Epidemiologia inwazji *Cryptosporidium parvum* u zwierząt gospodarskich i wolno żyjących

AGNIESZKA KAUPKE, ARTUR RZEŻUTKA

Zakład Wirusologii Żywności i Środowiska, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy,
Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy

Otrzymano 22.11.2016

Zaakceptowano 05.04.2017

Kaupke A., Rzeżutka A.

Epidemiology of the invasion of *Cryptosporidium parvum* in farm and wild animals

Summary

Cryptosporidium parvum is a zoonotic protozoan parasite occurring in a wide range of hosts. Invasions caused by this parasite have been reported in humans and in many animal species including birds. Despite its worldwide prevalence, infections have usually generated considerable losses in the livestock industry, mostly affecting calves, lambs and goat kids. It has previously been shown that ruminants are a major reservoir of zoonotic *Cryptosporidium parvum* and contact with an infected animal can lead to human infection. The application of molecular methods for parasitological diagnostics has increased our knowledge on the parasite hosts and its prevalence in humans and animals. They also confirmed their usefulness during epidemiological investigations and in surveillance studies of human and animal cryptosporidiosis. In this review the current state of knowledge concerning the importance of *Cryptosporidium parvum* invasions in farm and wild animals was presented.

Keywords: *Cryptosporidium parvum*, zoonotic strains, farm animals, wild animals

Kryptosporydioza to choroba zarówno ludzi, jak i zwierząt, jest również parazytozą o charakterze zoonotycznym. Wywoływana jest przez pierwotniaka z rodzaju *Cryptosporidium*, typ Apicomplexa, rząd Eucoccidiiida, rodzina Cryptosporidiidae. Pasożyt po raz pierwszy został opisany w 1907 r. przez Tyzzeria, który wykazał obecność oocyst *Cryptosporidium* w żołądku myszy (105). Dotychczas zidentyfikowano 27 gatunków pasożyta, 40 genotypów i 41 subgenotypów u około 150 gatunków zwierząt (110, 113). Kryptosporydioza ma istotne znaczenie w hodowli zwierząt gospodarskich. Na ogół zarażenia przybierają formę bezobjawowych inwazji, które bezpośrednio nie powodują upadków zarażonych osobników, ale mają istotny wpływ na tempo wzrostu i prawidłowy rozwój żywicieli. U zwierząt biegunki mają najczęściej charakter polietologiczny, wśród których obserwuje się współistniejące zakażenia bakteryjne i wirusowe, a także inwazje pasożytnicze. Szczególnie w tej grupie patogenów zarażenia powodowane przez *Cryptosporidium* spp. nasilają objawy chorobowe (25, 83, 96). Straty notowane w hodowli bydła na świecie powodowane wyłącznie przez te pierwotniaki ocenia się na 5-10% w skali roku (55). Na szczególną uwagę zasługują zoonotyczne gatunki pierwotniaka, jak np. *Cryptosporidium parvum*. Obecność oocyst pasożyta

stwierdzano u wielu gatunków ssaków, ale również u gadów i ptaków. Wśród zwierząt gospodarskich głównym rezerwuarem *C. parvum* jest bydło (83, 92). W hodowli owiec i kóz pierwotniak ma mniejsze znaczenie, chociaż znane są przypadki inwazji prowadzących do masowych upadków jagniąt (11).

Inwazje *C. parvum* u przeżuwaczy

Do zarażenia cieląt zwykle dochodzi w krótkim czasie po porodzie, o czym może świadczyć obecność oocyst w kale już u 3-dniowych zwierząt, natomiast szczyt inwazji przypada pomiędzy 1. a 3. tygodniem życia (32). Najwyższą prevalencję *Cryptosporidium* notuje się u młodych osobników do 21. dnia życia (84, 85, 89). Do organizmu pierwotniak dostaje się drogą pokarmową, gdzie w świetle jelita cienkiego z oocyst uwalniane są sporozoit, które aktywnie wnikają do enterocytów. W komórkach nabłonka szybko przekształcają się w trofozoity przechodzące cykl rozmnażania bezpłciowego i płciowego, w wyniku którego powstają formy potomne (merozoity) zdolne do zarażenia kolejnych enterocytów, obejmując w ten sposób poszczególne odcinki jelit. W wyniku rozmnażania płciowego z merozoitów kolejno w procesie gamogonii i sporogonii powstają cienko- i grubościenne oocysty (z podwójną otoczką lipidową), które już jako sporu-

lowane oocysty zawierające 4 sporozooity wydalone są wraz z kałem do środowiska. W świetle jelita na drodze autoinwazji z cienkościennych oocyst uwalniają się sporozooity, które ponownie inicjują cykl rozwojowy prowadząc do przewlekłego zarażenia żywiciela (42).

Okres prepatentny u cieląt zwykle wynosi od 2 do 7 dni. Natomiast okres patentny związany z wydalaniem do środowiska inwazyjnych oocyst zwykle trwa 10-12 dni. Przebieg i czas trwania inwazji zależy od wielu czynników, m.in. od stanu układu odpornościowego zwierząt, dawki inwazyjnej, wieku i obecności współistniejących zakażeń bakteryjnych lub wirusowych. Inwazje *C. parvum* u młodych osobników zwykle charakteryzują się ostrym przebiegiem. Wówczas u zwierząt obserwuje się apatię, brak apetytu i wodnistą biegunkę, często ze śluzem i krwią, która prowadzi do odwodnienia i upadków zwierząt (15, 76, 94, 102). Przebieg inwazji *C. parvum* u owiec i kóz przebiega podobnie jak u cieląt. Najwyższą ekstensywność zarażeń obserwuje się u zwierząt młodych, do 1 miesiąca życia, niemniej jednak rzadko mają one przebieg ostry. U zwierząt starszych niż 2-miesięczne inwazje *C. parvum* są bezobjawowe. Okres prepatentny i patentny u małych przeżuwaczy jest taki sam jak u cieląt (23).

Częstość występowania zarażeń *C. parvum* jest różna i uzależniona od gatunku, wieku zwierząt i regionu ich utrzymywania. Najwyższą prevalencję zarażeń sięgającą nawet 100% zwierząt w badanych stadach obserwuje się u bydła w Europie (112). Inwazje głównie dotyczą cieląt w wieku do 8. tygodnia życia bez względu na typ użytkowy zwierząt (9, 53, 93, 94, 101). Niemniej jednak Geurden i wsp. (29) w swoich badaniach obserwowali wyższą prevalencję u bydła mlecznego niż u zwierząt ras mięsnych. U cieląt w wieku powyżej 4. m-ca życia inwazje pasożytem obserwuje się rzadko (22, 86, 93). Oprócz *C. parvum* u bydła inwazje mogą również powodować *C. bovis* i *C. ryanae*, a także *C. andersoni*, który zasiedla gruczoły odzwiernikowe trawieńca i wydzielające pepsynę, co prowadzi do przerostu błony śluzowej żołądka (102).

Prewalencję *C. parvum* u kóz na świecie ocenia się od 0,8% do 20,3%, natomiast u owiec od 0,78% do 13,1% (64, 106, 114). Podobnie jak u bydła inwazje *C. parvum* u małych przeżuwaczy obserwuje się u zwierząt młodych, najczęściej do 2. miesiąca życia. Na ogół mają one bezobjawowy przebieg, chociaż mogą manifestować się biegunką (11, 14, 79, 100) (tab. 2).

Subgenotypy *C. parvum*

Metody molekularne umożliwiają nie tylko identyfikację gatunku pierwotniaka na podstawie jego genotypu, ale i szczepu w oparciu o analizę subgenotypu. Dzięki nim możliwe jest śledzenie dróg transmisji pasożyta, a co najważniejsze, również identyfikacja źródła zarażenia. Wszystkie dotychczas poznane szczepy *C. parvum* zaklasyfikowano do jednej z 14 grup

Ryc. 1. Mapa Polski przedstawiająca poszczególne regiony kraju, w których u bydła stwierdzono szczepy *C. parvum* o genotypie IIa, IIId i III (45)

genetycznych (IIa-IIo). Ze względu na rodzaj żywiciela poszczególne szczepy podzielono na te o genotypie antroponotycznym (IIc, IId, IIb) i zoonotycznym (IIa, IIId, III, IIj) (35). Najczęściej stwierdzanym genotypem *C. parvum* w stadach bydła w Europie i Ameryce Północnej jest genotyp IIa, natomiast znacznie rzadziej izolowano szczepy pasożyta z rodziny genetycznej IIId (9, 29, 45). W przeciwieństwie do Europy, w Azji i Afryce u zwierząt głównie identyfikuje się szczepy z rodziny IIId (110). Stosunkowo rzadko u cieląt hodowanych w Europie wykrywa się szczepy o genotypie III. Obecne one były m.in. u zwierząt utrzymywanych w Polsce i Słowenii (45, 94). Dotychczas szczepów III *C. parvum* nie stwierdzano u jagniąt i kozłat. U bydła hodowanego w Polsce, podobnie jak i w innych krajach Europy dominują szczepy *C. parvum* o genotypie IIa (91,5% szczepów), chociaż wykrywano szczepy o genotypie IIId (7,04%) i III, które stanowiły 1,4% ogółu szczepów (45) (ryc. 1). W populacji bydła najczęściej identyfikowano szczepy o subgenotypach: IIaA17G1R1, IIaA17G2R1 i IIaA15G2R1. Ostatni z wymienionych okazał się również mieć dominujący subgenotyp w większości europejskich hodowli bydła (9, 10, 80, 83, 94, 112). Ponadto na terenie Europy często stwierdzano u cieląt szczepy IIaA17G1R1, IIaA17G2R1 i IIaA16G1R1 (8, 71, 76), które sporadycznie identyfikowano u jagniąt i kozłat (36). Największą różnorodność genetyczną obejmującą 17 subgenotypów *C. parvum*, w tym rzadko wykrywany u zwierząt w Europie zoonotyczny subgenotyp IIaA18G3R1, obserwowano u cieląt w Irlandii Północnej (101). Powyższy subgenotyp okazał się dość rozpowszechnionym w populacji bydła w Australii i Nowej Zelandii (2, 3).

Inwazje *C. parvum* u pozostałych gatunków zwierząt gospodarskich i towarzyszących

Wprowadzenie metod molekularnych do diagnostyki parazytologicznej pozwoliło na identyfikację *C. parvum* również u innych gatunków zwierząt niż przeżuwacze. Zarażenia *C. parvum* w stadach trzody chlewnej są na ogół rzadkie (70, 87, 107, 115), z ekstensywnością inwazji na poziomie stada nie przekraczającą 1,4% (111). Poza Europą wynosi ona od 5,4% (Stany Zjednoczone) do 33,2% w Japonii (5, 40).

Obecność *C. parvum* stwierdzono również u koni (13, 27, 43, 51), ptactwa domowego (indyków) (63), a także zwierząt towarzyszących, jak psy i koty (56, 90). Inwazje u koni zwykle mają bezobjawowy przebieg, chociaż znane są przypadki upadków źrebiąt z powodu kryptosporydiozy (33, 34). U tych zwierząt stwierdzano szczepy pasożyta należące do rodziny genetycznej IIa (A13G2R1, A15G2R1, A16G1R1, A17G2R1) i IIId (A19G1, A21G1, A22G1, A23G1) (33, 34, 43). Szacuje się, że ekstensywność inwazji *C. parvum* u koni w Polsce wynosi od 0% do 11,5% (61, 75) w Czechach 0,28%, zaś we Włoszech 21,6% (109).

Psy, koty i króliki również wrażliwe są na zarażenie *C. parvum*, chociaż inwazje u zwierząt towarzyszących notuje się stosunkowo rzadko (1, 56, 90, 95). Kryptosporydioza u tych zwierząt częściej związana jest z obecnością gatunkowo specyficznych pierwotniaków, jak *C. canis*, *C. felis* i *C. cuniculus* (39, 44). W przeciwieństwie do kotów inwazje *C. parvum* u psów są na ogół bezobjawowe (103).

C. parvum jest również sporadycznie wykrywanym pasożytem u ptaków domowych i ozdobnych (63). Oocysty pierwotniaka identyfikowano w kale indyków, kulona zwyczajnego (*Burhinus oedicnemus*), nimfy (*Nymphicus hollandicus*) i mewki japońskiej (*Lonchura striata domestica*). Kryptosporydioza ptaków zwykle ma bezobjawowy przebieg, chociaż u kulonów obserwowano otępienie, biegunkę, spadek masy ciała, a nawet przypadki śmiertelne (118).

Inwazje *C. parvum* u zwierząt wolno żyjących

Obecność *C. parvum* stwierdzono u dziko żyjących zwierząt przeżuwających (99), jak np. u: daniela zwyczajnego (*Dama dama*), mundzaka (*Muntiacus reevesi*), adaksa pustynnego (*Addax nasomaculatus*), oryksa arabskiego (*Oryx leucoryx*), antylopowca szablrogo (*Hippotragus niger*), takina złotego (*Budorcas taxicolor bedfordi*) (116) i alpak (*Vicugna pacos*) utrzymywanych w ZOO (98), a także u zwierząt mięsożernych (47, 99), tj. lisa rudego (*Vulpes vulpes*) i wilka szarego (*Canis lupus*). Ponadto, *C. parvum* wykrywano u dzika (*Sus scrofa*) (28), borsuka (*Meles meles*) (99), a także u małych człokształtnych (68). Wysoką prevalencję zoonotycznych szczepów pasożyta sięgającą 23,5% wykazano u mustangów i dziko żyjących kucyków w Stanach Zjednoczonych (109).

C. parvum powszechnie występuje u gryzoni m.in. z rodzin myszowatych (*Muridae*) (74), chomikowatych (*Cricetidae*) (6, 7, 103), a także u gryzoni ziemnowodnych, jak np. bobra europejskiego (6). Bednarska i wsp. (7) wykazali obecność *C. parvum* u dziko żyjących gryzoni w Polsce, tj. nornicy rudej (*Clethrionomys glareolus*), myszy leśnej (*Apodemus flavicollis*) i nornika zwyczajnego (*Microtus arvalis*). Autorzy uważają, że gryzonie są ważnym rezerwuarem pasożyta, jak również odgrywają istotną rolę w transmisji *C. parvum* między innymi gatunkami zwierząt i człowiekiem. Gryzonie zwykle są bezobjawowymi nosicielami *C. parvum*, a zarażeniom nie towarzyszą objawy kliniczne, podobnie zresztą jak wśród gryzoni utrzymywanych jako zwierzęta towarzyszące. W badaniach prowadzonych przez Lv i wsp. (59) w próbkach kału pobieranych od chomików syberyjskich (*Phodopus sungorus*), mandżurskich (*Phodopus campbelli*), a także od burunduków syberyjskich (*Tamias sibiricus*) identyfikowano szczep IIIdA15G1 *C. parvum*, który również był wykrywany u bydła i jaków (*Bos grunniens*) na terenie Chin (77), w tym również chorych na kryptosporydiozę ludzi (112). Niemniej jednak kliniczny przebieg inwazji z silną biegunką i upadkami zwierząt obserwowano jedynie u bambusowców chińskich (*Rhizomys sinensis*) (57). Za zarażenia odpowiedzialne były szczepy *C. parvum* należące do nowych rodzin genetycznych Ilo i IIp, które dotychczas nie były identyfikowane u zwierząt. Powyższe badania wskazują, że gryzonie obecne w otoczeniu człowieka mogą być źródłem kryptosporydiozy dla ludzi. Jak podkreślają autorzy badań prowadzonych na grupie szynszyli małych (*Chinchilla lanigera*), kryptosporydioza u gryzoni podobnie jak inwazje u zwierząt gospodarskich głównie jest spotykana u młodych osobników utrzymywanych w dużym zagęszczeniu, dlatego częstość zarażeń w hodowlach jest większa w porównaniu do zwierząt utrzymywanych indywidualnie (78).

U wielu gatunków dzikich ptaków wykrywano oocysty *C. parvum*. Były one obecne m.in. u sroki zwyczajnej (*Pica pica*), gęsi kanadyjskiej (*Branta canadensis*), krogulca (*Accipiter nisus*), myszołowa (*Buteo buteo*), kani czarnej (*Milvus migrans*) i trzmielojada (*Pernis apivorus*) (82, 117). W kale ptaków dzikich, które utrzymywano w niewoli również stwierdzano oocysty *C. parvum* (31, 69, 118). W Polsce Majewska i wsp. (60) prowadzili badania nad występowaniem *C. parvum* u ptaków wolno żyjących, ozdobnych i domowych. Do identyfikacji pasożyta zastosowano metodę IFA połączoną z hybrydyzacją *in situ*. Oocysty *C. parvum* stwierdzano w próbkach kału ptaków wodnych z rodziny kaczkowatych (*Anatidae*), bociana białego (*Ciconia ciconia*) oraz synantropijnych ptaków z rodziny krukowatych (*Corvidae*). Jak podkreślają autorzy, ptaki wodne są istotnym ogniwem w środowiskowej transmisji pasożyta, będąc jedynie jego mechanicznym wektorem pasożyta.

Tab. 1. Występowanie *C. parvum* w stadach bydła w Europie z uwzględnieniem subgenotypów pasożyta

Kraj	Prewalencja (%)	Subgenotypy <i>C. parvum</i>			Referencje
		Ila	IId	III	
Anglia	23,7	A14G2R1, A15G2R1, A16G3R1, A17G1R1, A17G2R1, A18G1R1, A19G3R1, A20G3R1	b. d.	b. d.	(10, 13, 97)
Belgia	90,5	A13G2R1, A14G2R1, A15G2R1, A16G2R1	A22G1	b. d.	(29)
Czechy	2,3-8	A16G1R1	b. d.	b. d.	(71)
Francja	49,7-66,6	A15G2R1, A16G3R1, A19G2R1	–	b. d.	(83)
Hiszpania	51,9	A15G2R1, A16G3R1, A16G2R1, A17G2R1, A18G3R1, A19G3R1	A23G1	b. d.	(17, 80)
Holandia	100	A11G2R1, A12G2R1, A13G2R1, A14G2R1, A15G2R1, A16G1R1, A16G2R1, A16G3R1, A17G1R1, A17G2R1, A18R1, A18G4R1, A19G2R1	b. d.	b. d.	(112)
Irlandia	19,4-55,6	A18G3R1, A15G2R1, A17G2R1, A19G4R1, A20G3R1, A17G3R1, A19G3R1, A20G5R1, A18G2R1, A20G2R1, A16G3R1, A17G1R1, A18R1, A19G2R1, A20G4R1, A20G3R1, A19G3R1, A23G3R1	b. d.	b. d.	(101, 108)
Niemcy	39,6	A15G2R1, A14G2R1, A16G1R1, A17G2R1, A18G2R1, A19G1R1, A21R1, A22G1R1	A22G1	b. d.	(9)
Polska	5,1	A10G1R1, A15G2R1, A16G1R1b, A17G1R1, A17G2R1, A14G1R1, A16G3R1, A18G1R1c	A22G1, A23G1, A24G1	A19R3	(45)
Rumunia	5,04-25	A15G2R1, A16G1R1	A16G1R1, A17G1R1, A21G1a, A22G1, A25G1, A27G1	A20G1, A24G1, A22G2R1	(107)
Serbia i Czarnogóra	60,2	A16G1R1, A18G1R1, A20G1R1	A18G1b	b. d.	(65)
Słowacja	10	A17G2R1	b. d.	b. d.	(16)
Słowenia	88,2	A13R1, A15G2R1, A16R1, A16G1R1	b. d.	A16R2, A18R2	(94)
Szwecja	1,2-13,6	A16G1R1, A16G1R1b, A18G1R1c	A16G1, A20G1, A22G1, A24G1c	b. d.	(8, 92, 93)
Węgry	27,8	A16G1R1, A17G1R1, A18G1R1	A19G1, A22G1	b. d.	(76)
Włochy	20,6	A14, A13, A15G2R1, A17G2R1, A18G2R1	b. d.	b. d.	(20)

Objaśnienia: kolorem czerwonym oznaczono szczepy *C. parvum* wywołujące inwazje u ludzi; b. d. – brak danych

Tab. 2. Występowanie *C. parvum* u owiec i kóz na świecie

Kontynent	Kraj	Prewalencja (%)		Subgenotypy <i>C. parvum</i>				Referencje
		owce	kozy	owce		kozy		
				Ila	IId	Ila	IId	
Europa	Belgia	6	7,4	A15G2R1	b. d.	A15G2R1	A22G1	(29)
	Grecja	0,78	1,63	b. d.	A4G2T14, A4G3T13	b. d.	A4G2T14, A4G3T13	(106)
	Hiszpania	74,4-95,6	93,8-100	A13G1R1, A14G2R1, A15G2R1, A16G3R1, A18G3R1	A14G1, A15G1, A17G1a, A17G1b, A18G1, A19G1, A21G1, A22G1, A24G1	A13G1R1, A14G2R1, A15G2R1, A16G3R1	A17G1, A17G1a, A19G1, A25G1, A26G1	(18, 79)
	Włochy	80	b. d.	A15G2R1, A16G3R1, A17G1R1, A18G2R1, A18G3R1, A20G2R1	b. d.	b. d.	b. d.	(11)
	Rumunia	83,3	b. d.	A16G1R1, A17G1R1	A20G1, A24G1, A22G2R1	b. d.	A19G1	(36)
	Szkocja	9	b. d.	A19G1R1	b. d.	b. d.	b. d.	(14)
Australia	Nowa Gwinea	1,44	0,9	A15G2R1, A19G4R1	b. d.	A15G2R1, A19G4R1	b. d.	(48)
Ameryka Płn.	Brazylia	3	b. d.	A15G2R1	b. d.	b. d.	b. d.	(72)
Azja	Chiny	13,1	20,3	A15G2R1	b. d	A14G2R1, A15G1R1, A15G2R1, A17G2R1	A19G1	(64, 114)
	Turcja	b. d.	100	b. d.	b. d.	A13G2R1, A15G1R1	A18G1, A22G1	(100)

Objaśnienia: jak w tab. 1.

Również małe owadożerne ssaki, do których należy jeż europejski (*Erinaceus europaeus*) mogą być rezerwuarem *C. parvum* (21, 49, 88), w tym zoonotycznych szczepów o genotypie IIa (A17G1R1) i IIc (A17G1, A19G1, A24G1), które powszechnie występują u zwierząt gospodarskich. Szczepy antropotyczne IIcA5G3j i IIcA5G3 identyfikowano również u jeży (21, 49). Na uwagę także zasługują nietoperze z gatunku nocek myszouchaty (*Myotis ciliolabrum*) i karlik malutki (*Pipistrellus pipistrellus*). W próbkach kału tych zwierząt wykrywano oocysty *C. parvum* sugerując, że mogą one być istotnym rezerwuarem pierwotniaka dla ludzi (50, 67).

Cryptosporidium parvum jako gatunek zoonotyczny

Transmisja pasożyta na człowieka może nastąpić w wyniku bezpośredniego kontaktu z chorym zwierzęciem lub bezobjawowym nosicielem pasożyta (26, 27, 52, 61, 62, 98), jak również za pośrednictwem zanieczyszczonej oocystami wody i żywności (30, 91). Dużą rolę w transmisji pasożyta przypisuje się środowisku, do którego trafiają odchody zwierząt. Zarażone bydło i owce wydalaają wraz z kałem do 10^{10} oocyst/dzień przez okres nawet 14 dni (19). Oocysty *C. parvum* mają wielkość $4,5 \times 5,5 \mu\text{m}$, są odporne na wysychanie, niską i wysoką temperaturę, jak również szereg środków dezynfekcyjnych, co sprzyja zachowaniu ich inwazyjności w środowisku. Oocysty znajdujące się w glebie z łatwością mogą przedostawać się do wód gruntowych i naturalnych cieków wodnych, doprowadzając do ich zanieczyszczenia (30, 73). Obecnie inwazje *C. parvum* stanowią jedną z głównych przyczyn biegunek u ludzi, szczególnie w Azji, Afryce i Ameryce Łacińskiej gdzie klimat oraz niski poziom higieny sprzyjają transmisji pasożyta i szerzeniu się inwazji (24). Inwazje *C. parvum* u ludzi również częściej występują na terenach, na których prowadzona jest intensywna hodowla bydła (94). W 2011 r. w Europie odnotowano 5724 przypadki kryptosporydiozy człowieka, najwięcej w Anglii, Niemczech, Irlandii i Szwecji. W tym samym czasie w Polsce zanotowano tylko jeden przypadek, (4) pomimo że kryptosporydioza jest jedną z pasożytów odnotowywanych w raportach PZH. Najprawdopodobniej wynika to z faktu braku prowadzonej diagnostyki i rozpoznawania przyczyn biegunek zarówno w przypadku pojedynczych zachorowań, jak i w ogniskach zatruc pokarmowych. W porównaniu do Polski liczbę inwazji *Cryptosporidium* u ludzi w Stanach Zjednoczonych szacuje się na 748 tysięcy przypadków rocznie (12). Z badań epidemiologicznych ognisk kryptosporydiozy u ludzi wynika, że tylko niektóre szczepy pasożyta spośród tych identyfikowanych u zwierząt gospodarskich powodowały inwazje u ludzi (tab. 1, 2). Najczęściej u ludzi w Europie stwierdzano zoonotyczne szczepy *C. parvum* o następujących subgenotypach: IIaA15G2R1, IIaA17G1R1 i IIaA16G1R1 (38, 46, 54, 58, 66, 94). Szczep o subgenotypie IIaA15G1R1, który wydawało się, że tylko endemicznie występuje u kóz

na obszarze Azji (64, 100), powodował zachorowania u dzieci w Hiszpanii i Anglii (41, 81). W przypadku szczepu IIaA11G2R1, który wykrywano u cieląt, był on również identyfikowany u pacjentów hospitalizowanych z powodu kryptosporydiozy, co wskazuje na jego zoonotyczny charakter (94). Ponadto szczepy IIaA13G1R1 i IIaA13G2R1, które dość rzadko są notowane u przeżuwaczy, odpowiedzialne były za inwazje u osób zakażonych wirusem HIV (38). Nie tylko kontakt bezpośredni z zarażonymi zwierzętami lub spożywanie żywności zanieczyszczonej oocystami było przyczyną kryptosporydiozy u ludzi, ale i picie wody zanieczyszczonej bydlęcym szczepem IIaA18G3R1 doprowadziło do wystąpienia dwóch ognisk choroby, w której zachorowaniu uległo ponad 340 osób (101). Najprawdopodobniej kontakt z zarażonymi zwierzętami lub spożywanie zanieczyszczonej wody był przyczyną kryptosporydiozy ludzi wywołanej przez szczep IIaA16G1 *C. parvum*, który został po raz pierwszy zidentyfikowany u gryzoni w Azji (37). Dochodzenie epidemiologiczne wykazało, że chorowały osoby, które podróżowały do Azji, gdzie mogło dojść do zarażenia. Szczepy *C. parvum* należące do rodziny genetycznej IIc znacznie rzadziej były przyczyną inwazji u ludzi niż szczepy o genotypach IIa (58).

Podsumowanie

Na opłacalność hodowli zwierząt mają wpływ nie tylko pojawiające się choroby bakteryjne, wirusowe, ale i inwazje pasożytnicze, które przyczyniają się do strat ekonomicznych. Spośród wielu pasożytów na uwagę zasługują pierwotniaki z rodzaju *Cryptosporidium*, a w szczególności *C. parvum* ze względu na powszechność występowania u zwierząt, kosmopolityczny charakter zarażeń i zdolność do wywoływania inwazji u ludzi czyniąc go tym samym pierwotniakiem zoonotycznym. Ten ostatni aspekt ma szczególne znaczenie w ochronie zdrowia publicznego, gdyż wiedza na temat zwierzęcego rezerwuara pierwotniaka jest istotna dla epidemiologów śledzących zachorowania człowieka powodowane przez te groźne pierwotniaki. W tym kontekście molekularne badania inwazji stanowią obecnie podstawę nowoczesnej diagnostyki pasożytów.

Piśmiennictwo

1. Abe N., Kimata I., Iseki M.: Identification of genotypes of *Cryptosporidium parvum* isolates from a patient and a dog in Japan. J. Vet. Med. Sci. 2002, 64, 165-168.
2. Abeywardena H., Jex A. R., Firestone S. M., McPhee S., Driessen N., Koehler A. V., Haydon S. R., von Samson-Himmelstjerna G., Stevens M. A., Gasser R. B.: Assessing calves as carriers of *Cryptosporidium* and *Giardia* with zoonotic potential on dairy and beef farms within a water catchment area by mutation scanning. Electrophoresis 2013, 34, 2259-2267.
3. Al Mawly J., Grinberg A., Velathanthiri N., French N.: Cross sectional study of prevalence, genetic diversity and zoonotic potential of *Cryptosporidium parvum* cycling in New Zealand dairy farms. Parasit. Vectors 2015, 22, 240.
4. Annual epidemiological report Reporting on 2011 surveillance data and 2012 epidemic intelligence data, 2013.
5. Atwill E. R., Sweitzer R. A., Pereira M. G., Gardner I. A., Van Vuren D., Boyce W. M.: Prevalence of and associated risk factors for shedding *Cryptosporidium parvum* oocysts and *Giardia* cysts within feral pig populations in California. Appl. Environ. Microbiol. 1997, 63, 3946-3949.

6. Bajer A., Bednarska M., Siński E.: Wildlife rodents from different habitats as a reservoir for *Cryptosporidium parvum*. *Acta Parasitol.* 1997, 42, 192-194.
7. Bednarska M., Bajer A., Kulis K., Siński E.: Biological characterisation of *Cryptosporidium parvum* isolates of wildlife rodents in Poland. *Ann. Agric. Environ. Med.* 2003, 10, 163-169.
8. Björkman C., Lindström L., Oweson C., Ahola H., Troell K., Axén C.: *Cryptosporidium* infections in suckler herd beef calves. *Parasitology* 2015, 142, 1108-1114.
9. Broglia A., Reckinger S., Cacciò S. M., Nöckler K.: Distribution of *Cryptosporidium parvum* subtypes in calves in Germany. *Vet. Parasitol.* 2008, 154, 8-13.
10. Brook E. J., Anthony Hart C., French N. P., Christley R. M.: Molecular epidemiology of *Cryptosporidium* subtypes in cattle in England. *Vet. J.* 2009, 179, 378-382.
11. Cacciò S. M., Sannella A. R., Mariano V., Valentini S., Berti F., Tosini F., Pozio E.: A rare *Cryptosporidium parvum* genotype associated with infection of lambs and zoonotic transmission in Italy. *Vet. Parasitol.* 2013, 191, 128-131.
12. CDC, 2015; <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/ss6403a1.htm>
13. Chalmers R. M., Ferguson C., Cacciò S., Gasser R. B., Abs EL-Osta Y. G., Heijnen L., Xiao L., Elwin K., Hadfield S., Sinclair M., Stevens M.: Direct comparison of selected methods for genetic categorisation of *Cryptosporidium parvum* and *Cryptosporidium hominis* species. *Int. J. Parasitol.* 2005, 35, 397-410.
14. Connelly L., Craig B. H., Jones B., Alexander C. L.: Genetic diversity of *Cryptosporidium* spp. within a remote population of soay sheep on St. Kilda Islands, Scotland. *Appl. Environ. Microbiol.* 2013, 79, 2240-2246.
15. Cui Z., Wang R., Huang J., Wang H., Zhao J., Luo N., Li J., Zhang Z., Zhang L.: *Cryptosporidiosis* caused by *Cryptosporidium parvum* subtype IIdA15G1 at a dairy farm in Northwestern China. *Parasit. Vectors* 2014, 7, 529.
16. Danišová O., Valenčáková A., Petrincová A.: Detection and identification of six *Cryptosporidium* species in livestock in Slovakia by amplification of SSU and GP60 genes with the use of PCR analysis. *Ann. Agric. Environ. Med.* 2016, 2, 254-258.
17. Díaz P., Quílez J., Chalmers R. M., Panadero R., López C., Sánchez-Acedo C., Morondo P., Díez-Baños P.: Genotype and subtype analysis of *Cryptosporidium* isolates from calves and lambs in Galicia (NW Spain). *Parasitology* 2010, 137, 1187-1193.
18. Díaz P., Quílez J., Prieto A., Navarro E., Pérez-Creo A., Fernández G., Panadero R., López C., Díez-Baños P., Morondo P.: *Cryptosporidium* species and subtype analysis in diarrhoeic pre-weaned lambs and goat kids from north-western Spain. *Parasitol. Res.* 2015, 114, 4099-4105.
19. Donnelly J. K., Stentford E. I.: Water-borne cryptosporidiosis: a recurring problem. *Environ. Managem. Health* 1997, 8, 112-123.
20. Duranti A., Cacciò S. M., Pozio E., Di Egidio A., De Curtis M., Battisti A., Scaramozzino P.: Risk factors associated with *Cryptosporidium parvum* infection in cattle. *Zoonoses Public Health* 2009, 56, 176-182.
21. Dyachenko V., Kuhnert Y., Schmaeschke R., Etzold M., Pantchev N., Dauschies A.: Occurrence and molecular characterization of *Cryptosporidium* spp. genotypes in European hedgehogs (*Erinaceus europaeus* L.) in Germany. *Parasitology* 2010, 137, 205-216.
22. Fayer R., Santin M., Trout J. M., Greiner E.: Prevalence of species and genotypes of *Cryptosporidium* found in 1- to 2-year-old dairy cattle in eastern United States. *Vet. Parasitol.* 135, 2006, 105-112.
23. Fayer R., Speer C. A., Dubey J. P.: General biology of *Cryptosporidium*, [w.] J. P. Dubey, C. A. Speer, R. Fayer (red.): *Cryptosporidiosis in Man and Animals*. CRC Press, Boca Raton, Florida 1990, s. 1-29.
24. Franzen C., Müller A.: *Cryptosporidia* and *microsporidia*-waterborne diseases in the immunocompromised host. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.* 1999, 34, 245-362.
25. Fuente R. de la; García A., Ruiz-Santa-Quiteria J. A., Luzón M., Cid D., García S., Orden J. A., Gómez-Bautista M.: Proportional morbidity rates of enteropathogens among diarrheic dairy calves in central Spain. *Prev. Vet. Med.* 1998, 36, 145-152.
26. Gait R., Soutar R. H., Hanson M., Fraser C., Chalmers R.: Outbreak of cryptosporidiosis among veterinary students. *Vet. Rec.* 2008, 162, 843-845.
27. Galuppi R., Piva S., Castagnetti C., Sarli G., Iacono E., Fioravanti M. L., Caffara M.: *Cryptosporidium parvum*: From foal to veterinary students. *Vet. Parasitol.* 2016, 219, 53-56.
28. García-Presedo I., Pedraza-Díaz S., González-Warleta M., Mezo M., Gómez-Bautista M., Ortega-Mora L. M., Castro-Hermida J. A.: Presence of *Cryptosporidium* scrofarum, C. suis and C. parvum subtypes IIdA16G2R1 and IIdA13G1R1 in Eurasian wild boars (*Sus scrofa*). *Vet. Parasitol.* 2013, 196, 497-502.
29. Geurden T., Thomas P., Casaert S., Vercruysse J., Claerebout E.: Prevalence and molecular characterisation of *Cryptosporidium* and *Giardia* in lambs and goat kids in Belgium. *Vet. Parasitol.* 2008, 155, 142-145.
30. Glaberman S., Moore J. E., Lowery C. J., Chalmers R. M., Sulaiman I., Elwin K., Rooney P. J., Millar B. C., Dooley J. S., Lal A. A., Xiao L.: Three drinking-water-associated cryptosporidiosis outbreaks, Northern Ireland. *Emerg. Infect. Dis.* 2002, 8, 631-633.
31. Gomes R. S., Huber F., da Silva S., do Bomfim T. C.: *Cryptosporidium* spp. parasitize exotic birds that are commercialized in markets, commercial aviaries, and pet shops. *Parasitol. Res.* 2012, 110, 1363-1370.
32. Graaf D. C. de; Vanopdenbosch E., Ortega-Mora L. M., Abbassi H., Peeters J. E.: A review of the importance of cryptosporidiosis in farm animals. *Int. J. Parasitol.* 1999, 29, 1269-1287.
33. Grinberg A., Oliver L., Learmonth J. J., Leyland M., Roe W., Pomroy W. E.: Identification of *Cryptosporidium parvum* 'cattle' genotype from a severe outbreak of neonatal foal diarrhoea. *Vet. Rec.* 2003, 153, 628-631.
34. Gundlach J. L., Sadzikowski A., Studzińska M. B.: Inwazje pierwotniaków u koni. *Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska Lublin – Polonia sectio DD* 2006, LXI, 4.
35. Hijawi N., Ng J., Yang R., Atoum M. F., Ryan U.: Identification of rare and novel *Cryptosporidium* GP60 subtypes in human isolates from Jordan. *Exp. Parasites* 2010, 125, 161-164.
36. Imre K., Luca C., Costache M., Sala C., Morar A., Morariu S., Ilie M. S., Imre M., Dărbuş G.: Zoonotic *Cryptosporidium parvum* in Romanian newborn lambs (*Ovis aries*). *Vet. Parasitol.* 2013, 191, 119-122.
37. Insulander M., Silverlås C., Lebbad M., Karlsson L., Mattsson J. G., Svenungsson B.: Molecular epidemiology and clinical manifestations of human cryptosporidiosis in Sweden. *Epidemiol. Infect.* 2013, 141, 1009-1020.
38. Iqbal A., Lim Y. A., Surin J., Sim B. L.: High diversity of *Cryptosporidium* subgenotypes identified in Malaysian HIV/AIDS individuals targeting gp60 gene. *PLoS ONE* 2012, 7(2):e31139.
39. Itoh N., Oohashi Y., Ichikawa-Seki M., Itagaki T., Ito Y., Saeki H., Kanai K., Chikazawa S., Hori Y., Hoshi F., Higuchi S.: Molecular detection and characterization of *Cryptosporidium* species in household dogs, pet shop puppies, and dogs kept in a school of veterinary nursing in Japan. *Vet. Parasitol.* 2014, 200, 284-288.
40. Izumiyama S., Furukawa I., Kuroki T., Yamai S., Sugiyama H., Yagita K., Endo T.: Prevalence of *Cryptosporidium parvum* infections in weaned piglets and fattening porkers in Kanagawa Prefecture, Japan. *Jpn. J. Infect. Dis.* 2001, 54, 23-26.
41. Jex A. R., Gasser R. B.: Analysis of the genetic diversity within *Cryptosporidium hominis* and *Cryptosporidium parvum* from imported and autochthonous cases of human cryptosporidiosis by mutation scanning. *Electrophoresis* 2008, 29, 4119-4129.
42. Jędrzejewski S.: Występowanie stadiów dyspersyjnych pasożytów jelitowych w żywności pochodzenia roślinnego. Praca dokt. Katedra i Zakład Biologii i Parazytologii Lekarskiej UM, Poznań 2012.
43. Jian F., Liu A., Wang R., Zhang S., Qi M., Zhao W., Shi Y., Wang J., Wei J., Zhang L., Xiao L.: Common occurrence of *Cryptosporidium hominis* in horses and donkeys. *Infect. Genet. Evol.* 2016, 43, 261-266.
44. Kaupke A., Kwit E., Chalmers R. M., Michalski M. M., Rzeżutka A.: An outbreak of massive mortality among farm rabbits associated with *Cryptosporidium* infection. *Res. Vet. Sci.* 2014, 97, 85-87.
45. Kaupke A., Rzeżutka A.: Emergence of novel subtypes of *Cryptosporidium parvum* in calves in Poland. *Parasitol. Res.* 2015, 114, 4709-4716.
46. Kinross P., Beser J., Troell K., Axén C., Björkman C., Lebbad M., Winiecka-Krusnell J., Lindh J., Löfdahl M.: *Cryptosporidium parvum* infections in a cohort of veterinary students in Sweden. *Epidemiol. Infect.* 2015, 143, 2748-2756.
47. Kloch A., Bednarska M., Bajer A.: Intestinal macro- and microparasites of wolves (*Canis lupus* L.) from north-eastern Poland recovered by coprological study. *Ann. Agric. Environ. Med.* 2005, 12, 237-245.
48. Koinari M., Lymbery A. J., Ryan U. M.: *Cryptosporidium* species in sheep and goats from Papua New Guinea. *Exp. Parasitol.* 2014, 141, 134-137.
49. Krawczyk A. I., van Leeuwen A. D., Jacobs-Reitsma W., Wijnands L. M., Bouw E., Jahfari S., van Hoek A. H., van der Giessen J. W., Roelfsema J. H., Kroes M., Kleve J., Dullemeier Y., Sprong H., de Bruin A.: Presence of zoonotic agents in engorged ticks and hedgehog faeces from *Erinaceus europaeus* in (sub) urban areas. *Parasit. Vectors* 2015, 8, 210.
50. Kváč M., Hořícká A., Sak B., Prediger J., Salát J., Šírmarová J., Bartonička T., Clark M., Chelladurai J. R., Gillam E., McEvoy J.: Novel *Cryptosporidium* bat genotypes III and IV in bats from the USA and Czech Republic. *Parasitol. Res.* 2015, 114, 3917-3921.
51. Laattama A. E., Wagnerová P., Sak B., Květoňová D., Xiao L., Rost M., McEvoy J., Saadi A. R., Aissi M., Kváč M.: Microsporidia and *Cryptosporidium* in horses and donkeys in Algeria: detection of a novel *Cryptosporidium hominis* subtype family (Ik) in a horse. *Vet. Parasitol.* 2015, 208, 135-142.
52. Lange H., Johansen O. H., Vold L., Robertson L. J., Anthonisen I. L., Nygard K.: Second outbreak of infection with a rare *Cryptosporidium parvum* genotype

- in schoolchildren associated with contact with lambs/goat kids at a holiday farm in Norway. *Epidemiol. Infect.* 2014, 142, 2105-2113.
53. Langkjaer R. B., Vigre H., Enemark H. L., Maddox-Hyttel C.: Molecular and phylogenetic characterization of *Cryptosporidium* and *Giardia* from pigs and cattle in Denmark. *Parasitol.* 2007, 134, 339-350.
 54. Lassen B., Ståhl M., Enemark H. L.: Cryptosporidiosis – an occupational risk and a disregarded disease in Estonia. *Acta Vet. Scand.* 2014, 56, 36.
 55. Lender M., Etzold M., Dauschies A.: Kryptosporidiose – ein Update. *Berl. Munch. Tierarztl. Wschr.* 2011, 124, 473-484.
 56. Li W., Li Y., Song M., Lu Y., Yang J., Tao W., Jiang Y., Wan Q., Zhang S., Xiao L.: Prevalence and genetic characteristics of *Cryptosporidium*, *Enterocytozoon bienersi* and *Giardia duodenalis* in cats and dogs in Heilongjiang province, China. *Vet. Parasitol.* 2015, 208, 125-134.
 57. Liu X., Zhou X., Zhong Z., Zuo Z., Shi J., Wang Y., Qing B., Peng G.: Occurrence of novel and rare subtype families of *Cryptosporidium* in bamboo rats (*Rhizomys sinensis*) in China. *Vet. Parasitol.* 2015, 207, 144-148.
 58. Lucio A. de, Merino F. J., Martínez-Ruiz R., Bailo B., Aguilera M., Fuentes I., Carmona D.: Molecular genotyping and sub-genotyping of *Cryptosporidium* spp. isolates from symptomatic individuals attending two major public hospitals in Madrid, Spain. *Infect. Genet. Evol.* 2016, 37, 49-56.
 59. Lv C., Zhang L., Wang R., Jian F., Zhang S., Ning C., Wang H., Feng C., Wang X., Ren X., Qi M., Xiao L.: *Cryptosporidium* spp. in wild, laboratory, and pet rodents in China: prevalence and molecular characterization. *Appl. Environ. Microbiol.* 2009, 75, 7692-7699.
 60. Majewska A. C., Graczyk T. K., Słodkiewicz-Kowalska A., Tamang L., Jedrzejewski S., Zduniak P., Solarczyk P., Nowosad A., Nowosad P.: The role of free-ranging, captive, and domestic birds of Western Poland in environmental contamination with *Cryptosporidium parvum* oocysts and *Giardia lamblia* cysts. *Parasitol. Res.* 2009, 104, 1093-1099.
 61. Majewska A. C., Werner A., Sulima P., Luty T.: Survey on equine cryptosporidiosis in Poland and the possibility of zoonotic transmission. *Ann. Agric. Environ. Med.* 1999, 6, 161-165.
 62. Mattsson J. G., Insulander M., Lebbad M., Björkman C., Svenungsson B.: Molecular typing of *Cryptosporidium parvum* associated with a diarrhoea outbreak identifies two sources of exposure. *Epidemiol. Infect.* 2008, 136, 1147-1152.
 63. McEvoy J. M., Giddings C. W.: *Cryptosporidium* in commercially produced turkeys on-farm and postslaughter. *Lett. Appl. Microbiol.* 2009, 48, 302-306.
 64. Mi R., Wang X., Huang Y., Zhou P., Liu Y., Chen Y., Chen J., Zhu W., Chen Z.: Prevalence and molecular characterization of *Cryptosporidium* in goats across four provincial level areas in China. *PLoS ONE* 2014, 24, 9(10):e111164.
 65. Misić Z., Abe N.: Subtype analysis of *Cryptosporidium parvum* isolates from calves on farms around Belgrade, Serbia and Montenegro, using the 60 kDa glycoprotein gene sequences. *Parasitol.* 2007, 134, 351-358.
 66. Molloy S. F., Smith H. V., Kirwan P., Nichols R. A., Asaolu S. O., Connelly L., Holland C. V.: Identification of a high diversity of *Cryptosporidium* species genotypes and subtypes in a pediatric population in Nigeria. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2010, 82, 608-613.
 67. Murakoshi F., Recuenco F. C., Omatsu T., Sano K., Taniguchi S., Masangkay J. S., Alviola P., Eres E., Cosico E., Alvarez J., Une Y., Kyuwa S., Sugiura Y., Kato K.: Detection and molecular characterization of *Cryptosporidium* and *Eimeria* species in Philippine bats. *Parasitol. Res.* 2016, 115, 1863-1869.
 68. Mynářová A., Foitová I., Kváč M., Květoňová D., Rost M., Morrogh-Bernard H., Nurcahyo W., Nguyen C., Supriyadi S., Sak B.: Prevalence of *Cryptosporidium* spp., *Enterocytozoon bienersi*, *Encephalitozoon* spp. and *Giardia intestinalis* in Wild, Semi-Wild and Captive Orangutans (*Pongo abelii* and *Pongo pygmaeus*) on Sumatra and Borneo, Indonesia. *PLoS ONE* 2016, 11(3):e0152771.
 69. Nakamura A. A., Simões D. C., Antunes R. G., da Silva D. C., Meireles M. V.: Molecular characterization of *Cryptosporidium* spp. from fecal samples of birds kept in captivity in Brazil. *Vet. Parasitol.* 2009, 166, 47-51.
 70. Němec K., Sak B., Květoňová D., Kernerová N., Rost M., Cama V. A., Kváč M.: Occurrence of *Cryptosporidium* suis and *Cryptosporidium scrofarum* on commercial swine farms in the Czech Republic and its associations with age and husbandry practices. *Parasitol. Res.* 2013, 112, 1143-1154.
 71. Ondráčková Z., Kváč M., Sak B., Kvetonová D., Rost M.: Prevalence and molecular characterization of *Cryptosporidium* spp. in dairy cattle in South Bohemia, the Czech Republic. *Vet. Parasitol.* 2009, 165, 141-144.
 72. Paz e Silva F. M., Lopes R. S., Bresciani K. D., Amarante A. F., Araujo J. P.: High occurrence of *Cryptosporidium ubiquitum* and *Giardia duodenalis* genotype E in sheep from Brazil. *Acta Parasitol.* 2014, 59, 193-196.
 73. Peeters J. E., Mazás E. A., Masschelein W. J., Villacorta Martínez de Maturana I., Debacker E.: Effect of disinfection of drinking water with ozone or chlorine dioxide on survival of *Cryptosporidium parvum* oocysts. *Appl. Environ. Microbiol.* 1989, 55, 1519-1522.
 74. Perec-Matysiak A., Buńkowska-Gawlik K., Zaleśny G., Hildebrand J.: Small rodents as reservoirs of *Cryptosporidium* spp. and *Giardia* spp. in south-western Poland. *Ann. Agric. Environ. Med.* 2015, 22, 1-5.
 75. Pilarczyk B., Balicka-Ramisz A.: Prevalence of *Cryptosporidium* sp. in farm animals in Western Pomerania. *EJPAU, Animal Husbandry* 2002, 5, 1.
 76. Plutzer J., Karanis P.: Genotype and subtype analyses of *Cryptosporidium* isolates from cattle in Hungary. *Vet. Parasitol.* 2007, 146, 357-362.
 77. Qi M., Cai J., Wang R., Li J., Jian F., Huang J., Zhou H., Zhang L.: Molecular characterization of *Cryptosporidium* spp. and *Giardia duodenalis* from yaks in the central western region of China. *BMC Microbiol.* 2015, 15, 108.
 78. Qi M., Luo N., Wang H., Yu F., Wang R., Huang J., Zhang L.: Zoonotic *Cryptosporidium* spp. and *Enterocytozoon bienersi* in pet chinchillas (*Chinchilla lanigera*) in China. *Parasitol. Int.* 2015, 64, 339-341.
 79. Quilez J., Torres E., Chalmers R. M., Hadfield S. J., Del Cacho E., Sánchez-Acedo C.: *Cryptosporidium* genotypes and subtypes in lambs and goat kids in Spain. *Appl. Environ. Microbiol.* 2008, 74, 6026-6031.
 80. Quilez J., Torres E., Chalmers R. M., Robinson G., Del Cacho E., Sanchez-Acedo C.: *Cryptosporidium* species and subtype analysis from dairy calves in Spain. *Parasitology* 2008, 135, 1613-1620.
 81. Ramo A., Quilez J., Vergara-Castiblanco C., Monteagudo L., Del Cacho E., Clavel A.: Multilocus typing and population structure of *Cryptosporidium* from children in Zaragoza, Spain. *Infect. Genet. Evol.* 2015, 31, 190-197.
 82. Reboledo-Fernández A., Ares-Mazás E., Cacciò S. M., Gómez-Couso H.: Occurrence of *Giardia* and *Cryptosporidium* in wild birds in Galicia (Northwest Spain). *Parasitology* 2015, 142, 917-925.
 83. Rieux A., Paraud C., Pors I., Chartier C.: Molecular characterization of *Cryptosporidium* isolates from beef calves under one month of age over three successive years in one herd in western France. *Vet. Parasitol.* 2014, 202, 171-179.
 84. Rieux A., Paraud C., Pors I., Chartier C.: Molecular characterization of *Cryptosporidium* spp. in pre-weaned kids in a dairy goat farm in western France. *Vet. Parasitol.* 2013, 192, 268-272.
 85. Ryan U. M., Bath C., Robertson I., Read C., Elliot A., McInnes L., Traub R., Besier B.: Sheep may not be an important zoonotic reservoir for *Cryptosporidium* and *Giardia* parasites. *Appl. Environ. Microbiol.* 2005, 71, 4992-4997.
 86. Rzeżutka A., Kaupke A.: Occurrence and molecular identification of *Cryptosporidium* species isolated from cattle in Poland. *Vet. Parasitol.* 2013, 196, 301-306.
 87. Rzeżutka A., Kaupke A., Kozyra I., Pejsak Z.: Molecular studies on pig cryptosporidiosis in Poland. *Pol. J. Vet. Sci.* 2014, 17, 577-582.
 88. Sangster L., Blake D. P., Robinson G., Hopkins T. C., Sa R. C., Cunningham A. A., Chalmers R. M., Lawson B.: Detection and molecular characterisation of *Cryptosporidium parvum* in British European hedgehogs (*Erinaceus europaeus*). *Vet. Parasitol.* 2016, 217, 39-44.
 89. Santin M., Trou J. M., Fayer R.: Prevalence and molecular characterization of *Cryptosporidium* and *Giardia* species and genotypes in sheep in Maryland. *Vet. Parasitol.* 2007, 146, 17-24.
 90. Scorza A. V., Duncan C., Miles L., Lappin M. R.: Prevalence of selected zoonotic and vector-borne agents in dogs and cats in Costa Rica. *Vet. Parasitol.* 2011, 183, 178-183.
 91. Silva M. B. de, Schafer S., Kendall Scott M., Robinson B., Hills A., Buser G. L., Salis K., Gargano J., Yoder J., Hill V., Xiao L., Roellig D., Hedberg K.: Community wide cryptosporidiosis outbreak associated with a surface water-supplied municipal water system – Baker City, Oregon, 2013. *Epidemiol. Infect.* 2016, 144, 274-284.
 92. Silverlås C., Blanco-Penedo I.: *Cryptosporidium* spp. in calves and cows from organic and conventional dairy herds. *Epidemiol. Infect.* 2013, 141, 529-539.
 93. Silverlås C., Näslund K., Björkman C., Mattsson J. G.: Molecular characterisation of *Cryptosporidium* isolates from Swedish dairy cattle in relation to age, diarrhoea and region. *Vet. Parasites* 2010, 169, 289-295.
 94. Soba B., Logar J.: Genetic classification of *Cryptosporidium* isolates from humans and calves in Slovenia. *Parasitology* 2008, 135, 1263-1270.
 95. Sotiriadou I., Pantchev N., Gassmann D., Karanis P.: Molecular identification of *Giardia* and *Cryptosporidium* from dogs and cats. *Parasite* 2013, 20, 8.
 96. Sobiech P., Kowalczyk E.: Choroby biegunkowe bydła aktualne podejście do profilaktyki i leczenia. *Lecznica dużych zwierząt. Monografia* 2015, 2, 83-87.
 97. Smith R. P., Clifton-Hadley F. A., Cheney T., Giles M.: Prevalence and molecular typing of *Cryptosporidium* in dairy cattle in England and Wales and examination of potential on farm transmission routes. *Vet. Parasitol.* 2014, 204, 111-119.
 98. Starkey S. R., Johnson A. L., Ziegler P. E., Mohammed H. O.: An outbreak of cryptosporidiosis among alpaca crias and their human caregivers. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 2007, 231, 1562-1567.
 99. Sturdee A. P., Chalmers R. M., Bull S. A.: Detection of *Cryptosporidium* oocysts in wild mammals of mainland Britain. *Vet. Parasitol.* 1999, 80, 273-280.

100. Taylan-Ozkan A., Yasa-Duru S., Usluca S., Lysen C., Ye J., Roellig D. M., Feng Y., Xiao L.: Cryptosporidium species and Cryptosporidium parvum subtypes in dairy calves and goat kids reared under traditional farming systems in Turkey. *Exp. Parasitol.* 2016, 170, 16-20.
101. Thompson H. P., Dooley J. S., Kenny J., McCoy M., Lowery C. J., Moore J. E., Xiao L.: Genotypes and subtypes of Cryptosporidium spp. in neonatal calves in Northern Ireland. *Parasitol Res.* 2007, 100, 619-624.
102. Thompson R. C., Olson M. E., Zhu G., Enomoto S., Abrahamsen M. S., Hijawi N. S.: Cryptosporidium and cryptosporidiosis. *Adv. Parasitol.* 2005, 59, 77-158.
103. Thompson R. C., Palmer C. S., O'Handley R.: The public health and clinical significance of Giardia and Cryptosporidium in domestic animals. *Vet. J.* 2008, 177, 18-25.
104. Torres J., Gracenea M., Gómez M. S., Arrizabalaga A., González-Moreno O.: The occurrence of Cryptosporidium parvum and C. muris in wild rodents and insectivores in Spain. *Vet. Parasitol.* 2000, 92, 253-260.
105. Tyzzer E.: A sporozoon found in the peptic glands of the common mouse. *Proc. Soc. Exp. Biol. Med.* 1907, 5, 12-13.
106. Tzanidakis N., Sotiraki S., Claerebout E., Ehsan A., Voutzourakis N., Kostopoulou D., Stijn C., Vercruysse J., Geurden T.: Occurrence and molecular characterization of Giardia duodenalis and Cryptosporidium spp. in sheep and goats reared under dairy husbandry systems in Greece. *Parasite* 2014, 21, 45.
107. Vieira P. M., Mederle N., Lobo M. L., Imre K., Mederle O., Xiao L., Darabus G., Matos O.: Molecular characterisation of Cryptosporidium (Apicomplexa) in children and cattle in Romania. *Folia Parasitol. Praha* 2015, 1, 62.
108. Waele V. de, Van den Broeck F., Huyse T., McGrath G., Higgins I., Speybroeck N., Berzano M., Raleigh P., Mulcahy G. M., Murphy T. M.: Panmictic structure of the Cryptosporidium parvum population in Irish calves: influence of prevalence and host movement. *Appl. Environ. Microbiol.* 2013, 79, 2534-2541.
109. Wagnerová P., Sak B., McEvoy J., Rost M., Sherwood D., Holcomb K., Kváč M.: Cryptosporidium parvum and Enterocytozoon bienewsi in American Mustangs and Chincoteague ponies. *Exp. Parasitol.* 2016, 162, 24-27.
110. Wang R., Zhang L., Axén C., Bjorkman C., Jian F., Amer S., Liu A., Feng Y., Li G., Lv C., Zhao Z., Qi M., Dong H., Wang H., Sun Y., Ning C., Xiao L.: Cryptosporidium parvum IId family: clonal population and dispersal from Western Asia to other geographical regions. *Sci. Rep.* 2014, 27, 4208.
111. Wieler L. H., Ilieff A., Herbst W., Bauer C., Vieler E., Bauerfeind R., Failing K., Klös H., Wengert D., Baljer G., Zahner H.: Prevalence of enteropathogens in suckling and weaned piglets with diarrhoea in southern Germany. *J. Vet. Med. B. Infect. Dis. Vet. Public Health* 2001, 48, 151-159.
112. Wielinga P. R., de Vries A., van der Goot T. H., Mank T., Mars M. H., Kortbeek L. M., van der Giessen J. W.: Molecular epidemiology of Cryptosporidium in humans and cattle in The Netherlands. *Int. J. Parasitol.* 2008, 38, 809-817.
113. Xiao L.: Molecular epidemiology of cryptosporidiosis: an update. *Exp. Parasitol.* 2010, 124, 80-89.
114. Ye J., Xiao L., Wang Y., Wang L., Amer S., Roellig D. M., Guo Y., Feng Y.: Periparturient transmission of Cryptosporidium xiaoi from ewes to lambs. *Vet. Parasitol.* 2013, 197, 627-633.
115. Yu J. R., Seo M.: Infection status of pigs with Cryptosporidium parvum. *Korean J. Parasitol.* 2004, 42, 45-47.
116. Zhao G. H., Du S. Z., Wang H. B., Hu X. F., Deng M. J., Yu S. K., Zhang L. X., Zhu X. Q.: First report of zoonotic Cryptosporidium spp., Giardia intestinalis and Enterocytozoon bienewsi in golden takins (Budorcas taxicolor bedfordi). *Infect. Genet. Evol.* 2015, 394-401.
117. Zhou L., Kassa H., Tischler M. L., Xiao L.: Host-adapted Cryptosporidium spp. in Canada geese (Branta canadensis). *Appl. Environ. Microbiol.* 2004, 70, 4211-4215.
118. Zylan K., Bailey T., Smith H. V., Silvanose C., Kinne J., Schuster R. K., Hyland K.: An outbreak of cryptosporidiosis in a collection of Stone curlews (Burhinus oedicnemus) in Dubai. *Avian Pathol.* 2008, 37, 521-526.

Adres autora: mgr Agnieszka Kaupke, Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy;
e-mail: agnieszka.kaupke@piwet.pulawy.pl