



Záverečná karta projektu

Názov projektu

Evidenčné číslo projektu

LPP-0126-07

Karyosystematika motolíc čeľade Fasciolidae, závažných pečenevých parazitov ľudí a prežúvavcov.

Zodpovedný riešiteľ **RNDr. Marta Špakulová, DrSc.**

Príjemca **Parazitologický ústav SAV**

Názov pracoviska, na ktorom bol projekt riešený

1. Parazitologický ústav SAV
- 2.
- 3.
- 4.
- 5.

Názov a štát zahraničného pracoviska, ktoré spolupracovalo pri riešení

1. Parazitologický ústav, Biologické centrum AV ČR, České Budějovice, ČR,
2. Entomologický ústav, Biologické centrum AV ČR, České Budějovice, ČR,
3. Natural History Museum, London, UK

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

- 1.
- 2.
- 3.

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

1. Reblánová M, Špakulová M, Orosová M, Králová-Hromadová I, Bazsalovicsová E, Rajský D (2011) A comparative study of karyotypes and chromosomal location of rDNA genes in important liver flukes *Fasciola hepatica* and *Fascioloides magna* (Trematoda: Fasciolidae). *Parasitology Research*, 109 (4): 1021-1028 (1,812 – IF2010)
2. Košková E, Špakulová M, Koubková B, Reblánová M, Orosová M (2010) Comparative karyological analysis of four diplozoid species (Monogenea, Diplozoidae), gill parasites of cyprinid fishes. *Parasitology Research*, 108: 935-941 (1,721 - IF2009)
3. Reblánová M, Špakulová M, Orosová M, Bazsalovicsová E, Rajský D (2010) A description of karyotype of the giant liver fluke *Fascioloides magna* (Trematoda, Platyhelminthes) and

review of Fasciolidae cytogenetics. *Helminthologia*, 47:69-75 (0,951 – IF2009)

4. Bazsalovicsová E, Králová-Hromadová I, Špakulová M, Reblánová M, Oberhauserová K (2010) Determination of ribosomal internal transcribed spacer 2 (ITS2) interspecific markers in *Fasciola hepatica*, *Fascioloides magna*, *Dicrocoelium dendriticum* and *Paramphistomum cervi* (Trematoda), parasites of wild and domestic ruminants. In *Helminthologia*, 47:76-82 (0,951 – IF2009)

5. Oberhauserová K, Bazsalovicsová E, Králová-Hromadová I, Major P, Reblánová M (2010) Molecular discrimination of eggs of cervid trematodes using the Teflon (PTFE) technique for eggshell disruption. *Helminthologia*, 47, 3:147-151 (0,951 – IF2009)

Uplatnenie výsledkov projektu

Doktorandka RNDr. Marianna Reblánová vypracovala dizertačnú prácu s názvom „Karyosystematika motolíc čeľadí Fasciolidae a Echinostomatidae (Trematoda), fylogeneticky blízkych parazitov ľudí, prežúvavcov a vtákov“ ktorá bola odovzdaná na Prírodovedeckú fakultu UK v Bratislave dňa 28.05.2012. Termín jej obhajoby je stanovený na 30.06.2012, traja oponenti už zaslali kladné posudky a je reálna šanca, že práca bude úspešne obhájená.

CHARAKTERISTIKA VÝSLEDKOV

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

Boli opísané karyotypy 8 motolíc (Trematoda) príbuzných čeľadí Fasciolidae a Echinostomatidae a u všetkých druhov bola zistená chromozomálna lokalizácia ribozomálnych génov (NOR). Karyotypy *Fasciola hepatica* ($2n=20$) a *Fascioloides magna* ($2n=22$) sa odlišovali v diploidnom počte, zastúpení jednoramenných a dvojramenných chromozómov a v morfológii prvého páru, ktorý bol dlhý a dvojramenný u *F. hepatica* a kratší a jednoramenný u *F. magna*. Karyotyp *F. magna* preto môže byť považovaný za ancestrálny. Odlišné bolo aj uloženie NOR na 5. páre u *F. hepatica* a 10. páre u *F. magna*, čo je v súlade so zaradením motolíc do rôznych rodov. Druhy rodu *Echinostoma* (*E. revolutum*, *E. myigawai*, *Echinostoma* sp. „*spiniferum*“) boli charakterizované súborom 22 chromozómov, jednoramenným párom č. 1 a lokusom rDNA uloženým na 3. páre. Ďalšie tri druhy echinostóm mali $2n=20$ a pár č. 1 dlhý a dvojramenný a NOR rôzneho počtu a lokalizácie: *Isthmiophora melis* (NOR na 7. páre), *Hypoderaeum conoideum* (NOR na 8. páre) a *Echinoparyphium aconiatum* (dva NOR na 3. a 8. páre). Výsledky výskumu a literárna rešerš o karyotypoch dokladujú blízky vzťah čeľadí Fasciolidae a Echinostomatidae. Ich zástupcovia mali rovnaké počty chromozómov ($2n=14-22$, najčastejšie 20), stredné až veľké chromozómy, prvý pár chromozómov dvojramenný a dlhý u väčšiny druhov (výnimkou boli rody *Fascioloides* a *Echinostoma* s $2n=22$) a jednoramenné páry prevažovali u väčšiny druhov. Uvedená príbuznosť cytogenetických charakteristík je v súlade so súčasnými poznatkami molekulárnej kladistiky o monofyletickom pôvode oboch čeľadí.

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

Karyotypes of 8 flukes (Trematoda) of related families Fasciolidae and Echinostomatidae have been described and ribosomal genes (NOR) were localised on chromosomes of all species. The karyotypes of *Fasciola hepatica* ($2n=20$) and *Fascioloides magna* ($2n=22$) differed in number, rate of one- and two-armed chromosomes, and in morphology of the first pair which was long and two-armed in *F. hepatica* and shorter and one-armed in *F. magna*. The *F. magna* karyotype may be considered ancestral. The location of NOR differed widely being on the pair 5 of *F. hepatica* and 10 of *F. magna* that is in accordance with the classification of the flukes in different genera. Species of the genus *Echinostoma* (*E. revolutum*, *E. myigawai*, *Echinostoma* sp. „*spiniferum*“) were characterised by a set of 22

chromosomes, one-armed pair No. 1, and the NOR on pair 3. Another three echinostomatid species had $2n=20$, long and two-armed pair No. 1, and variable number and location of NORs: *Isthmiophora melis* (NOR on No. 7), *Hypoderaeum conoideum* (NOR on No. 8), and *Echinoparyphium aconiatum* (two NORs on Nos. 3 and 8). The current research and a complete set of cytogenetic literature documented well the close relationship of Fasciolidae and Echinostomatidae, both having equal chromosome numbers ($2n=14-22$, most often 20), medium to long chromosomes, the two-armed and long pair No.1 in majority of species (except the genera *Fascioloides* and *Echinostoma* with $2n=22$), and the predominance of one-armed pairs at nearly all species. This relationship is consistent with results of the current molecular cladistic analyses on monophyletic origin of the two families.

Svojím podpisom potvrdzujem, že údaje uvedené v záverečnej karte sú pravdivé a úplné a súhlasím s ich zverejnením.

Zodpovedný riešiteľ

RNDr. Marta Špakulová, DrSc.

V Košiciach 30.07.2012

Štatutárny zástupca príjemcu

doc. MVDr. Branislav Peťko, DrSc.

V Košiciach 30.07.2012

.....
podpis zodpovedného riešiteľa

.....
podpis štatutárneho zástupcu príjemcu