdrowia Publicznego i Dobrostanu Zwierząt, Instytut Medycyny Weterynaryjnej, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Polska
[2] Katedra Patologii i Diagnostyki Weterynaryjnej, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Polska
[3] Katedra Higieny Żywności i Ochrony Zdrowia Publicznego, Instytut Medycyny Weterynaryjnej, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Polska
[4] Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt, Instytut Nauk o Zwierzętach, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Polska
[5] State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: anna.pyziel@umk.pl

Celem niniejszych badań była ocena występowania pierwotniaków z rodzaju *Sarcocystis* w tkance mięśniowej żubrów z wykorzystaniem metod histopatologicznych. Zbadano próbki mięśni języka, przełyku, przepony oraz mięśnia sercowego pobrane od 16 żubrów z terenu Bieszczad. Kompletne próbki mięśni uzyskano od 12 osobników. W jednym przypadku nie pobrano próbki przełyku, natomiast w dwóch przypadkach nie były dostępne próbki przepony i mięśnia sercowego. Łącznie zbadano 59 próbek tkanki mięśniowej. Materiał utrwalano w 10% buforowanej formalinie, następnie odwadniano w roztworach etanolu o wzrastającym stężeniu oraz w ksylenie, po czym zatapiano w parafinie. Skrawki o grubości 4 μm barwiono hematoksyliną i eozyną (H&E). Cysty mięśniowe stwierdzono u 15 z 16 badanych żubrów oraz w 31 spośród 59 analizowanych próbek (52,5%). Najwyższą prewalencję zarażenia stwierdzono w mięśniu sercowym (85,7%). Cysty wykryto również w 56,3% próbek języka oraz w 46,7% próbek przełyku. Najrzadziej notowano je w przeponie (21,4%).
Obserwowane cysty miały kształt owalny, okrągły lub wrzecionowaty i były wypełnione bradyzoitami o charakterystycznym sierpowatym (bananowatym) kształcie. W 19 spośród 31 dodatnich próbek tkanki mięśniowej stwierdzono łagodny do umiarkowanego, ogniskowy naciek zapalny, złożony z komórek jednojądrzastych, głównie limfocytów i komórek plazmatycznych, zlokalizowanych między włóknami mięśniowymi. Ponadto obserwowano łagodne do umiarkowanych zmiany zwyrodnieniowe, martwicę oraz fragmentację włókien mięśniowych, a także przekrwienie i włóknienie towarzyszące obecności cyst *Sarcocystis*. W pojedynczych przypadkach stwierdzano również ogniskowy zanik włókien mięśniowych, miejscowe wylewy krwi oraz obrzęk. Sarkocystoza występuje powszechnie u żubrów z terenu Bieszczad, przy czym cysty najczęściej lokalizują się w mięśniu sercowym.

Badania zostały dofinansowane ze środków Funduszu Leśnego Lasów Państwowych zgodnie z umowami OR.271.3.10.2017 i EZ.281.3.8.25.

Histopathological confirmation of *Sarcocystis* infection in free-ranging European bison

Anna Maria Pyziel[1], Izabella Dolka[2], Anna Didkowska[3], Wanda Olech[4], Eglė Rudaitytė-Lukošienė[5], Petras Prakas[5], Evelina Juozaitytė-Ngugu[5]

[1] Department of Public Health Protection and Animal Welfare, Faculty of Biological and Veterinary Sciences, Institute of Veterinary Medicine, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland
[2] Department of Pathology and Veterinary Diagnostics, Faculty of Veterinary Medicine, Warsaw University of Life Sciences, Poland
[3] Department of Food Hygiene and Public Health Protection, Institute of Veterinary Medicine, Warsaw University of Life Sciences, Poland
[4] Department of Animal Genetics and Conservation, Institute of Animal Sciences, Warsaw University of Life Sciences, Poland
[5] State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: anna.pyziel@umk.pl

The aim of this study was to assess the occurrence of *Sarcocystis* spp. in the muscle tissue of European bison using histopathological methods. Samples of the tongue, oesophagus, diaphragm, and cardiac muscle were collected from 16 European bison from the Bieszczady region. Complete sets of muscle samples were obtained from 12 individuals. In one case, an oesophageal sample was not collected, while in two cases, diaphragm and cardiac muscle samples were unavailable. A total of 59 muscle tissue samples were examined. The material was fixed in 10% buffered formalin, subsequently dehydrated in solutions of ethanol of increasing concentrations and in xylene, and then embedded in paraffin. Sections 4 μm thick were stained with haematoxylin and eosin (H&E). Muscle cysts were detected in 15 of the 16 European bison examined and in 31 of the 59 analysed samples (52.5%). The highest prevalence of infection was found in cardiac muscle (85.7%). Cysts were also detected in 56.3% of tongue samples and 46.7% of oesophageal samples. They were least frequently observed in the diaphragm (21.4%). The observed cysts were oval, round, or spindle-shaped and were filled with bradyzoites displaying a characteristic crescent-shaped (banana-shaped) morphology. In 19 of the 31 positive muscle tissue samples, mild to moderate focal inflammatory infiltrates composed of mononuclear cells, predominantly lymphocytes and plasma cells, were observed between the muscle fibres. In addition, mild to moderate degenerative changes, necrosis and fragmentation of muscle fibres, as well as congestion and fibrosis associated with the presence of *Sarcocystis* cysts, were observed. In isolated cases, focal muscle fibre atrophy, local haemorrhages, and oedema were also detected. Sarcocystosis is common in European bison from the Bieszczady region, with cysts most frequently located in the cardiac muscle.

The study was co-financed by the Forest Fund of the State Forests under agreements OR.271.3.10.2017 and EZ.281.3.8.25.

Charakterystyka całego genomu izolatów *B. cereus* uzyskanych z mleka i produktów mlecznych mlecznych w Polsce – wirulencja i oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe

Jolanta Grażyna Rola[1], Ewelina Iwan[2], Milena Łysiak[2]

[1] Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Bakteriologii i Chorób Bakteryjnych Zwierząt, Puławy, Polska
[2] Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Dział Naukowego Wsparcia Potencjału Badawczego, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: jolanta.rola@piwet.pulawy.pl

W niniejszym badaniu scharakteryzowano dwadzieścia izolatów *Bacillus cereus* z mleka i przetworów mlecznych zebranych w latach 2016–2017. Izolację DNA przeprowadzono z hodowli na agarze odżywczym. Ekstrakcję DNA wykonano przy użyciu zestawu Maxwell RSC Cultured Cells. Biblioteki przygotowano przy użyciu zestawu NEBNext® Ultra™ II DNA Library Prep Kit dla Illumina® (New England Biolabs). Sekwencjonowanie przeprowadzono na MiSeq (Illumina; 2x300 pz). Do wstępnego przetwarzania danych (FASTQ) w sekwencjonowaniu całego genomu (WGS) wykorzystano program FASTP 0.24.0. Analizę MLST w postaci profili alleli przeprowadzono za pomocą narzędzia mlst. Analiza MLST ujawniła obecność 15 różnych typów sekwencji (ST), z których ST26, ST1063 i ST1348 były trzema najczęściej występującymi. Geny oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe wykryto za pomocą abricate z bazą danych ResFinder i AMRFinderPlus. Identyfikację genów wirulencji przeprowadzono za pomocą abricate z bazą danych VFDB. Najczęstszymi genami wirulencji, wykrytymi we wszystkich 20 izolatach, były BAS_RS06430, alo oraz dhbA, dhbB, dhbC, dhbE, dhbF i ILsA. Geny kodujące biosyntezę syderoforów oraz gen syntetazy cereulinowej (cesH) stanowiły odpowiednio 47,6% i 38,1% izolatów. Częstość występowania genów syntetazy cereulinowej (cesA, cesB, cesC, cesD, ccesP, cesT) i trójskładnikowej enterotoksyny hemolizyny BL (hblA, hblC i hblD) wyniosła odpowiednio, 29,6% i 23,8%. Gen oporności na fosfomycynę wykryto we wszystkich izolatach. Ponadto wykryto geny oporności na beta-laktamy, linkomycynę i tetracykliny. Zidentyfikowano pięć różnych profili oporności genomowej. Wyniki badań na obecność genów wirulencji i oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe pozwolą na właściwą ocenę ryzyka występowania *B. cereus* w żywności w Polsce. Analiza WGS okazała się przydatnym narzędziem umożliwiającym szybką identyfikację i charakterystykę szczepów *B. cereus*.

Whole genome characterization of *Bacillus cereus* isolates obtained from milk and dairy products in Poland - virulence and antimicrobial resistance

Jolanta Grażyna Rola[1], Ewelina Iwan[2], Milena Łysiak[2]

[1] National Veterinary Research Institute, Department of Bacteriology and Bacterial Animal Diseases, Puławy, Poland
[2] National Veterinary Research Institute, Department of Research Support, Puławy, Poland

Corresponding author: jolanta.rola@piwet.pulawy.pl

Twenty *Bacillus cereus* isolates from milk and milk products collected in 2016-2017 were characterized in this study. DNA isolation was performed from cultures on nutrient agar. DNA extraction was performed using the Maxwell RSC Cultured Cells kit. Libraries were prepared using the NEBNext® Ultra™ II DNA Library Prep Kit for Illumina® (New England Biolabs). Sequencing was performed on a MiSeq (Illumina; 2x300bp). FASTP 0.24.0 was used for data preprocessing (FASTQ) in whole-genome sequencing (WGS). MLST analysis in the form of allele profiles was performed using the mlst tool. MLST analysis revealed the presence of 15 different sequence types (STs), of which ST26, ST1063, and ST1348 were the three most common. Two strains were assigned to new STs. Antimicrobial resistance genes were detected using abricate with the ResFinder database and AMRFinderPlus. Virulence gene identification was performed using abricate with the VFDB database. The most prevalent virulence genes, found in all 20 isolates, were BAS_RS06430, alo, and dhbA, dhbB, dhbC, dhbE, dhbF and ILsA. Genes encoding siderophore biosynthesis and the cereulin synthetase gene (cesH) constituted 47.6% and 38.1% of isolates, respectively. The frequency of cereulin synthetase genes (cesA, cesB, cesC, cesD, ccesP, cesT) and the ternary enterotoxin BL hemolysin (hblA, hblC, and hblD) was 29.6% and 23.8%, respectively. The fosfomycin resistance gene was detected in all isolates. Furthermore, resistance genes to beta-lactams, lincomycin, and tetracyclines were detected. The results of testing for the presence of virulence and antimicrobial resistance genes will enable a proper risk assessment of *B. cereus* in food in Poland. WGS analysis has been shown to be a useful tool for the rapid identification and characterization of *B. cereus* strains.

Badania w kierunku *Toxoplasma gondii*, *Trichinella* spp. oraz *Sarcocystis* spp. u bobrów europejskich (*Castor fiber*)

Eglė Rudaitytė-Lukošienė[1], Naglis Gudiškis[1], Evelina Maziliauskaitė[1], Muza Kirjušina[2], Evelina Juozaitytė-Ngugu[1], Dalius Butkauskas[1], Giedrius Šidlauskas[1], Petras Prakas[1]

[1 1]State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania
[2]Institute of Life Sciences and Technology, Daugavpils University, Daugavpils, Latvia

Autor korespondencyjny: egle.rudaityte@gmail.com

Bóbr europejski (*Castor fiber*) jest ważnym gatunkiem łownym na Litwie, jednak informacje dotyczące jego roli w epidemiologii zarażeń pasożytniczych są nadal ograniczone. Celem niniejszego badania było określenie występowania *Toxoplasma gondii*, *Trichinella* spp. oraz *Sarcocystis* spp. u bobrów europejskich oraz poszerzenie wiedzy na temat ich roli jako żywicieli pasożytów o znaczeniu zoonotycznym i związanych z dzikimi zwierzętami. Łącznie przebadano 159 bobrów w kierunku występowania *Trichinella* spp., wykorzystując próbki mięśni oraz metodę aktywnego trawienia. Próbki serca (n = 115) i mózgu (n = 127) badano na obecność DNA *T. gondii* metodą nested PCR po wcześniejszym trawieniu tkanek. Próbki przepony, serca i mięśni szkieletowych pochodzące od 30 bobrów przebadano pod kątem obecności *Sarcocystis* spp. metodą mikroskopii świetlnej, a wykryte sarkocysty poddano następnie charakterystyce molekularnej. W żadnej z badanych próbek nie wykryto larw *Trichinella*. DNA *Toxoplasma gondii* wykrywano częściej w tkance serca (25,2%) niż w tkance mózgu (9,4%). Analiza genetyczna wykazała niewielką różnorodność pasożyta – zidentyfikowano dwa genotypy w obrębie regionu ITS1. *Sarcocystis* spp. wykryto u jednego z 30 badanych bobrów, przy czym sarkocysty obserwowano wyłącznie w mięśniu przepony. Analiza sekwencji fragmentu genu 28S rRNA wykazała największe podobieństwo do sekwencji *S. miescheriana* oraz sekwencji związanych z *S. suihominis*. Niniejsze badanie stanowi pierwszą kompleksową ocenę występowania pasożytów u bobrów europejskich na Litwie. Wykrycie *T. gondii* i *Sarcocystis* spp. wskazuje, że bobry mogą być żywicielami pierwotniaków o znaczeniu dla zdrowia dzikich zwierząt i zdrowia publicznego, natomiast brak zarażenia *Trichinella* dostarcza cennych danych bazowych do przyszłego monitorowania pasożytów w populacjach wolno żyjących bobrów.

Investigation of *Toxoplasma gondii*, *Trichinella* spp., and *Sarcocystis* spp. in Eurasian beavers (*Castor fiber*)

Eglė Rudaitytė-Lukošienė[1], Naglis Gudiškis[1], Evelina Maziliauskaitė[1], Muza Kirjušina[2], Evelina Juozaitytė-Ngugu[1], Dalius Butkauskas[1], Giedrius Šidlauskas[1], Petras Prakas[1]

[1]State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania
[2]Institute of Life Sciences and Technology, Daugavpils University, Daugavpils, Latvia

Corresponding author: egle.rudaityte@gmail.com

The Eurasian beaver (*Castor fiber*) is an important game species in Lithuania; however, information on its role in the epidemiology of parasitic infections remains limited. This study aimed to investigate the occurrence of *Toxoplasma gondii*, *Trichinella* spp., and *Sarcocystis* spp. in Eurasian beavers and to provide new insights into their role as hosts of zoonotic and wildlife-associated parasites. A total of 159 beavers were examined for *Trichinella* spp. using muscle samples and the active artificial digestion method. Heart (n = 115) and brain (n = 127) samples were examined for *T. gondii* DNA using nested PCR following tissue digestion. Diaphragm, heart, and skeletal muscle samples from 30 beavers were examined for *Sarcocystis* spp. using light microscopy, and detected sarcocysts were further characterised molecularly. No *Trichinella* larvae were detected in any examined samples. *Toxoplasma gondii* DNA was detected more frequently in heart tissues (25.2%) than in brain tissues (9.4%). Genetic analysis revealed limited parasite diversity, with two ITS1 genotypes identified. *Sarcocystis* spp. was detected in one of 30 examined beavers, with sarcocysts observed only in diaphragm muscle. Partial 28S rRNA gene sequence analysis showed the highest similarity to *S. miescheriana* and *S. suihominis*-related sequences. This study provides the first comprehensive assessment of parasitic infections in Eurasian beavers from Lithuania. The detection of *T. gondii* and *Sarcocystis* spp. demonstrates that beavers can harbour protozoan parasites of wildlife and zoonotic significance, while the absence of *Trichinella* infection provides valuable baseline data for future parasite surveillance in free-ranging beaver populations.

Wpływ wcześniejszej antybiotykoterapii na wydalanie IBV i odpowiedź immunologiczną kur

Joanna Sajewicz-Krukowska, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Karolina Tarasiuk, Katarzyna Domańska-Blicharz

National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Autor korespondencyjny: joanna.sajewicz@piwet.pulawy.pl

Celem pracy była ocena wpływu wcześniejszej szerokospektralnej antybiotykoterapii na wydalanie wirusa, liczbę kopii jego RNA w narządach oraz odpowiedź immunologiczną kur po eksperymentalnym zakażeniu genotypami QX i 793B wirusa zakaźnego zapalenia oskrzeli kur (IBV).
Trzytygodniowe kury SPF White Leghorn, u których od 8 dnia życia stosowano koktajl antybiotyków (ABX+) lub nie stosowano antybiotykoterapii (ABX−), zakażono donosowo i dospojówkowo IBV QX albo 793B w dawce 10^5 EID_{50}/0,1 ml. W 3 i 6 dniu po zakażeniu pobierano wymazy z jamy gardłowej i kloaki oraz narządy. Liczbę kopii RNA wirusa oznaczano metodą RT-qPCR, a ekspresję genów odpowiedzi przeciwwirusowej i zapalnej – metodą względnej RT-qPCR. Antybiotykoterapia wiązała się z ograniczeniem wydalania obu genotypów IBV, szczególnie w wymazach z kloaki po zakażeniu 793B. W 3 dniu po zakażeniu liczba kopii RNA wirusa w wymazach z kloaki była w grupie ABX+ niższa o ponad cztery rzędy wielkości niż w grupie ABX−. W narządach nie obserwowano jednak jednolitego zmniejszenia liczby kopii RNA; efekt zależał od tkanki, genotypu i terminu pobrania. U ptaków ABX+ stwierdzono zwiększoną ekspresję IFNG, IFIT5 i OASL oraz genów odpowiedzi zapalnej IL1B, IL6 i IL8, najsilniej zaznaczoną we wczesnej fazie zakażenia. Wcześniejsza antybiotykoterapia zmieniała dynamikę zakażenia IBV, ograniczając wydalanie wirusa bez proporcjonalnego zmniejszenia liczby kopii jego RNA w narządach oraz modyfikując odpowiedź immunologiczną gospodarza. Bez analizy mikrobioty nie można rozstrzygnąć, czy obserwowane efekty wynikały z działania zastosowanych leków, czy z wywołanych przez nie zmian mikrobioty.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (nr grantu 2021/43/D/NZ6/02391).

Referencje

1. Bande F. i wsp. Pathogenesis and diagnostic approaches of avian infectious bronchitis. Adv Virol. 2016;2016:4621659.
2. Jackwood M.W. Review of infectious bronchitis virus around the world. Avian Dis. 2012;56:634–641.
3. Wirusanti N.I. i wsp. Microbiota regulation of viral infections through interferon signaling. Trends Microbiol. 2022;30:778–792.

Effect of prior antibiotic treatment on IBV shedding and the immune response in chickens

Joanna Sajewicz-Krukowska, Anna Lisowska, Justyna Opolska, Karolina Tarasiuk, Katarzyna Domańska-Blicharz

National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: joanna.sajewicz@piwet.pulawy.pl

To assess the effect of prior broad-spectrum antibiotic treatment on virus shedding, viral RNA loads in organs and the immune response of chickens experimentally infected with infectious bronchitis virus (IBV) genotypes QX and 793B. Three-week-old SPF White Leghorn chickens, treated from day 8 of life with an antibiotic cocktail (ABX+) or left untreated (ABX−), were inoculated oculonasally with IBV QX or 793B at 10^5 EID_{50}/0.1 ml. Oropharyngeal and cloacal swabs and organs were collected at 3 and 6 days post-infection. Viral RNA was quantified by RT-qPCR, and expression of antiviral and inflammatory genes was assessed by relative RT-qPCR. Antibiotic treatment was associated with reduced shedding of both IBV genotypes, particularly in cloacal swabs after 793B infection. At 3 days post-infection, viral RNA levels in cloacal swabs were more than four orders of magnitude lower in the ABX+ group than in the ABX− group. No consistent reduction was observed in organs; the effect depended on tissue, virus genotype and sampling time. ABX+ birds showed increased expression of IFNG, IFIT5 and OASL, as well as IL1B, IL6 and IL8, with the strongest differences early after infection. **Conclusions:** Prior antibiotic treatment altered IBV infection dynamics by reducing virus shedding without a proportional decrease in viral RNA levels in organs and by modifying the host immune response. Without direct microbiota analysis, it cannot be determined whether these effects resulted from the antibiotics themselves or from antibiotic-induced microbiota changes.

The study was funded by the National Science Centre in Poland (Grant No. 2021/43/D/NZ6/02391).

References

1. Bande F. i wsp. Pathogenesis and diagnostic approaches of avian infectious bronchitis. Adv Virol. 2016;2016:4621659.
2. Jackwood M.W. Review of infectious bronchitis virus around the world. Avian Dis. 2012;56:634–641.
3. Wirusanti N.I. i wsp. Microbiota regulation of viral infections through interferon signaling. Trends Microbiol. 2022;30:778–792.

Identyfikacja gatunków rodzaju *Sarcocystis* w kale psów domowych z wykorzystaniem metod mikroskopowych i molekularnych

Austėja Žalandauskaitė, Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Petras Prakas, Dalius Butkauskas

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Autor korespondencyjny: zalandauskaiteausteja@gmail.com

Sarcocystis to wewnątrzkomórkowe pasożytnicze pierwotniaki zarażające zwierzęta domowe i dzikie. Ich cykl życiowy zazwyczaj obejmuje żywiciela ostatecznego, którym jest zwierzę mięsożerne, oraz żywiciela pośredniego, którym jest zwierzę roślinożerne lub wszystkożerne. Psy domowe (*Canis lupus familiaris*) są żywicielami ostatecznymi kilku gatunków *Sarcocystis* i mogą przyczyniać się do rozprzestrzeniania tych pasożytów. Informacje dotyczące częstości występowania *Sarcocystis* oraz różnorodności gatunkowej tych pasożytów u psów domowych są nadal ograniczone, szczególnie w Europie. Celem niniejszego badania była ocena częstości występowania oraz różnorodności gatunkowej pasożytów z rodzaju *Sarcocystis* w próbkach kału psów**.** Łącznie pobrano 39 próbek kału psów w Wilnie na Litwie, w tym 30 próbek od psów miejskich oraz 9 od psów myśliwskich. Próbki poddano badaniu mikroskopowemu po zastosowaniu metody flotacjno–sedymentacjnej w celu zagęszczenia materiału. Następnie wyizolowano genomowe DNA i przeprowadzono nested PCR ukierunkowany na mitochondrialny gen *cox1*. Uzyskane produkty dodatnie poddano sekwencjonowaniu metodą Sangera, a otrzymane sekwencje porównano z referencyjnymi sekwencjami zdeponowanymi w bazie GenBank. W badaniu mikroskopowym wykryto oocysty lub sporocysty *Sarcocystis* w 5 z 39 próbek kału (12,8%). Analiza molekularna wykazała obecność DNA *Sarcocystis* w 28 z 30 próbek pochodzących od psów miejskich (93,3%) oraz w 7 z 9 próbek pochodzących od psów myśliwskich (77,8%). Analiza sekwencji mitochondrialnego genu *cox1* pozwoliła zidentyfikować pięć gatunków z rodzaju *Sarcocystis*: *S. miescheriana, S. cruzi, S. gracilis, S. linearis* oraz *S. tenella*. Uzyskane wyniki potwierdzają występowanie wielu gatunków rodzaju *Sarcocystis* u psów domowych na Litwie i sugerują, że czynniki związane z dietą i środowiskiem, w szczególności narażenie na spożywanie surowego lub niedogotowanego mięsa, mogą przyczyniać się do ich transmisji**.** Zidentyfikowane gatunki mają żywicieli pośrednich, do których należą owce, świnie, bydło oraz jeleniowate. Przeprowadzone badanie przyczyniają się do lepszego poznania epidemiologii *Sarcocystis* oraz stanowią podstawę do dalszych badań, a także opracowania działań mających na celu monitorowanie i ograniczanie rozprzestrzeniania się tych pasożytów na Litwie i w Europie.

Identification of *Sarcocystis* species in domestic dog feces using microscopic and molecular methods

Austėja Žalandauskaitė, Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Petras Prakas, Dalius Butkauskas

State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

Corresponding author: zalandauskaiteausteja@gmail.com

Sarcocystis are intracellular protozoan parasites infecting domestic and wild animals. Their life cycle typically involves a carnivorous definitive host and a herbivorous or omnivorous intermediate host. Domestic dogs (*Canis lupus familiaris*) serve as definitive hosts for several *Sarcocystis* species and may contribute to parasite dissemination. Information on *Sarcocystis* prevalence and species diversity in domestic dogs remains limited especially in Europe. This study aimed to investigate the prevalence and species diversity of *Sarcocystis* parasites in canine faecal samples. A total of 39 faecal samples were collected in Vilnius, Lithuania, including 30 samples from city dogs and 9 from hunting dogs. Samples were examined microscopically following flotation–sedimentation concentration. Genomic DNA was extracted, and nested PCR targeting the mitochondrial *cox1* gene was performed. Positive products were analysed by Sanger sequencing and compared with GenBank reference sequences. Microscopic examination detected *Sarcocystis* oocysts or sporocysts in 5 of 39 faecal samples (12.8%). Molecular analysis detected *Sarcocystis* DNA in 28 of 30 samples from city dogs (93.3%) and 7 of 9 samples from hunting dogs (77.8%). Sequence analysis of the mitochondrial *cox1* gene identified five *Sarcocystis* species: *S. miescheriana*, *S. cruzi*, *S. gracilis*, *S. linearis* and *S. tenella*. The findings confirm the presence of multiple *Sarcocystis* species in domestic dogs in Lithuania and suggest that dietary and environmental factors, particularly exposure to raw or undercooked meat, may contribute to their transmission. The identified species have intermediate hosts including sheep, pigs, cattle and wild cervids. This study contributes to a better understanding of *Sarcocystis* epidemiology and provides a basis for future research and control initiatives in Lithuania and across Europe.

Ocena parazytologiczna nawozów organicznych stosowanych w rolnictwie w Polsce w latach 2024-2026

Jolanta Zdybel, Aleksandra Kominek, Radosław Badziak, Dagmara Ochal, Jacek Sroka, Jacek Karamon, Małgorzata Samorek-Pieróg, Tomasz Cencek

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy,Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: j.zdybel@piwet.pulawy.pl

Celem badań była ocena zanieczyszczenia parazytologicznego nawozów organicznych zawierających produkty uboczne pochodzenia zwierzęcego wytwarzanych w Polsce w latach 2024 – 2026. Materiał do badań stanowiło 125 próbek pobranych w latach 2024 – 2026. Inspekcja Weterynaryjna dostarczyła 73 próbki (50 pofermentów z biogazowni rolniczych, 15 z kompostowni i biokompostowni, 8 z zakładów przetwarzających uboczne produkty pochodzenia zwierzęcego), pobrane na terenie 8 województw Polski. Pozostałe 52 próbki stanowiły nawozy zakupione z rynku: oborniki (kurzy, koński, owczy, świński – 26 próbek), biohumusy (10), nawozy organiczno-mineralne (7) i inne (9). Próbki badano metodą wg PN-Z-19006:2023-04. Obecność jaj pasożytów jelitowych stwierdzono w 39 próbkach (31,2%). Najwięcej próbek zawierających jaja pasożytów pochodziło z biogazowni rolniczych (22,4%) w przeciwieństwie do nawozów pochodzących z rynku (7,2%) oraz kompostowni (1,6%). Jaja z rodzaju *Ascaris* spp. stwierdzono w 29 próbkach (w liczbie 1 - 5849 jaj/100 g próbki). Jaja z rodzaju *Trichuris* spp. stwierdzano w 24 próbkach (w liczbie 1 - 115 jaj/100 g próbki). Jaja *Toxocara* spp. stwierdzono tylko w 2 próbkach. Żywe jaja pasożytów (*Ascaris* spp. i *Trichuris* spp.) wykryto tylko w 2 próbkach biohumusów (1,6%). Uzyskane wyniki wskazują na potrzebę prowadzenia rutynowych badań parazytologicznych nawozów organicznych przed ich wprowadzeniem do obrotu oraz w ramach nadzoru nad produktami dostępnymi na rynku.

Parasitological evaluation of organic fertilizers intended for agricultural use in Poland in 2024–2026

Jolanta Zdybel, Aleksandra Kominek, Radosław Badziak, Dagmara Ochal, Jacek Sroka, Jacek Karamon, Małgorzata Samorek-Pieróg, Tomasz Cencek

Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases, and Aquatic Animal Diseases
National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: jzdybel@piwet.pulawy.pl

The aim of the study was to assess parasitological contamination of organic fertilizers containing animal by-products produced in Poland in 2024–2026. The study material consisted of a 125 samples of organic fertilizers collected between 2024 and 2026. The Veterinary Inspection provided 73 samples, collected across eight provinces in Poland: 50 digestate samples from agricultural biogas plants; 15 from composting and biocomposting facilities; and eight from animal by-product processing plants. The remaining 52 samples were fertilisers purchased from the market, including manure (chicken, horse, sheep and pig — 26 samples), biohumus (10 samples), organic-mineral fertilisers (7 samples) and others (9 samples). All samples were analysed according to the method specified in PN-Z-19006:2023-04. Intestinal parasite eggs were detected in a total of 39 samples (31.2%). The highest proportion of samples containing parasite eggs came from agricultural biogas plants (22.4%), compared to commercially available fertilisers (7.2%) and composting facilities (1.6%). Eggs of the genus *Ascaris* spp. were detected in 29 samples (ranging from 1 to 5,849 eggs per 100 g of sample). *Trichuris* spp. eggs were detected in 24 samples, ranging from 1 to 115 eggs per 100 g. *Toxocara* spp. eggs were found in only two samples. Live parasite eggs (*Ascaris* spp. and *Trichuris* spp.) were detected in two biohumus samples (1.6%). The results indicate the need for routine parasitological testing of organic fertilizers, both before they are placed on the market and as part of surveillance of products available on the market.

Występowanie *Sarcocystis* spp. u świń domowych – analiza molekularna próbek tkanki mięśniowej

Weronika Korpysa-Dzirba, Ewa Bilska-Zając, Aneta Bełcik, Martyna Chojecka, Ewelina Antolak, Aneta Gontarczyk, Jacek Karamon, Jacek Sroka, Tomasz Cencek

Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Autor korespondencyjny: weronika.korpysa@piwet.pulawy.pl

Sarcocystis spp. to pierwotniaki pasożytnicze zdolne do tworzenia cyst w tkance mięśniowej zwierząt. Niektóre gatunki, w tym zoonotyczny *Sarcocystis suihominis*, mogą stanowić potencjalne zagrożenie dla zdrowia człowieka w przypadku spożycia surowego lub niedogotowanego mięsa. Celem badań była ocena występowania *Sarcocystis* spp. w tkance mięśniowej świń domowych oraz identyfikacja gatunkowa wykrytych pasożytów z wykorzystaniem metod biologii molekularnej.
Badaniami objęto 144 próbki tkanki mięśniowej pochodzące od świń utrzymywanych w hodowlach zamkniętych na terenie województwa mazowieckiego. DNA wyizolowano z homogenatów tkanki mięśniowej, a następnie przeprowadzono PCR ukierunkowany na fragment genu 18S rRNA. Identyfikację gatunkową przeprowadzono przy użyciu simplex PCR w kierunku S. miescheriana i S. suihominis, dodatnie wyniki zweryfikowano poprzez sekwencjonowanie.
Spośród 144 przebadanych próbek tkanki mięśniowej, w trzech (2,1%) uzyskano wynik dodatni w kierunku *Sarcocystis* spp. Analiza z wykorzystaniem simplex PCR wskazała na obecność *Sarcocystis miescheriana* we wszystkich trzech próbkach, przy czym jeden wynik uznano za wątpliwy. Weryfikacja metodą sekwencjonowania potwierdziła obecność *S. miescheriana* w dwóch przypadkach, natomiast w przypadku próbki o wątpliwym wyniku PCR nie uzyskano jednoznacznej identyfikacji gatunkowej.
W badanym materiale *Sarcocystis* spp. wykryto w 2,1% analizowanych próbek. W dwóch przypadkach potwierdzono obecność *S. miescheriana*, natomiast nie wykazano obecności zoonotycznego *S. suihominis*. Niska częstość wykrycia pasożytów może być związana ze sposobem utrzymania badanych zwierząt. Świnie pochodziły z hodowli zamkniętych, w których ograniczony jest ich kontakt ze środowiskiem zewnętrznym oraz potencjalnymi żywicielami ostatecznymi *Sarcocystis* spp. Uzyskane wyniki wskazują na zasadność stosowania metod molekularnych w monitorowaniu występowania *Sarcocystis* spp. w tkance mięśniowej świń, zwłaszcza że cysty pasożyta mogą pozostawać niewidoczne podczas rutynowego badania poubojowego.

Occurrence of *Sarcocystis* spp. in Domestic Pigs – Molecular Analysis of Muscle Tissue Samples

Weronika Korpysa-Dzirba, Ewa Bilska-Zając, Aneta Bełcik, Martyna Chojecka, Ewelina Antolak, Aneta Gontarczyk, Jacek Karamon, Jacek Sroka, Tomasz Cencek

Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases, and Aquatic Animal Diseases
National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland

Corresponding author: weronika.korpysa@piwet.pulawy.pl

Sarcocystis spp. are parasitic protozoans capable of forming cysts in the muscle tissue of animals. Some species, including the zoonotic *Sarcocystis suihominis*, may pose a potential health risk to humans after the consumption of raw or undercooked meat. The aim of the study was to assess the occurrence of *Sarcocystis* spp. in the muscle tissue of domestic pigs and to identify the detected parasites to the species level using molecular methods.

The study included 144 muscle tissue samples collected from pigs kept in closed housing systems in the Masovian Voivodeship, Poland. DNA was extracted from muscle tissue homogenates, followed by PCR targeting a fragment of the 18S rRNA gene. Species identification was performed using simplex PCR targeting *S. miescheriana* and *S. suihominis*. Positive species-specific PCR results were subsequently verified by sequencing.

Among the 144 muscle tissue samples examined, three (2.1%) tested positive for *Sarcocystis* spp. Simplex PCR indicated the presence of *Sarcocystis miescheriana* in all three samples, although one result was considered as doubtful. Sequencing confirmed the presence of *S. miescheriana* in two cases, whereas no definitive species identification was obtained for the sample with the doubtful PCR result.

In the examined material, *Sarcocystis* spp. was detected in 2.1% of the analysed samples. The presence of *S. miescheriana* was confirmed in two cases, while the zoonotic species *S. suihominis* was not detected. The low prevalence of the parasite may be associated with the breeding system of the examined animals. The pigs originated from closed housing systems, where contact with the external environment and potential definitive hosts of *Sarcocystis* spp. is limited. The results demonstrate the usefulness of molecular methods for monitoring the occurrence of *Sarcocystis* spp. in pig muscle tissue, particularly because sarcocysts may remain undetectable during routine post-mortem meat inspection.

Giardia duodenalis i *Cryptosporidium* spp. u ssaków utrzymywanych w polskich ogrodach zoologicznych i mini-zoo

Magdalena Nowak[1], Blanka Orłowska[1], Anna Didkowska[1], Krzysztof Anusz[1], Jacek Sroka[2]

[1] Katedra Higieny Żywności i Ochrony Zdrowia Publicznego, Instytut Medycyny Weterynaryjnej, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego (SGGW), ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa, Polska

[2] Dział Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Chorób Pszczół i Chorób Zwierząt Wodnych, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy (PIWet-PIB), al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy, Polska

Autor korespondujący: magdalena_nowak@sggw.edu.pl

Celem badania była ocena występowania oraz charakterystyka molekularna *Cryptosporidium* spp. oraz *Giardia duodenalis* u ssaków utrzymywanych w polskich ogrodach zoologicznych i mini-zoo, ze szczególnym uwzględnieniem potencjalnego znaczenia zoonotycznego wykrywanych pasożytów w obiektach umożliwiających bezpośredni kontakt zwierząt ze zwiedzającymi.
Badaniem objęto cztery ogrody zoologiczne oraz pięć mini-zoo, w których pobrano 200 zbiorczych próbek kału od 46 gatunków ssaków. Świeży materiał poddano homogenizacji a następnie przeprowadzono obserwację mikroskopową preparatów natywnych po wcześniejszym zagęszczeniu metodą flotacji w roztworze siarczanu cynku. Wyizolowano DNA z wykorzystaniem zestawu komercyjnego (A&A Biotechnology, Gdańsk, Poland) a następnie przeprowadzono badania molekularne w kierunku *G. duodenalis* (1) oraz *Cryptosporidium* spp. (2). Próbki dodatnie poddano sekwencjonowaniu w celu identyfikacji gatunkowej i genotypowej. W badaniu mikroskopowym, obecność cyst *G. duodenalis* stwierdzono w 3/200 próbek, w trzech różnych placówkach: w mini-zoo u mar patagońskich (*Dolichotis patagonum*) i konia (*Equus caballus*) oraz u surykatek (*Suricata suricatta*) zamieszkujących zoo. Obecność DNA pasożyta w PCR wykryto w trzech próbach, które następnie zsekwencjonowano. U mar patagońskich potwierdzono, iż zaobserwowane cysty należały do *G. duodenalis* podtypu A2. Podtyp A2 wykryto również w próbkach ostronosa rudego (*Nasua nasua*) a podtyp B u szynszyli (*Chinchilla lanigera*) zamieszkujących jedno mini-zoo. U dromaderów (*Camelus dromedarius*) i baktrianów (*Camelus bactrianus*) z dwóch ogrodów zoologicznych wykryto obecność kolejno *Cryptosporidium andersoni* oraz *Cryptosporidium muris.* W badanych próbkach nie wykryto *Cryptosporidium* spp. o potwierdzonej transmisji zoonotycznej. Zgodnie z naszą aktualną wiedzą, jest to pierwsze badanie *G. duodenalis* i *Cryptosporidium* spp. obejmujące zwierzęta utrzymywane w mini-zoo w Polsce. Wykrycie obecności pasożytów *Giardia* o potencjale zoonotycznym podkreśla konieczność prowadzenia regularnego monitoringu parazytologicznego w placówkach umożliwiających bezpośredni kontakt ludzi ze zwierzętami.

Referencje

1. Cacciò, S. M., De Giacomo, M., & Pozio, E. (2002). Sequence analysis of the beta-giardin gene and development of a polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism assay to genotype Giardia duodenalis cysts from human faecal samples. International journal for parasitology, 32(8), 1023–1030. https://doi.org/10.1016/s0020-7519(02)00068-1

2. Xiao, L., Morgan, U. M., Limor, J., Escalante, A., Arrowood, M., Shulaw, W., Thompson, R. C., Fayer, R., & Lal, A. A. (1999). Genetic diversity within Cryptosporidium parvum and related Cryptosporidium species. *Applied and environmental microbiology*, *65*(8), 3386–3391. https://doi.org/10.1128/AEM.65.8.3386-3391.1999

Giardia duodenalis and *Cryptosporidium* spp. in Mammals Kept in Polish Zoological Gardens and Mini-Zoos

Magdalena Nowak[1], Blanka Orłowska[1], Anna Didkowska[1], Krzysztof Anusz[1], Jacek Sroka[2]

1Department of Food Hygiene and Public Health Protection, Veterinary Medicine Institute, Warsaw University of Life Sciences, st. Nowoursynowska 159, 02-776, Warsaw, Poland

2 Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, av. Partyzantów 57, 24-100 Puławy, Poland

Corresponding author: magdalena_nowak@sggw.edu.pl

The aim of the study was to assess the occurrence and molecular characteristics of *Cryptosporidium* spp. and *Giardia duodenalis* in mammals kept in Polish zoological gardens and mini-zoos, with emphasis on the potential zoonotic significance of the detected parasites in facilities enabling direct contact between animals and visitors.

The study included four zoological gardens and five mini-zoos, from which 200 pooled faecal samples were collected from 46 mammalian species. Fresh material was homogenized and examined microscopically following prior concentration by zinc sulfate flotation. DNA was extracted using a commercial kit (A&A Biotechnology, Gdańsk, Poland), followed by molecular testing for *G. duodenalis* and *Cryptosporidium* spp. Positive samples were subjected to sequencing for species and genotype identification.

Microscopic examination revealed the presence of *G. duodenalis* cysts in three of 200 samples from three different facilities: in Patagonian maras (*Dolichotis patagonum)* and horses (*Equus caballus*) at the mini-zoo and in meerkats (*Suricata suricatta*) kept in the zoo. Parasite DNA was detected by PCR in three samples, which were then sequenced.

The zoonotic A2 subtype was confirmed in Patagonian maras. This subtype was also detected in red coatis (*Nasua nasua*), while subtype B was detected in chinchillas (*Chinchilla lanigera*) kept in mini-zoos. *Cryptosporidium andersoni* and *Cryptosporidium muris* were detected in groups of Dromedary camels (*Camelus dromedarius*) and Bactrian camels (*Camelus bactrianus*) accordingly, from two zoological gardens. No *Cryptosporidium* spp. with confirmed zoonotic transmission were detected in the examined samples.

To our knowledge, this is the first study of *G. duodenalis* and *Cryptosporidium* spp. to include animals kept in mini-zoos in Poland. The detection of parasites with zoonotic potential highlights the need for regular parasitological monitoring in facilities enabling direct contact between humans and animals.

References

1. Cacciò, S. M., De Giacomo, M., & Pozio, E. (2002). Sequence analysis of the beta-giardin gene and development of a polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism assay to genotype Giardia duodenalis cysts from human faecal samples. International journal for parasitology, 32(8), 1023–1030. https://doi.org/10.1016/s0020-7519(02)00068-1

2. Xiao, L., Morgan, U. M., Limor, J., Escalante, A., Arrowood, M., Shulaw, W., Thompson, R. C., Fayer, R., & Lal, A. A. (1999). Genetic diversity within Cryptosporidium parvum and related Cryptosporidium species. *Applied and environmental microbiology*, *65*(8), 3386–3391. https://doi.org/10.1128/AEM.65.8.3386-3391.1999

Molekularne wykrywanie *Sarcocystis* spp. u wolno żyjących wilków (*Canis lupus*) w Polsce

Blanka Orłowska[1], Magdalena Nowak[1], Katarzyna Filip-Hutsch[1], Weronika Korpysa-Dzirba[2], Jan Wiśniewski[1], Marta Kołodziej-Sobocińska[3], Krzysztof Anusz[1], Ewa Bilska-Zając[2]

[1]Department of Food Hygiene and Public Health Protection, Veterinary Medicine Institute, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw, Poland
[2] Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland
[3] Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences, Białowieża, Poland

Corresponding author: blanka_orlowska@sggw.edu.pl

Pierwotniaki z rodzaju *Sarcocystis* są szeroko rozpowszechnionymi pasożytami charakteryzującymi się dwużywicielowym cyklem rozwojowym, obejmującym żywiciela pośredniego i ostatecznego, powiązanych najczęściej zależnością drapieżnik–ofiara. Pasożyty te występują u wielu gatunków kręgowców. Pomimo licznych badań dotyczących występowania *Sarcocystis* spp. u zwierząt gospodarskich oraz niektórych gatunków zwierząt wolno żyjących, dane dotyczące ich występowania u wilków (*Canis lupus*) są nadal ograniczone.
Celem wstępnych badań była ocena występowania *Sarcocystis* spp. w tkance mięśniowej wolno żyjących wilków pochodzących z różnych regionów Polski z wykorzystaniem metod biologii molekularnej.
Badaniami objęto 53 wilki pochodzące z różnych regionów Polski. Od zwierząt pobrano próbki mięśni szkieletowych kończyny tylnej, które przechowywano w temperaturze −20°C do czasu analizy. Około 10 g tkanki mięśniowej rozdrabniano, homogenizowano w sterylnym roztworze soli fizjologicznej buforowanej fosforanami (PBS), filtrowano, a następnie wirowano. DNA izolowano z uzyskanego osadu homogenatu mięśniowego przy użyciu zestawu DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN). Obecność materiału genetycznego *Sarcocystis* spp. badano metodą simplex PCR z wykorzystaniem starterów SarcoF i SarcoR, ukierunkowanych na fragment genu 18S rRNA o długości około 700 pz.
Materiał genetyczny *Sarcocystis* spp. wykryto w próbkach tkanki mięśniowej pochodzących od 7 spośród 53 badanych wilków (13,2%). Uzyskane wyniki potwierdzają występowanie *Sarcocystis* spp. u wolno żyjących wilków w Polsce.
Przeprowadzone badania dostarczają wstępnych danych dotyczących występowania *Sarcocystis* spp. w populacji wilków w Polsce i przyczyniają się do lepszego poznania krążenia tych pasożytów w środowisku oraz w układzie drapieżnik–ofiara. Dalsze analizy molekularne, obejmujące identyfikację gatunkową oraz charakterystykę wykrytych pasożytów z wykorzystaniem dodatkowych markerów genetycznych, są w toku i pozwolą na określenie różnorodności oraz znaczenia epidemiologicznego *Sarcocystis* spp. występujących u wilków w Polsce.

Molecular detection of *Sarcocystis* spp. in wolves (*Canis lupus*) from Poland: preliminary results

Blanka Orłowska[1], Magdalena Nowak[1], Katarzyna Filip-Hutsch[1], Weronika Korpysa-Dzirba[2], Jan Wiśniewski[1], Marta Kołodziej-Sobocińska[3], Krzysztof Anusz[1], Ewa Bilska-Zając[2]

[1]Department of Food Hygiene and Public Health Protection, Veterinary Medicine Institute, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw, Poland
[2] Department of Parasitology and Invasive Diseases, Bee Diseases and Aquatic Animal Diseases, National Veterinary Research Institute, Puławy, Poland
[3] Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences, Białowieża, Poland

Corresponding author: blanka_orlowska@sggw.edu.pl

Protozoa of the genus *Sarcocystis* are widespread parasites characterized by a two-host life cycle involving intermediate and definitive hosts, typically linked through predator–prey relationships. These parasites infect a broad range of vertebrate species. Although *Sarcocystis* spp. have been extensively studied in livestock and several wildlife species, data on their occurrence in free-ranging wolves (*Canis lupus*) remain limited.

The aim of this preliminary study was to investigate the occurrence of *Sarcocystis* spp. in muscle tissues of free-ranging wolves from Poland using molecular methods.

A total of 53 wolves originating from different regions of Poland were included in the study. Skeletal muscle samples were collected from the hind limb and stored at −20°C until analysis. Approximately 10 g of muscle tissue was minced, homogenized in sterile phosphate-buffered saline (PBS), filtered and centrifuged. DNA was extracted from the resulting muscle homogenate pellet using the DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN). Samples were screened for *Sarcocystis* spp. using simplex PCR with primers SarcoF and SarcoR targeting an approximately 700-bp fragment of the 18S rRNA gene.

Sarcocystis spp. DNA was detected in muscle samples from 7 of the 53 examined wolves (13.2%). These findings demonstrate the occurrence of *Sarcocystis* spp. in free-ranging wolves in Poland.

The results provide preliminary data on the occurrence of *Sarcocystis* spp. in the Polish wolf population and contribute to a better understanding of the circulation of these parasites in wildlife and predator–prey systems. Further molecular analyses, including species identification and characterization based on additional genetic markers, are ongoing and will help to determine the diversity and epidemiological significance of *Sarcocystis* spp. infecting wolves in Poland.

Zanieczyszczenie komercyjnie uprawianych owoców jagodowych *Echinococcus multilocularis* oraz zarażenie lisów w holenderskiej prowincji Limburgia

Laura Derks[1], Kees van der Ark[1], Chesley van Buuren[1], Wesley Mocking[1], Fanny Bastien[2], Gérald Umhang[2], Joke van der Giessen[1], Marieke Opsteegh[1]

[1]National Institute for Public Health and the Environment, Bilthoven, Netherlands
[2]Anses Nancy Laboratory for Rabies and Wildlife, Malzéville, France

Autor korespondencyjny: Laura.Derks@rivm.nl

Echinococcus multilocularis, tzw. „tasiemiec lisi", został uznany za najważniejszego pasożyta przenoszonego przez żywność w Europie. Lisy są głównymi żywicielami ostatecznymi, a ludzie mogą przypadkowo zarazić się poprzez połknięcie jaj. Może to prowadzić do zagrażającej życiu choroby – echinokokozy wielojamowej (AE), w której stadium larwalne pasożyta rozwija się w wątrobie w strukturę przypominającą nowotwór, z możliwością tworzenia przerzutów. Od pierwszego wykrycia *E. multilocularis* u lisów w prowincjach Limburgia i Groningen w 1996 roku wzrosła częstość występowania tego pasożyta u lisów oraz liczba przypadków u ludzi. Ponieważ połknięcie jaj może prowadzić do AE, ważne jest monitorowanie obecności *E. multilocularis* nie tylko u lisów, ale również w żywności. Jest to szczególnie istotne w przypadku produktów spożywanych na surowo, ponieważ gotowanie inaktywuje jaja. Wyniki ogólnoeuropejskiego projektu MEmE (2022) wykazały, że niektóre próbki owoców jagodowych z prowincji Limburgia zawierały DNA *E. multilocularis*, dlatego w 2024 roku rozpoczęto badanie w celu określenia stopnia zanieczyszczenia na większą skalę. Aby ocenić częstość występowania *E. multilocularis* na świeżych produktach roślinnych oraz związane z nią czynniki ryzyka w holenderskiej prowincji Limburgia, podczas sezonu zbiorów pobrano bezpośrednio z 22 poletek uprawnych w 14 różnych gospodarstwach 220 próbek (100g) owoców jagodowych. Dodatkowo przeprowadzono wywiady z producentami owoców i w każdym gospodarstwie umieszczono 2 fotopułapki. Świeże owoce badano na obecność DNA *E. multilocularis* z zastosowaniem procedury płukania i wirowania, a następnie izolacji DNA oraz swoistego dla *E. multilocularis* qPCR ukierunkowanego na mitochondrialny gen 12S. Wyniki potwierdzano za pomocą PCR ukierunkowanego na COX1 oraz sekwencjonowania. W badaniu MEmE z 2022 roku DNA *E. multilocularis* wykryto w 1/8 próbek truskawek i 1/6 próbek borówek z Limburgii. W naszym badaniu z 2024 roku 10/220 (4,5%) próbek owoców jagodowych uzyskało wynik dodatni na obecność DNA *E. multilocularis*, jednak tylko w niskich stężeniach. Ponadto lisy zostały zarejestrowane przez fotopułapki w 6/14 gospodarstw i wydają się celowo wchodzić na poletka uprawne w poszukiwaniu owoców. Wyniki te potwierdzają możliwość zanieczyszczenia komercyjnie uprawianych owoców jagodowych w Limburgii, jednak znaczenie tego zjawiska dla bezpieczeństwa żywności pozostaje niejasne. Próbki gleby (50 g) pobrano z tych samych miejsc co próbki owoców wykorzystane w tym badaniu. Próbki gleby zostaną również przebadane na obecność DNA E. multilocularis w celu oszacowania stopnia zanieczyszczenia środowiska, w którym rosną owoce. Analiza danych, z wykorzystaniem danych z kwestionariuszy w połączeniu z wynikami qPCR, zostanie przeprowadzona po zakończeniu analizy wszystkich próbek. Dodatkowo aktualny obszar endemicznego występowania oraz częstość i intensywność zarażenia *E. multilocularis* w populacji lisów zostaną oszacowane w ramach szeroko zakrojonego badania terenowego obejmującego pobieranie próbek od lisów w Limburgii w latach 2024–2026. Wyniki te przyczynią się do oszacowania ryzyka, jakie *E. multilocularis* stanowi dla zdrowia publicznego, oraz do opracowania strategii zapobiegania zarażeniom.

Echinococcus multilocularis contamination of commercially grown berries and infection of foxes in the Dutch province of Limburg

Laura Derks[1], Kees van der Ark[1], Chesley van Buuren[1], Wesley Mocking[1], Fanny Bastien[2], Gérald Umhang[2], Joke van der Giessen[1], Marieke Opsteegh[1]

[1]National Institute for Public Health and the Environment, Bilthoven, Netherlands
[2]Anses Nancy Laboratory for Rabies and Wildlife, Malzéville, France

Corresponding author: Laura.Derks@rivm.nl

Echinococcus multilocularis, the fox tapeworm, has been recognized as the most important food-borne parasite in Europe. Foxes are the main definitive hosts and humans can accidentally get infected by ingestion of eggs. This may cause the life-threatening disease alveolar echinococcosis (AE), where the larval stage of the parasite develops into a tumor-like structure in the liver with the potential to metastasize. After the first detection of *E. multilocularis* in foxes in the provinces of Limburg and Groningen in 1996, the prevalence in foxes and the number of human cases have increased. Since ingestion of eggs might cause AE, it is important to not only monitor the presence of *E. multilocularis* in foxes, but also in food. This is especially important in produce that is eaten raw, since cooking will inactivate the eggs. Results from the European-wide MEmE project (2022) showed that some soft fruit samples from the province of Limburg contained *E. multilocularis* DNA, so a study was set up in 2024 to investigate the contamination rate on a larger scale. To assess the prevalence and associated risk factors of *E. multilocularis* on fresh produce in the Dutch province of Limburg, 220 soft fruit samples consisting of 100 grams of fruit were collected directly from 22 farm plots on 14 different farms during the harvest season. Additionally, fruit producers were interviewed and 2 camera traps were placed on each farm. The fresh fruit was tested for the presence of *E. multilocularis* DNA using a washing and centrifugation protocol, followed by DNA isolation and an *E. multilocularis*-specific qPCR targeting the 12S mitochondrial gene. Results were confirmed by COX1 PCR and sequencing. In the 2022 MEmE study, *E. multilocularis* DNA was found on 1/8 strawberry and 1/6 blueberry samples from Limburg. In our 2024 study, 10/220 (4.5%) soft fruit samples tested positive for *E. multilocularis* DNA, but only in low concentrations. Additionally, foxes were captured by the camera traps on 6/14 farms and seem to deliberately enter farm plots to forage fruits.These results confirm the potential contamination of commercially grown soft fruits in Limburg, but the implications for food safety remain unclear. Soil samples (50g) were taken from the same locations as the fruit samples used in this study. These soil samples will be tested for *E. multilocularis* DNA as well to estimate the contamination rate of the environment in which the produce grows. Data analysis, using the questionnaire data combined with qPCR results, will follow when all samples have been analyzed. Additionally, the current endemic area as well as the prevalence and worm burden of *E. multilocularis* in the fox population will be estimated by a large field study sampling foxes in Limburg in 2024-2026. These results will contribute to estimating the public health risk of *E. multilocularis* and the development of prevention strategies.

REKLAMY SPONSORÓW

Genomed S.A.

Genomed S.A. oferuje wszelkiego rodzaju analizy sekwencji DNA, w tym analizę polimorfizmu ("Gene Scan"), sekwencjonowanie materiału genetycznego w technologii Sangera i NGS, syntezę oligonuklotydów standardowych (wysalanych i oczyszczanych HPLC), oligonukleotdów modyfikowanych oraz znakowanych podwójnie sond.

Oferujemy dwa podejścia do analiz genetycznych o charakterze metagenomowym: metabarkoding oparty o amplikony 16S/18S/ITS oraz pełną analizę metagenomiczną typu shotgun. Poza tym w ofercie posiadamy:
sekwencjonowanie de novo całych genomów prokariotycznych i eukariotycznych,
resekwencjonowanie wybranych fragmentów genomów i amplikonów,
sekwencjonowanie eksomów,
sekwencjonowanie całego genomu po reakcji z wodorosiarczynem (WGBS),
sekwencjonowanie transkryptomów (RNA-Seq),
sekwencjonowanie małych RNA.

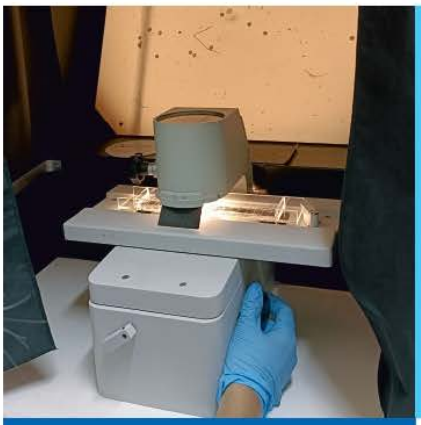
Oferujemy pełne wsparcie dla naukowców – od przygotowania próbki, izolację DNA po interpretację danych i analizy bioinformatyczne. Angażujemy się w liczne projekty B+R, w tym: diagnostykę nowotworów z wykorzystaniem płynnej biopsji, strategię leczenia chorób neurodegeneracyjnych, tworzenie narzędzi do medycyny spersonalizowanej. W ramach projektu POLGENOM współtworzyliśmy pierwszą polską referencyjną bazę genomową – dzięki sekwencjonowaniu i analizie pełnych genomów zdrowych, długowiecznych Polaków.

Dysponujemy nowoczesnym parkiem technologicznym, w tym sekwenatorami Illumina (MiSeq, NextSeq 550Dx), Element Biosciences (AVITI), Oxford Nanopore (MinION, PromethION), stacjami pipetującymi i robotami laboratoryjnymi. Korzystamy z autorskiego systemu do zarządzania danymi laboratoryjnymi oraz z bezpiecznych platform do udostępniania wyników. Jakość naszych usług potwierdzają certyfikaty European Molecular Genetics Quality Network i Cystic Fibrosis Network. Jesteśmy Laboratorium Rekomendowanym przez Polskie Towarzystwo Genetyki Człowieka.

Za każdym wynikiem stoi nasz zespół – eksperci, którzy łączą pasję do nauki z troską o pacjentów i rozwój medycyny. Rezultaty naszej pracy opublikowane zostały w ponad 20 pracach w prestiżowych czasopismach naukowych. To dzięki tej wiedzy i pasji oferujemy rozwiązania na światowym poziomie.

Szulc Optic

trychinoskopy



SPRZEDAŻ

SERWIS



TRYCHINOSKOPY PROJEKCYJNE



TRYCHINOSKOPY CYFROWE



MODERNIZACJE

REMONTY



tel. 605 114 115 | biuro@szulc-optic.pl | www.trychinoskopy.pl

BTL sp. z o.o.

Weterynaria • Zdrowie • Zaufanie

Twój partner w weterynarii



Dostarczamy produkty dla weterynarii:

- **Enzymy (pepsyna)**
  Kwas solny 25% dla weterynarii
- **Sprzęt do wytrawiania mięsa w kierunku badania obecności włośni**
- **Zestawy do mikrobiologicznych badań tusz zwierząt w kierunku Salmonella, Listeria**
  Zestawy do mikrobiologicznych badań ferm drobiu w kierunku Salmonella:
  Zestaw do wymazów podeszwowych z bucikami z bawełny
  Zestaw do wymazów podeszwowych z bucikami z włókniny
- **Tusz brązujący do mięsa**
- **Javel do dezynfekcji i inaktywacji larw włośni**
- **Testy do kontroli czystości mikrobiologicznej** powierzchni i powietrza (Rodac ConTact Test)

Dlaczego warto wybrać BTL?

- **Szeroki wybór sprawdzonych produktów**
- **Wsparcie merytoryczne i fachowe doradztwo**
- **Wysoka jakość i niezawodność**
- **Terminowe dostawy**
- **Indywidualne podejście do każdego klienta**

btl@btl.com.pl

ul. Bolesława 13, 93-492 Łódź

42 684 12 67

CENTRUM PEPSYNY

ZESKANUJ I POBIERZ KATALOG!

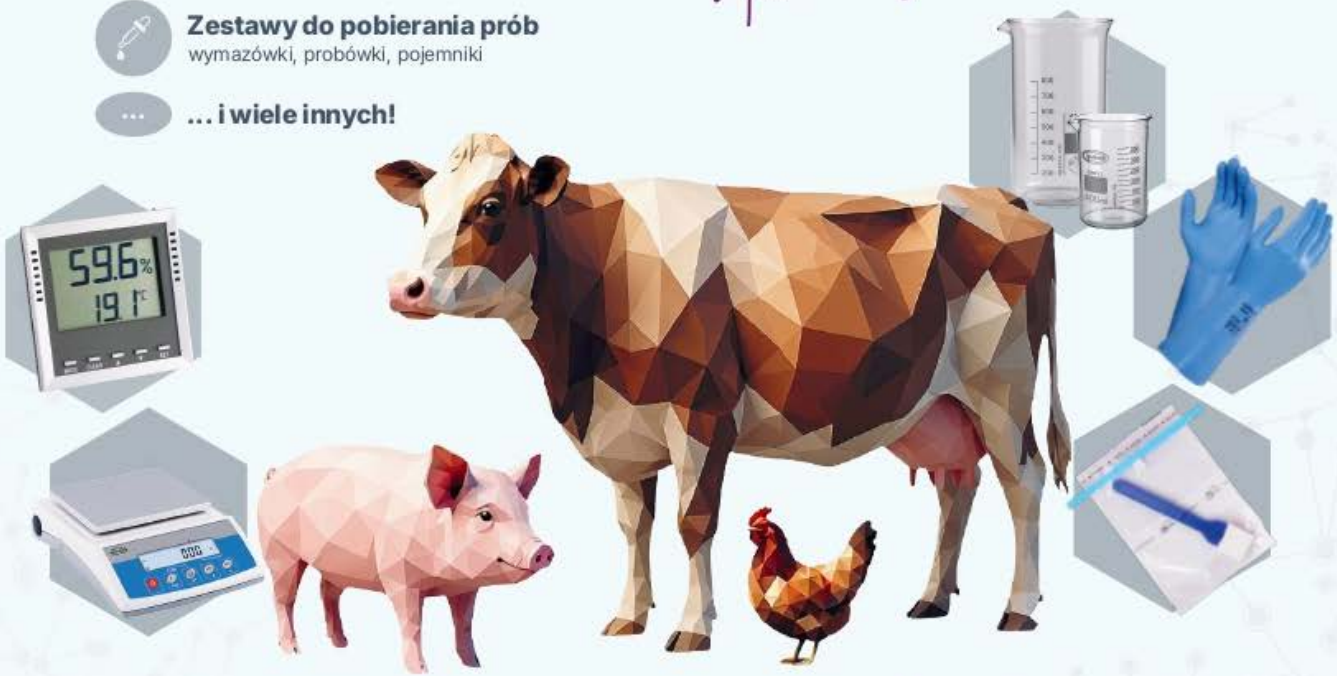
Z nami wszystko jest prostsze

W NASZEJ OFERCIE:

- **Szkło laboratoryjne**
  probówki, rozdzielacze, zlewki, pipety, cylindry inne
- **Wagi laboratoryjne**
  precyzyjne i analityczne
- **Mieszadła**
  akcesoria do mieszadeł
- **Termometry i termohigrometry**
  do kontroli warunków pracy
- **Drobny sprzęt laboratoryjny**
  stopery, rozdrabniacze, sita, pojemniki
- **Odzież i sprzęt jednorazowy**
  rękawice, fartuchy, maseczki, czepki
- **Produkty dla ubojni**
  tusze, poskromy, noże
- **Zestawy do pobierania prób**
  wymazówki, probówki, pojemniki
- **... i wiele innych!**

- **KOMPLEKSOWO WYPOSAŻAMY**
  STACJE WYTRAWANIA
- **SZYBKO DOSTARCZAMY**
  TOWAR
- **WYSTAWIAMY**
  FAKTURĘ NA CZAS

Sprawdzone rozwiązania dla weterynarii, hodowli i przemysłu mięsnego



tel. +48 42 234 19 20
tel. +48 42 207 38 07
tel. kom. +48 502 541 584

biuro@centrumpepsyny.pl

www.centrumpepsyny.pl

Promega

Od ponad 40 lat wspieramy badania naukowe, oferując szeroką gamę odczynników, urządzeń i usług do analizy genów, białek i komórek.

Dostarczamy produkty do kluczowych zastosowań, takich jak:
– analiza DNA i RNA oraz białek,
– biologia komórki,
– reporterowe testy biologiczne,
– technologie luminescencyjne.

Nasze produkty wykorzystywane są w:
– badaniach podstawowych,
– identyfikacji genetycznej,
– weterynarii,
– badaniach i rozwoju w przemyśle farmaceutycznym,
– analizach środowiskowych i żywnościowych,
– badaniach klinicznych i diagnostyce.

Dzięki indywidualnemu podejściu oferujemy produkty na zamówienie, wsparcie techniczne, serwis urządzeń oraz kompleksowe doradztwo.

Promega GmbH posiada certyfikaty ISO 9001:2008, Euro Hub ISO 12385:2003.

Nasze portfolio obejmuje również zaawansowane urządzenia, w tym:
· Sekwenatory i analizatory DNA
· Luminometry i modułowe czytniki płytek
· Mikroskopy do bioluminescencyjnego obrazowania komórek
· Zautomatyzowane stacje pipetujące
· Dwukanałowe fluorymetry
· Urządzenia do automatycznego oczyszczania kwasów nukleinowych

KONTAKT HANDLOWY
+48 22 531 06 67
pl_marketing@promega.com
www.promega.com
https://www.facebook.com/PromegaAktualnosci
https://www.instagram.com/promega_polska

Arpon G

Płyn. Po rozcieńczeniu w wodzie: emulsja.
(cypermetryna 100 g/l)

zwalczanie owadów latających i biegających



likwiduje owady latające i biegające
(muchy, komary, pchły, wszy, kleszcze, osy, karaluchy, czerwone roztocza i inne insekty)

zwalcza owady w każdym stadium rozwojowym, powodując śmierć w wyniku paraliżu

może być stosowany w obecności zwierząt

Stosowanie

1:1000
100 ml produktu
w 10 litrach wody

Nanieść roztwór na powierzchnie:
nieporowate - **50 ml/m²**
porowate - **100 ml/m²**

Efekt widoczny już po 2-5 minutach.
Zalecany czas pomiędzy zastosowaniem to dwa tygodnie.



Wielkość opakowań: 250 ml, 1 litr.

Pełny opis produktu na opakowaniach i na www.biowet.pl
Data opracowania: wrzesień 2026 r.

Biowet PUŁAWY

Biowet Puławy Sp. z o.o.
ul. Henryka Arciucha 2, 24-100 Puławy
tel. 81 888 91 00, **www.biowet.p**

Firma **IN2LAB Sp. z o.o.** jest autoryzowanym dystrybutorem produktów **INDICAL BIOSCIENCE GmbH** na terenie Polski, światowego lidera w opracowywaniu kompletnych rozwiązań do diagnostyki weterynaryjnej. Nasze produkty i rozwiązania technologiczne pomagają niezawodnie i szybko identyfikować patogeny zwierzęce w celu lepszego monitorowania stanu zdrowia zwierząt gospodarskich, drobiu i zwierząt towarzyszących. Oferujemy pełen zakres produktów niezbędnych do kompleksowej diagnostyki weterynaryjnej, począwszy od przygotowania próbki, izolacji kwasów nukleinowych metodami manualnymi jak i zautomatyzowanymi robotami, przez testy qPCR oraz ELISA, a na algorytmach sztucznej inteligencji pomagającej w analizie otrzymanych wyników kończąc. Nasze produkty są od wielu lat używane i zdobyły uznanie Zakładów Higieny Weterynaryjnej w całej Polsce, jak również laboratoriów prywatnych i uniwersytetów.

Sample
to Insight



QIAGEN

Transforming the PCR experience

Fully integrated nanoplate-based digital PCR system for absolute quantification

- Superior partitioning for high accuracy and sensitivity
- Advanced multiplexing for simultaneous multiple target detection
- Walk-away workflow automation for faster time to results
- Flexible and scalable instruments for various throughput needs

Visit **www.qiagen.com/dPCR** for more information or scan the QR code

For up-to-date licensing information and product-specific disclaimers, see the respective QIAGEN kit handbook or user manual. QIAGEN kit handbooks and user manuals are available at www.qiagen.com or can be requested from QIAGEN Technical Services or your local distributor. Trademarks: QIAGEN®, Sample to Insight®, QIAcuity® (QIAGEN Group). Registered names, trademarks, etc. used in this document, even when not specifically marked as such, may still be legally protected

QPRO-6825 04/2024 ©2024 QIAGEN, all rights reserved

BIOPOINT
rozwiązania bezantybiotykowe

Innowacyjna technologia
SHOT

ENTEROCID NOWOŚĆ SHOT

AKTYWNY PROBIOTYK TU I TERAZ!



Szczepy *Bacillus*

AKTYWOWANE BEZPOŚREDNIO PRZED PODANIEM

DLACZEGO AKTYWACJA MA ZNACZENIE?

Większość probiotyków zawiera szczepy pozostające w stanie spoczynku. **Enterocid SHOT** aktywowany jest bezpośrednio przed zastosowaniem, dzięki czemu bakterie zachowują maksymalną przeżywalność i trafiają do przewodu pokarmowego w stanie aktywności biologicznej.

DZIAŁANIE:

- Wsparcie równowagi mikroflory przewodu pokarmowego
- Równowaga i stabilizacja mikroflory jelitowej
- Wsparcie procesów trawienia i wykorzystania składników paszy
- Wsparcie integralności jelit i kondycji struktur przewodu pokarmowego

1. **PRZEKRĘĆ** – Aktywacja kapsuły
2. **NACIŚNIJ** – Bakterie przechodzą do płynu
3. **WSTRZĄŚNIJ** – Rozprowadzenie szczepów w płynie
4. **PODAJ** – Aktywny probiotyk

www.biopoint.pl



PANCERZ CHRONIĄCY PRZED PASOŻYTAMI ZEWNĘTRZNYMI I WEWNĘTRZNYMI

DECTOMAX®

doramektyna

AKTUALNA CHARAKTERYSTYKA PRODUKTU LECZNICZEGO WETERYNARYJNEGO

ZESKANUJ KOD QR!

Jednokrotna iniekcja zabezpiecza przed świerzbem i pasożytami wewnętrznymi

Zoetis Polska Sp. z o.o.,
ul. Postępu 17b, 02-676 Warszawa,
tel. +48 22 223 48 00, www.zoetis.com.pl

Data przygotowania materiału: wrzesień 2026.

zoetis