



Záverečná karta projektu

Názov projektu

Evidenčné číslo projektu

APVV-19-0076

Diverzita a evolúcia vybraných skupín prvokov a živočíchov

Zodpovedný riešiteľ **doc. RNDr. Peter Vďačný, PhD.**

Príjemca **Univerzita Komenského v Bratislave - Prírodovedecká fakulta**

Názov pracoviska, na ktorom bol projekt riešený

Univerzity Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra zoológie

Názov a štát zahraničného pracoviska, ktoré spolupracovalo pri riešení

Projekt nemal zahraničného spoluriešiteľa.

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

Žiadne patenty, vynálezy alebo úžitkové vzory, ktoré by boli výsledkami projektu, neboli udelené.

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

1. Rataj M., Vďačný P. 2021. Cryptic host-driven speciation of mobilid ciliates epibiotic on freshwater planarians. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 161: e107174. doi: 10.1016/j.ympev.2021.107174
2. Pecina L., Vďačný P. 2022. DNA barcoding and coalescent-based delimitation of endosymbiotic clevelandellid ciliates (Ciliophora: Clevelandellida): a shift to molecular taxonomy in the inventory of ciliate diversity in panesthiine cockroaches. *Zoological Journal of the Linnean Society* 194: 1072–1102. doi: 10.1093/zoolinnean/zlab063
3. Dufresnes C., Poyarkov N.A., Jablonski D. 2023. Acknowledging more biodiversity without more species. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 120: e2302424120. doi: 10.1073/pnas.2302424120
4. Janko K., Mikulíček P., Hobza R., Schlupp I. 2023. Sperm-dependent asexual species and their role in ecology and evolution. *Ecology and Evolution* 13: e10522. doi: 10.1002/ece3.10522
5. Zhang T., Vďačný P. 2024. Deciphering phylogenetic relationships of and delimiting species boundaries within the controversial ciliate genus *Conchophthirus* using an integrative morpho-evo approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 190: 107931. doi: 10.1016/j.ympev.2023.1079

Uplatnenie výsledkov projektu

Projekt významnou mierou prispel k poznaniu biodiverzity, vyriešil taxonomické problémy viacerých zložitých druhových komplexov prvokov ako aj živočíchov a vygeneroval množstvo sekvenačných dát vrátane celogenómových. Nové sekvencie boli deponované v

medzinárodných bioinformatických databázach, a sú tak voľne prístupné a použiteľné na ďalšie porovnania a fylogenetické metaanalýzy.

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

Pomocou moderných morfológických a molekulárnych metód sme objavili a detailne charakterizovali 26 nových druhov prvokov a 27 nových druhov živočíchov vrátane 4 nových druhov/poddruhov plazov. Ustanovili sme aj dva nové rody nálevníkov a jeden nový rod brušnobrvcov. Integračným morfo-molekulárnym prístupom sme zrevidovali 30 druhov/druhových komplexov nedostatočne známych prvokov a živočíchov. Zistili sme, že vo fenotypovom priestore vykazujú druhy prvokov rovnaký vzor ako výlučne pohlavne alebo nepohlavne sa rozmnožujúce živočichy, aj napriek tomu, že majú zmiešaný spôsob rozmnožovania. Naše multigénové analýzy v kombinácii s mnohorozmernými morfometrickými analýzami naznačili, že jadrový rRNA cistron môže slúžiť ako vhodný pre-barkód a mitochondriálne gény (16S, COI) ako následný barkód. Molekulárna identifikácia druhov sa v mnohých prípadoch javí byť vhodnejšia a praktickejšia než morfológická identifikácia kvôli vysokej morfologickej krypticitě. Predisktovali sme aj význam genomiky a integratívneho prístupu v taxonómii živočíchov spoločne s návrhom pracovného postupu ako taxonomicky pristupovať k novo zisteným evolučným líniam. Viaceré naše štúdie môžu mať vplyv aj na lokálnu ochranu obojživelníkov a plazov vrátane Balkánskych endemitov.

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

Using modern morphological and molecular methods, we discovered and characterized in detail 26 new species of protists and 27 new species of animals including 4 new species/subspecies of reptiles. We established two new genera of ciliates and one new genus of gastrotrichs as well. With the aid of an integrated morpho-molecular approach, we revised 30 species/species complexes of insufficiently known protists and animals. We found out that protist species exhibit the same pattern in the phenotypic space, as exclusively sexually or asexually reproducing animals, even though protists have a mixed mode of reproduction. Our multigene analyses in combination with multidimensional morphometric analyses suggested that the nuclear rRNA cistron can serve as a suitable pre-barcode, while mitochondrial genes (16S, COI) as a barcode. Molecular identification of species is in many cases more appropriate and practical than morphological identification due to high morphological crypticity. We also discussed the significance of genomics and integrative approach in the taxonomy of animals along with the workflow of how to taxonomically treat newly discovered evolutionary lineages. Several of our studies could have an impact on the local protection of amphibians and reptiles, including Balkan endemics.