

Streszczenie rozprawy doktorskiej w języku polskim

Rodzina Strigeidae Railliet, 1919 składa się z gatunków zamykających cykl życiowy głównie w środowisku wodnym. Jako żywicieli pośrednich wykorzystują bezkręgowce wodne takie jak pijawki czy ślimaki, jak i kręgowce (ryby, płazy, ptaki), natomiast żywicielami ostatecznymi są ptaki i ssaki. Wciąż stosunkowo mało jest poznana biologia i filogeneza przedstawicieli tej rodziny.

W tej rozprawie doktorskiej została podjęta próba zrozumienia aspektów biologii i filogenezy układu pasożyt-żywiciel przy pomocy metod molekularnych przedstawicieli rodziny Strigeidae Railliet, 1919. Badania zostały oparte w dużej mierze na molekularnej detekcji i charakterystyce larw tetracotyle występujących w bezkręgowych żywicielach pośrednich (pijawki, ślimaki) oraz postaci dorosłych pozyskanych z ptaków. Zostało zbadane bogactwo gatunkowe, różnorodność molekularna i przedstawione relacje filogenetyczne w obrębie dwóch rodzajów, tj. *Australapatemon* Sudarikov, 1959 i *Cotylurus* Szidat, 1928.

Od kwietnia 2017 października 2022 roku zebrane zostały bezkręgowce - pijawki i słodkowodne ślimaki. Łącznie przebadano 153 pijawki i 1273 słodkowodnych ślimaków. Do najważniejszych wyników tej rozprawy należą: wyizolowane metacerkarie z pijawek reprezentują rodzaje *Australapatemon* i *Cotylurus*, w przypadku *Cotylurus* są to gatunki: *C. strigeoides* i *C. syrius*; podczas analizy filogenetycznej (28S rDNA, COI i ITS2) tetracotyle z pijawek potwierdzono separację kładów *Australapatemon* i *Cotylurus*; po raz pierwszy odnotowano *C. syrius* z żywiciela pośredniego tj. pijawki; wśród populacji larw Strigeidae w ślimakach odkryto dużą różnorodność molekularną w obrębie *Cotylurus*, z wyraźnymi dowodami na kryptyczność gatunków i istnienia kilku odrębnych linii; wykazano polifiletyczny charakter gatunków *C. syrius* i *C. cornutus*; wykazano istnienie dwóch odrębnych filogenetycznych i ekologicznych linii *Cotylurus* różniących strategiami żywymi (jedna wykorzystująca ślimaki, druga pijawki jako żywicieli pośrednich).

W rozprawie poruszono również temat występującego hiperpasożytnictwa wśród metacerkarii tetracotyle z rodzaju *Cotylurus*, które zanotowano u ślimaków słodkowodnych. Metacerkarie pasożytowały wewnątrz larw przywr digenetycznych rozmnażających się bezpłciowo (redie i/lub sporocysty). Został zweryfikowany potencjał tego zjawiska jako strategii życiowej w układzie żywiciel-pasożyt-hiperpasożyt. Fenomen hiperpasożytnictwa metacerkarii na sporocystach/rediach w ślimakach w rodzinie Strigeidae nie jest rzadkością, jednakże niski poziom przypadków w zbadanej populacji ślimaków i brak czytelnych trendów sprzyjających takiej strategii sugerują przypadkowy charakter tego zjawiska.

Podczas badań wykorzystano metody molekularne do klasyfikacji zebranego materiału jak i analiz filogenetycznych. Stworzona baza danych sekwencji częściowo została zdeponowana w bazie GenBank. Potwierdzono użyteczność markerów: 28SrDNA i COI oraz częściowo ITS2 do prowadzonych badań i analiz. Wykazano użyteczność a wręcz niezbędność stosowania metod molekularnych do oznaczania przywr w odniesieniu do metod klasycznej taksonomii posługującej się metodami morfometrycznymi, często bardzo problematycznymi w przypadku larw przywr digenetycznych.

Streszczenie rozprawy doktorskiej w języku angielskim

The family Strigeidae Railliet, 1919 consists of species that complete their three-host life cycle partly in the aquatic environment. They use aquatic invertebrates such as leeches and snails as well as vertebrates (fish, amphibians, birds) as secondary hosts, while birds and mammals are the final hosts. Little is known and understood about the biology, taxonomy, and phylogeny of representatives of this family.

In this doctoral dissertation, an attempt was made to understand aspects of the biology and phylogeny of the parasite-host system using molecular methods for representatives of the Strigeidae family Railliet, 1919. The research was based largely on the molecular characterization of tetracotyle larvae of digenetic flukes occurring in invertebrate intermediate hosts (leeches, snails) and adults obtained from birds. Species richness, molecular diversity, and phylogenetic relationships within two genera were examined, i.e. *Australapatemon* Sudarikov, 1959 and *Cotylurus* Szidat, 1928.

From April 2017 to October 2022, invertebrate individuals were collected - leeches and freshwater snails. A total of 153 leeches and 1273 freshwater snails were examined. The main results of this dissertation include: isolated metacercariae from leeches represented the genera *Australapatemon* and *Cotylurus*, in the case of *Cotylurus* these were the species: *C. strigeoides* and *C. syrius*; during phylogenetic analysis (28S rDNA, COI, and ITS2) of leech tetracotyle, the separation of the *Australapatemon* and *Cotylurus* clades was confirmed; *C. syrius* was recorded for the first time from an intermediate host, i.e. leeches; among the Strigeidae larval populations in freshwater snails, high molecular diversity was found within *Cotylurus*, with clear evidence of cryptic species and the existence of several distinct lineages; the polyphyletic character of the *C. syrius* and *C. cornutus* species was demonstrated; the existence of two separate phylogenetic and ecological lineages of *Cotylurus* with different life strategies (one using snails, the other leeches as intermediate hosts) was demonstrated.

The thesis also discusses the issue of hyperparasitism among tetracotyle metacercariae of the genus *Cotylurus* which has been recorded in freshwater snails. Metacercariae parasitized inside the larvae of digenetic flukes that reproduced asexually (redia and/or sporocysts). The potential of this phenomenon as a life strategy in the host-parasite-hyperparasite system has been verified. The phenomenon of hyperparasitism of metacercariae on sporocysts/redia in snails in the Strigeidae family is not uncommon, however, the low level of cases in the examined snail population and the lack of clear trends favoring such a strategy suggest the random nature of this phenomenon.

During the research, genetic methods were widely used for phylogeny and classification of the collected material. A sequence database has been created and partially deposited in GenBank, which will help in future research on Digenea flukes. The usefulness of markers such as 28SrDNA, COI, and ITS2 in genetic testing has been confirmed. The ease of usefulness of molecular methods for species identification of flukes has also been demonstrated in relation to the methods of classical taxonomy using morphometric methods, which are often very problematic in the case of digenetic fluke larvae.