

## Streszczenie

Bakterie z rodzaju *Mycoplasma* to szeroko rozprzestrzenione w przyrodzie najmniejsze samoreplikujące się organizmy priokariotyczne. Znaczna większość poznanych do tej pory gatunków mykoplazm jest zaliczana do drobnoustrojów komensalnych lub oportunistycznych. Mykoplazmy zazwyczaj wykazują dużą specyficzność w odniesieniu do gospodarza, jednak niektóre gatunki mogą być izolowane od kilku różnych gospodarzy. Mykoplazmy wykazują tropizm tkankowy i układowy, chociaż różne szczepy jednego gatunku mogą wykazywać predylekcję do różnych tkanek organizmu. Poziom patogenności lub zdolności do rozprzestrzeniania się są właściwościami, które mogą być różne dla poszczególnych szczepów jednego gatunku mykoplazmy. Ustalenie cech odpowiedzialnych za patogenność oraz występowanie danego gatunku mykoplazm u określonego gospodarza jest przedmiotem wielu badań, jednak wiedza na ten temat jest w dalszym ciągu niewystarczająca.

Celem podjętych badań była ocena występowania *Mycoplasma* spp. w populacji ptaków wolno żyjących i gołębi z wykorzystaniem metod biologii molekularnej. Badania próbek pochodzących od 1170 ptaków wolno żyjących różnych gatunków oraz 179 gołębi hodowlanych pozwoliły na wyodrębnienie gatunków ptaków, u których prewalencja *Mycoplasma* spp. osiągnęła szczególnie wysoki poziom. Wykazano, że gołębie są jednym z gatunków charakteryzujących się wysoką prewalencją zakażeń *Mycoplasma* spp. Zastosowanie metod opracowanych do wykrywania swoistych dla gołębi gatunków mykoplazm pozwoliło na analizę wpływu obecności poszczególnych gatunków mykoplazm na stan zdrowia gołębi. Stwierdzono, że zakażenie poszczególnymi gatunkami mykoplazm może być zależne od stanu zdrowia ptaków lub typu użytkowego. Przeprowadzono ocenę częstości występowania materiału genetycznego *Mycoplasma* spp. pomiędzy typami użytkowymi gołębi. Wyniki analizy statystycznej wykazały, że występowanie mikroorganizmów należących do rodzaju *Mycoplasma* nie jest związane z kondycją zdrowotną gołębi, jednak u gołębi pocztowych może się przyczyniać do wystąpienia objawów chorobowych. W przeprowadzonych badaniach określono prewalencję zakażeń *Mycoplasma* spp. u 55 różnych gatunków ptaków wolno żyjących. Analizy statystyczne uzyskanych wyników potwierdziły istotne różnice w występowaniu *Mycoplasma* spp. u ptaków wolno żyjących w zależności od rodzaju ich diety (mięsożerne, roślinożerne, wszystkożerne), typu siedliska bytowania (lądowe i wodne) oraz trybu życia (ptaki migrujące i osiadłe). W badaniach wykazano, że *Mycoplasma* spp. znacznie częściej występuje u ptaków mięsożernych, zamieszkujących siedliska podmokłe lub wodne oraz u ptaków migrujących. Analiza

filogenetyczna wybranych próbek nie wykazała zależności pomiędzy wykrytymi, niezidentyfikowanymi gatunkami *Mycoplasma* sp. a gatunkami ptaków od których były one izolowane. Wyniki oceny wpływu czynników środowiskowych na występowanie *Mycoplasma* spp. i przeprowadzenie analizy filogenetycznej posłużyły do podjęcia dalszych badań dotyczących występowania *Mycoplasma* spp. u gęsi wolno żyjących. Przeprowadzone badania potwierdziły wysoką prewalencję *Mycoplasma* spp. u tych ptaków. Użycie metod PCR specyficznych dla poszczególnych gatunków mykoplazm swoistych dla drobiu wodnego potwierdziło wysoką prewalencję *M. anserisalpingitidis*, która jest patogenna dla gęsi hodowlanych. Analiza filogenetyczna sekwencji uzyskanych od gęsi wolno żyjących na terenie kraju wykazała bliskie pokrewieństwo z sekwencjami izolatów z innych państw, co oznacza, że dzikie gęsi mogą być wektorem i rezerwuarem *M. anserisalpingitidis*. W próbkach pochodzących od ptaków wolno żyjących i gołębi z terenu kraju nie stwierdzono obecności materiału genetycznego *M. gallisepticum* i *M. synoviae*, które są uznawane za dwa najistotniejsze z epidemiologicznego punktu widzenia gatunki mykoplazm występujących u drobiu hodowlanego.

## Summary

Bacteria of the *Mycoplasma* genus are the smallest self-replicating prokaryotic organisms found widely distributed in the environment. The great majority of species of the genus are classified as commensal or opportunistic microorganisms. Mycoplasmas typically exhibit strong host specificity; however, some species may be isolated from several different hosts. These are bacteria with tropism for tissue types and organ systems, although different strains of a single species may show affinities for different host organism tissue types. The strength of a mycoplasma bacterium's pathogenicity or its contagiousness are characteristics which may vary from one individual strain in the genus to another. Establishing the factors for the pathogenicity of a particular mycoplasma species or the factors governing its incidence in a particular host has been the aim of many research works, but still insufficient knowledge has been amassed on the subject.

The research aimed to assess the occurrence of *Mycoplasma* spp. in wild bird and domestic pigeon populations using molecular biology methods. Testing samples collected from 1170 wild birds and 179 pigeons allowed us to identify the bird species in which the prevalence of *Mycoplasma* spp. was particularly high. It was shown that pigeons are one such species with a high prevalence of these bacteria. The use of methods developed to detect pigeon-specific mycoplasmas facilitated analysis of the impact of individual mycoplasma species on pigeon health. This study also evaluated how the occurrence of *Mycoplasma* spp. differed between breeding types of pigeons. The results showed statistically that the occurrence of mycoplasmas is not associated with the health status of pigeons but may contribute to the emergence of disease symptoms in racing ones. Furthermore, it was found that which individual mycoplasma species an infection with these bacteria is composed of may depend on the health status of the birds or their breeding types. In another study, *Mycoplasma* spp. prevalence was determined in 55 different species of wild birds. Statistical analysis of the results confirmed significant differences in the prevalence of *Mycoplasma* spp. in wild birds depending on their diet (carnivorous, herbivorous, or omnivorous), habitat (terrestrial or aquatic), and lifestyle (migratory or sedentary). It was shown that *Mycoplasma* spp. are more prevalent in carnivorous birds, those inhabiting wetlands, and migratory ones. Phylogenetic analysis of selected samples did not reveal any relationship between the unidentified *Mycoplasma* spp. detected and the species of birds from which they were isolated. The greater prevalence of *Mycoplasma* spp. in aquatic than terrestrial bird species and the results of the phylogenetic analysis prompted us to further investigate the occurrence of these bacteria in wild geese. Our results confirmed the

high prevalence of *Mycoplasma* spp. in these birds in Poland. The use of species-specific PCR methods for detecting mycoplasmas colonizing only waterfowl confirmed the high prevalence of *M. anserisalpingitidis*, which is pathogenic to farmed geese. Phylogenetic analysis showed close similarity between the sequences obtained and those of isolates from other countries, indicating that wild geese may be vectors and reservoirs of *M. anserisalpingitidis*. No genetic material of *M. gallisepticum* or *M. synoviae*, which are considered the most epidemiologically relevant mycoplasma species for commercial poultry, was detected in a mononational sample set from wild birds or pigeons.