

Formulár ZK - Záverečná karta projektu

Riešiteľ: RNDr. Marta Špakulová, DrSc.	Evidenčné číslo projektu: APVV-51-062205
Názov projektu: Historická a ekologická biogeografia <i>Fascioloides magna</i> a iných invázných druhov parazitov voľne žijúcich zvierat v Európe	

Na ktorých pracoviskách bol projekt riešený:	Parazitologický ústav SAV, Košice, SR
Ktoré zahraničné pracoviská spolupracovali pri riešení (názov, štát):	University of North Dakota, Grand Forks, ND 58202-9019, USA
	SCWDS, University of Georgia, Athens, Georgia 30602, USA
	Přírodovědecká fakulta, Karlova univerzita Praha, PaU AVČR České Budějovice, ČR
	Queens University of Belfast, Medical Biology Center, Belfast, North Ireland, GB

Udelené patenty alebo podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory vychádzajúce z výsledkov projektu:	Vysokoškolská učebnica: ŠPAKULOVÁ, Marta. Parazitozoonózy vyvolávané trematódami a cestódami: dicrocelióza, fasciolóza. In Dubinský et al.: Bakteriálne, vírusové, parazitárne a mykotické zoonózy. 2009 (prijaté do tlače).
Publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu (uveďte i publikácie prijaté do tlače): Uvádzajte maximálne päť najvýznamnejších publikácií.	KRÁĽOVÁ-HROMADOVÁ, Ivica – ŠPAKULOVÁ, Marta – HORÁČKOVÁ, Eva - TURČEKOVÁ, Ľudmila – NOVOBILSKÝ, Adam - BECK, Relja – KOUDELA, Břetislav – MARINCULIČ, Albert - RAJSKÝ, Dušan – PYBUS, Margo. Sequence analysis of ribosomal and mitochondrial genes of the giant liver fluke <i>Fascioloides magna</i> (Trematoda: Fasciolidae): intraspecific variation and differentiation from <i>Fasciola hepatica</i> . In <i>Journal of Parasitology</i> . 2008, vol. 94, no. 1, p. 58-67.
	BAZSALOVICSOVÁ, Eva - KRÁĽOVÁ-HROMADOVÁ, Ivica - ŠPAKULOVÁ, Marta - TURČEKOVÁ, Ľudmila – BECK, R. Molecular analysis of <i>Fascioloides magna</i> (Trematoda: Fasciolidae) infrapopulations based on variable COX1 and NAD1 regions. In <i>Program & Abstract Book, 10th European Multicollloquium of Parasitology</i> , Paris 2008, p. 131.
	OROS, M. - HANZELOVÁ, V. – SCHOLZ, T. – MACKIEWICZ, S. Phylogenetic relationships of the monozoic tapeworms (Eucestoda: Caryophyllidea) inferred from morphological characters. <i>Systematic Parasitology</i> 2008, vol. 70, no. 1, p. 1-14.
	KRÁĽOVÁ-HROMADOVÁ, Ivica – ŠTEFKA, Jan – ŠPAKULOVÁ, Marta – BOMBAROVÁ, Marta – HANZELOVÁ, Vladimíra – BAZSALOVICSOVÁ, Eva. Parallel occurrence of ITS paralogues and triploidy: a case of <i>Atractylotcestus huronensis</i> (Cestoda: Caryophyllidea), a parasite of common carp. In <i>International Journal for Parasitology</i> . 2009, accepted in press.
	OROS, M. - HANZELOVÁ, V. – SCHOLZ, T. Tapeworm <i>Khawia sinensis</i> : review of the introduction and subsequent decline of a pathogen of carp, <i>Cyprinus carpio</i> . In <i>Veterinary Parasitology</i> . 2009, DOI 10.1016/j.vetpar.2009.05.010.
V čom vidíte uplatnenie výsledkov projektu:	Naštartovanie širokej medzinárodnej spolupráce s perspektívou EU projektu, oživenie výskumu parazitov raticovej zveri vrátane <i>F. magna</i> vo svete (Taliansko, USA, ČR), zapojenie sa do výskumu cudzorodých expandujúcich živočíchov, získanie nadväzujúcich projektov APVV- LPP a VEGA, možnosť dobrej propagácie výskumu v masmédiách.

Charakteristika výsledkov

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - slovensky:

Ťažiskom projektu bol výskum historickej biogeografie a mikroevolúcie závažného pečeneového parazita raticovej zveri *Fascioloides magna*, v minulosti introdukovaného do Európy z USA a v súčasnosti sa šíriaceho na území viacerých štátov v povodí Dunaja. Na základe molekulárno-genetického štúdia európskych a amerických populácií parazita sa zistilo, že súčasné izolované ohniská výskytu cicavice obrovskej v Európe nemajú spoločný pôvod a tento parazit bol z USA introdukovaný s jeleňou zverou opakovane. Porovnaním variabilných úsekov dvoch originálne osekvenovaných mitochondriálnych génov *cox1* a *nad1* sa dokázalo, že najnovšie dunajské ohnisko výskytu *F. magna* vzniklo na základe jedinej introdukcie infikovanej zveri približne v roku 1980. Súčasný poznatky o procesoch šírenia parazita nenaznačujú ohrozenie zveri v podhorských a horských biotopoch Karpát, avšak predpoklad šírenia *F. magna* v nových biotopoch dolného i horného toku Dunaja a jeho prítokov je veľmi realistický. Molekulárna analýza jadrových ribozomálnych génov umožnila skonštruovať druhovo špecifické primery a vyvinúť molekulárny test na spoľahlivú diferenciáciu vajčiek a lariev *F. magna* od ťažko odlíšiteľných vývinových štádií európskej pečeneovej motolice prežúvavcov *Fasciola hepatica*, patogénnej aj pre ľudí. Originálne sa zistila štruktúra chromozómov *F. magna*. Porovnanie karyotypov *F. magna* a *F. hepatica* poukázalo na fylogenetickú pôvodnosť introdukovaného druhu. Dlhý dvojramenný chromozóm *F. hepatica* ($2n = 20$), vznikol pravdepodobne centrickou fúziou dvoch krátkych jednoramenných chromozómov *F. magna* ($2n = 22$). Metódou fluorescenčnej *in situ* hybridizácie bol vizualizovaný jeden lokus pre ribozomálne gény na predposlednom, 10. páre homologických chromozómov. Prístupy molekulárnej cytogenetiky boli prvýkrát aplikované u helmintov a umožnia preštudovať procesy evolúcie ich karyotypu.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - anglicky:

The project is focused on research of the historical biogeography and microevolution of an important liver parasite of deer game *Fascioloides magna*. The parasite originates from USA and after its introduction to Europe, it spread throughout several countries. Nowadays, it is expanding in the area of the Danube flood forests. Molecular-genetic study of the European and American *F. magna* populations revealed that separated European foci of giant liver fluke did not have a common source and that this parasite had to be introduced to Europe more than once. A comparison of sequence variation of selected regions of two mitochondrial genes *cox1* and *nad1* confirmed that the newest Danubian *F. magna* focus originated from a single introduction of infected deer game taking place about the year 1980. Recent data on a spreading progression of *F. magna* do not indicate any threat to game in mountain and sub-mountain Carpathian environs, however, a presumption of a *F. magna* spread to new biotopes of the lower and upper reaches of the Danube River and its tributaries is very realistic. The molecular analysis of ribosomal genes resulted in a design of species-specific primers and the molecular test which reliably differentiates *F. magna* eggs and larval stages from those of relative liver fluke *Fasciola hepatica*, a parasite of ruminants and man. Further, *F. magna* chromosomes ($2n = 22$) were originally described and compared with the karyotype of *F. hepatica* ($2n = 20$). It is likely that the longest metacentric chromosome pair of phylogenetically younger *F. hepatica* might arose from two telocentric chromosome pairs of ancestral *F. magna*. Using a method of *fluorescent in situ* hybridization, a locus for ribosomal genes was visualized being located at homological chromosomes of the pair No 10. Molecular cytogenetics was applied in helminth representatives for the first time and it can facilitate future studies of karyotype evolution within the helminth taxa.

Podpisom záverečnej karty riešiteľ vyjadruje svoj súhlas so zverejnením údajov v nej uvedených.

Podpis zodp. riešiteľa:

Dátum: ...28.5.2009.....

Podpis štatutárneho zástupcu:

Pečiatka: