

Záverečná karta projektu

Názov projektu Evidenčné číslo projektu **APVV-16-0411****Faktory vedúce k druhovej rozmanitosti ektoparazitov**Zodpovedný riešiteľ **doc. Mgr. Martin Hromada, PhD.**Príjemca **Prešovská univerzita v Prešove - Fakulta humanitných a prírodných vied**

Názov pracoviska, na ktorom bol projekt riešený

1. Prešovská univerzita v Prešove, Fakulta humanitných a prírodných vied, Katedra ekológie
2. Univerzita Komenského Bratislava, Slovensko. Fakulta prírodných vied. Katedra biológie

Názov a štát zahraničného pracoviska, ktoré spolupracovalo pri riešení

Adam Mickiewicz University, Institute of Biology, Department of Animal Morphology, Poznań, Poľsko (Dr. Bożena Sikora)

Udelené patenty/podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory, ktoré sú výsledkami projektu

-

Najvýznamnejšie publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu – uveďte aj publikácie prijaté do tlače

1. Marciniak-Musial, N., Hromada, M., Sikora, B. 2021 Taxonomic Diversity of the Quill Mites of the Family Syringophilidae (Acariformes: Prostigmata) Associated With Old World Parrots (Psittaciformes: Psittaculidae). *Journal of Medical Entomology*, 10.1093/jme/tjab144. WOS Q1, IF=2.278
2. Kaszewska-Gilas, K., Kosicki, J.Z., Hromada, M., Skoracki, M. 2021 Global Studies of the Host-Parasite Relationships between Ectoparasitic Mites of the Family Syringophilidae and Birds of the Order Columbiformes. *Animals* 11(12): 3392. WOS Q1, IF=2.752
3. Skoracki, M., Kosicki, J.Z., Sikora, B., Topfer, T., Husek, J., Unsoeld, M., Hromada, M. 2021 The Occurrence of Quill Mites (Arachnida: Acariformes: Syringophilidae) on Bee-Eaters (Aves: Coraciiformes: Meropidae: Merops) of Two Sister Clades. *Animals* 11(12): 3500. WOS Q1, IF=2.752
4. Skoracki, M., Sikora, B., Hromada, M. 2019 First Record of Quill Mites (Acariformes: Syringophilidae: Picobiinae) Living in the Quill Walls of Parrots. *Journal of medical entomology* 56(6): 1610–1613. WOS Q1, IF=1,925
5. Skoracki, M., Hromada, M., Zmudzinski, M., Unsoeld, M., Sikora, B. 2018 Parasitic Quill Mites of the Family Syringophilidae (Acariformes: Prostigmata) Associated With Sub-Saharan Sunbirds (Passeriformes: Nectariniidae): Species Composition and Host-Parasite Relationships. *Journal of medical entomology* 55(6), 1464-1477. WOS Q1 IF=1,907, 1 WOS citácia (bez autocitácií vš. koautorov)
6. Oboňa, J. Sychra, O., Greš, S., Heřman, P., Manko, P., Roháček, J., Šestáková, A., Šlapák, J., Hromada, M. 2019 A revised annotated checklist of louse flies (Diptera,

Hippoboscidae) from Slovakia. ZooKeys,862,129. WOS Q3 IF=1,137, 12 WOS citácií (bez autocitácií vš. koautorov)

7. Tryjanowski, P., Kosicki, J.Z., Hromada, M., M. 2020 The emergence of tolerance of human disturbance in Neotropical birds. Journal of Tropical Ecology, 36,1,1-5. WOS Q4 IF=1,163, 4 WOS citácie (bez autocitácií vš. koautorov)

8. Skoracki, M., Sikora B., Hromada, M. 2017. Castosyringophilus meropis sp. n. (Acariformes: Syringophilidae) - A new quill mite species parasitising the world population of Merops apiaster Linnaeus (Coraciiformes: Meropidae). Folia Parasitologica 64:024, WOS Q3, IF=2,122, 3 WOS citácie (bez autocitácií vš. koautorov)

Uplatnenie výsledkov projektu

Výstupy projektu v kvartile 1. podľa WOS budú využité pri garantovaní predmetov a študijného programu ekológie na FHPV Prešovskej univerzity v Prešove. Akreditácia študijného programu sa predkladá v týchto dňoch.

Napríklad, práce Kaszewska-Gilas et al. 2021 a Skoracki et al. 2018 možno využiť pri garantovaní predmetu Všeobecná ekológia, učeného zodp. riešiteľom, keďže obsahujú veľmi názorné grafické príklady interakcií parazit-hostiteľ.

Prácu Skoracki et al. 2021 pri garantovaní predmetu Zoogeografia, keďže rieši kofylogénu komplexu parazit-hostiteľ zo zoogeografického hľadiska.

Prácu Skoracki et al. 2021 pri garantovaní predmetu Evolučná ekológia, keďže popisuje extrémnu adaptáciu parazita na život vo veľmi špecifickej nische - v stene brka papagájov, kde si hľbi tunely (už adaptácia na vnútro brka pera, ktorá vznikla podľa všetkého už u operených dinosaurov, je pekným učebným príkladom)

Ďalšie práce opublikované v rámci projektu si iste nájdu uplatnenie pri garantovaní predmetu Ekológia parazitov, atď.

Okrem toho predpokladáme, že mimo našich vlastných výskumov nájdu všeobecnejšie uplatnenie vo vede najmä tie naše výstupy, ktoré nazerajú na interakcie parazit-hostiteľ z pohľadu sietí (bipartite analysis) (Kaszewska-Gilas et al. 2021, Skoracki et al. 2018, 2019, Kaszewska et al. 2019 a ďalšie). U mnohých parazitov nie je (a zo zrejmých dôvodov ani nebude) známy celý súbor potenciálnych hostiteľov, čo samozrejme vedie k skresleniu odhadov transmisie. Bipartite siete sa používajú v ekológii spoločenstiev na analýzu interakcií naprieč trofickými úrovňami. Je možno analyzovať sieťové metriky na zistenie rozdielov medzi pozorovanými a predikovanými trofickými sieťami a na výskum prepojení medzi hostiteľmi a nimi zdieľanými parazitmi; analýzu špecifickosti na úrovni celých sietí atď. Keďže špecifickosť na rôznych regionálnych úrovniach má úzky vzťah ku druhej rozmanitosti a beta diverzite, vidíme (a nielen my, vid' Runghen et al. 2021, Poulin 2010) veľký potenciál tohto prístupu nielen v parazitológii, ale aj ekológii a epidemiológii. S rastúcimi možnosťami kvantitatívnej analýzy ekologických parazitárnych sietí a ich podobnosti/odlišnosti teda bude rásť zaujímavosť výsledkov pre vedecké publikum aj mimo odboru parazitológie. Navyše, v stále rastúcom počte prác o bipartite sieťach, práve parazity sú publikačne najmenej zastúpené (prevažujú mutualistické siete, polinátory a pod.). Ak zoberieme do úvahy, že parazity tvoria veľkú časť celkovej biodiverzity Zeme, parazitizmus pravdepodobne predstavuje najbežnejší spôsob života existujúcich druhov a tri štvrtiny všetkých interakcií v prírode zahŕňa parazity, parazity sú dôležitou súčasťou fungovania ekosystémov a kľúčové mechanizmy na pozadí týchto procesov sú stále málo pochopené. Ďalšou otázkou, ktorá vyvstáva z našich doterajších zistení, sú rozdiely v sieťach interakcií na rôznych úrovniach. Majú siete hostiteľ-parazit na lokálnej úrovni rovnaké/podobné parametre, ako siete na nadregionálnej úrovni? Rastúca globálna databáza našich vzoriek a záznamov o pároch hostiteľ-parazit hádam už v blízkej budúcnosti bude môcť poskytnúť odpovede aj na takéto zložité otázky. Má to veľký význam aj pri snahe odhadnúť celkový počet parazitov na Zemi.

Napokon, náš výskum v rámci projektu významne prispel k rozšíreniu poznatkov o globálnej diverzite brkových roztočov, keďže 38 nových druhov popísaných v rámci projektu tvorí 9,4% zo všetkých v súčasnosti známych syringofilidov.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v slovenskom jazyku (max. 20 riadkov)

Výsledky získané v rámci projektu, zdá sa, naznačujú, že syringofilidy sú veľmi starou líniou, ktorá sa možno vyvinula skoro po vzniku perových štruktúr s dutinou (calamus v brku

prítomný v páperí aj obrysovom perí), už kdesi pred 180 miliónmi rokov (Skoracki et al. 2019). Najstaršou hosťiteľskou líniou, ktorá je parazitovaná brkovými roztočmi sú tinamy a potom Galloanseres, ktoré sa tiež oddelili od zvyšku Neoaves pred C-Pg hranicou (veľkým vymieraním) (Skoracki et al. 2020). Viac, ako makroekologické faktory prostredia podľa všetkého rozmanitosť syringofilidov ovplyvňuje fylogéniza hosťiteľov (Skoracki et al. 2021, Kaszewska-Gilas et al. 2021, Skoracki et al. 2018, 2019, Kaszewska et al. 2019 atď). Brkové roztoče, zdá sa, sú vďaka svojmu spôsobu života a ekológii špecifickejšie (Kaszewska-Gilas et al. 2021), ako iné ektoparazity vtákov (napríklad hippoboscidy (ktoré sme v rámci projektu tiež začali v menšej miere skúmať ako porovnávaciu skupinu), kliešte, švoly, u ktorých je transmisia jednoduchšia) .

Projekt mal:

i) Poskytnúť charakteristiku druhovej rozmanitosti (species richness) brkových roztočov s využitím hlavných makroekologických korelátov a štúdium ko-diverzifikácie parazit-hosťiteľ. Popísali sme jeden nový rod roztoča a 38 druhov nových pre vedu (1/10 doposiaľ známych druhov!). Väčšina našich výskumov prináša nové poznatky pre danú krajinu a región, väčšina hosťiteľov ešte nebola z pohľadu ektoparazitických roztočov skúmaná. Ako najdôležitejší faktor kontrolujúci ich rozmanitosť sa ukázala diverzita a fylogéniza hosťiteľov. ii) Testovať nové, univerzálne faktory, ktoré môžu potenciálne ovplyvňovať druhovú rozmanitosť vtáčích ektoparazitov, brkových roztočov

Ako pravdepodobne najvýznamnejší faktor, ovplyvňujúci druhovú rozmanitosť brkových roztočov, sa ukázala ich mimoriadne vysoká špecifickosť (na úrovni rodu a línií podobnej úrovne). Dôvodom takejto vysokej špecificity, dokonca aj na úrovni celej siete parazit-hosťiteľ, je podľa nás ekológia skúmanej skupiny, keďže sú prakticky výlučne viazané na vnútro brka, ktoré opúšťajú len pri disperzii. Možno teda predpokladať, že najvýznamnejším faktorom určujúcim rozmanitosť brkových roztočov bude rozmanitosť ich hosťiteľov (Eichlerovo pravidlo); keďže vtákov je na zemi viac ako 10 000 druhov, odhadujeme rozmanitosť brkových roztočov na až na 5 000 (známych je zatiaľ cca 400).

iii) Otestovať prítomnosť a možný dopad cytoplazmatických endosymbiontov/parazitov na ekológiu a druhovú bohatosť brkových roztočov (prístup zhora nadol)

Potvrdili sme prítomnosť baktérie geneticky blízkej Wolbachii superskupiny K, čo je už štvrtá superskupina u brkových roztočov! Sú známe iba dve iné skupiny, ktoré sú parazitované štyrmi superskupinami Wolbachie: termity a filaridné nematódy (tieto sú navyše lepšie preskúmané). Maternálne dedené baktérie sú považované za dôležitých "manipulátorov" životnej histórie článkonožcov. Je teda pravdepodobné, že Wolbachia ovplyvňuje aj ekológiu, evolúciu a správanie brkových roztočov. Cytoplazmatické endosymbionty teda môžu byť významným faktorom určujúcim rozmanitosť brkových roztočov a ektoparazitov vo všeobecnosti.

Možno teda povedať, že ciele projektu sme naplnili viac než dostatočne. Zmienili by sme sa ešte, že nové molekulárne prístupy pri širokospektrálnom, necielenom výskume mikrobiómu hosťiteľov a ich ektoparazitov (viď ZS), ktoré sme zavádzali počas projektu, ďaleko presiahli jeho zámery aj personálne možnosti, ponúkajú však veľmi sľubný základ pre možné ďalšie projekty.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v anglickom jazyku (max. 20 riadkov)

The results of the project seem to support a hypothesis that syringophilides are a very old lineage that may have evolved soon after the formation of feather structures with a cavity (calamus in the quill, pennaceous and plumulaceous feathers) some 180 million years ago (Skoracki et al. 2019). The oldest host clade parasitized by quill mites are tinamous and then Galloanseres, which also separated from the rest of the Neoaves before the C-Pg transition (mass extinction) (Skoracki et al. 2020). It seems that more than environmental macroecology factors, the diversity and species richness of syringophilides is driven by host phylogeny (Skoracki et al. 2021, Kaszewska-Gilas et al. 2021, Skoracki et al. 2018, 2019, Kaszewska et al. 2019 etc.). Due to the quill mite way of life and ecology, they appear to be more specific (Kaszewska-Gilas et al. 2021) than other avian ectoparasites (such as hippoboscids (which we begin to deal with as a comparative group), ticks, and chewing lice that do have easier transmission).

Project aims were:

i) To provide a characterization of quill mite species richness using main macroecological

correlates and study parasite-host co-diversification

We have described one new mite genus and 38 (1/10 of known) quill mite species new for science. Most of our studies brought records new for a given country and/or region, the majority of hosts were not investigated yet. As the most important macroecological factors, we have found host diversity and host phylogeny.

ii) To test new, universal factors, potentially affecting species richness of bird ectoparasites, quill mites

Probably the most important driver of quill mite diversity seems to be their strikingly high host specificity (on the generic and/or phylogenetic lineage level). We expect that the reason behind such high specificity (also on the level of the whole parasite-host network) is the ecology of the group. They are practically totally bound to the calamus of the quill, which they leave only during dispersion. It is therefore obvious to expect that the most important factor driving the richness of quill mites is their hosts' richness (Eichler rule). As there are more than 10 000 extant avian species living on Earth, we expect that the diversity of quill mites reaches as much as 5 000 species (ca 400 are described today)

iii) To investigate cytoplasmatic endosymbionts and their possible effect on ecology and species richness of quill mites (top-down approach)

We have confirmed the presence of bacterium genetically close to *Wolbachia* supergroup K; the fourth supergroup infesting quill mites. There do exist only two other taxa parasitized by four *Wolbachia* supergroups: termites and filariid nematodes (which are, moreover, better investigated). Maternally inherited bacteria are considered to be important "manipulators" of arthropod life-history. Therefore, it is possible that *Wolbachia* affects also the ecology, evolution, and behaviour of quill mites. Thus, cytoplasmatic endosymbionts can be an important factor driving the richness of quill mites and ectoparasites in general.

Thus, it is possible to say that we fulfilled the aims of the project very well. We also would like to stress that new molecular approaches which we have introduced and tested during the project for broad unfocused investigation of microbiome of ectoparasites and their hosts (see Final project Report, ZS), far exceeded the project aims and also personal possibilities, however, their offer an extremely promising basis for possible new projects.