

## STRESZCZENIE

Znajomość różnorodności gatunkowej pasożytów związanych z poszczególnymi grupami żywicieli ma kluczowe znaczenie w badaniach nad układem pasożyt-żywiciel i ich historii ewolucyjnej. Pasożytnictwo permanentne jest jednym z najbardziej intrygujących rodzajów pasożytnictwa, badania nad tego typu pasożytami mogą pomóc lepiej zrozumieć interakcje i relacje w układach antagonistycznych. Przedmiotem badań w mojej pracy doktorskiej była acarofauna obligatoryjnych oraz wysoce specyficznych ektopasożytniczych roztoczy należących do rodziny Syringophilidae pasożytujących na ptakach z rzędu Columbiformes. Gołębiowe były jedną z najsłabiej przebadanych grup ptaków pod kątem występowania roztoczy dutkowych oraz wzajemnych relacji w układzie pasożyt-żywiciel.

W ramach pracy doktorskiej podjęto następujące cele: 1) zbadanie różnorodności taksonomicznej Syringophilidae z możliwie szerokiego spektrum potencjalnych żywicieli należących do ptaków gołębiowych reprezentujących trzy klady oraz pochodzących ze wszystkich krain zoogeograficznych; 2) zbadanie interakcji w układzie pasożyt-żywiciel m. in. określenie prewalencji, specyficzności żywicielskiej i topicznej roztoczy dutkowych związanych z ptakami gołębiowymi; 3) ustalenie relacji filogenetycznych na poziomie rodzajowym Syringophilidae pasożytujących na ptakach gołębiowych. Prezentowana praca doktorska składa się z części taksonomicznej oraz części poświęconej zagadnieniom specyficzności żywicielskiej, interakcjom w układzie pasożyt-żywiciel oraz powiązań filogenetycznych pomiędzy poszczególnymi rodzajami w obrębie Syringophilidae.

Podczas badań przebadano 112 gatunków ptaków należących do rzędu Columbiformes. Stwierdzono obecność 25 gatunków roztoczy dutkowych pasożytujących na 65 gatunkach ptaków. Opiszono 16 nowych dla wiedzy gatunków dutkowców, będących przedstawicielami następujących rodzajów: *Meitingsunes* (*M. chalcophas*, *M. turacoenas*, *M. lengai*, *M. ptilinopus*), *Peristerophila* (*P. lature*, *P. geopelis*, *P. leucomela*), *Psittaciphilus* (*P. montanus*, *P. patagioenas*) oraz *Gunabopicobia* (*G. claravis*, *G. geotrygoni*, *G. masalaje*, *G. metriopelia*, *G. lathami*, *G. leptotila*, *G. verraruxi*).

Badania taksonomiczne prowadzone były na przedstawicielach wszystkich krain zoogeograficznych, w których występują ptaki gołębiowe. Syringophilidae stwierdzono w nowych regionach zoogeograficznych tj.: Oceania (Papua Nowa Gwinea, Indonezja) oraz kraina Australijska (Australia), poszerzając tym samym wiedzę na temat światowego rozmieszczenia tychże roztoczy na przedstawicielach Columbiformes.

W ramach pracy doktorskiej określono prewalencję dla każdego zainfekowanego gatunku żywicielskiego. Indeks prewalencji oscylował między 4.2%–100%. Otrzymane wyniki pozwoliły na scharakteryzowanie stopnia powiązań pomiędzy poszczególnymi gatunkami pasożytów i ich żywicielami. Na podstawie przeprowadzonej analizy specyficzności żywicielskiej stwierdzono 8 gatunków monoksenicznych, 5 gatunków oligoksenicznych, 8 mesostenoksenicznych, 3 metastenoksenicznych oraz 1 polikseniczny. Ponadto zaobserwowano ko-infestację kilku gatunków roztoczy na 11 gatunkach ptaków gołębiowych. Stwierdzono występowanie następujących wzorców multiinfestacji: Syringophilinae-Syringophilinae (*Syr-Syr*) oraz Syringophilinae-Picobiinae (*Syr-Pic*), w których czynnikiem rozdzielaającym

Pasożyty była zasiedlana nisza. Tylko w jednym przypadku odnotowano zasiedlanie tego samego typu piór, przez dwa odrębne gatunki dutkowców, jednakże nie zaobserwowano w żadnym z przypadków występowania dwóch różnych gatunków w obrębie tej samej dutki.

Kolejnym celem pracy doktorskiej było zbadania interakcji w układzie pasożyt-żywiciel. Przeprowadzono analizę sieci dwudzielnych składających się ze wszystkich dotychczas poznanych gatunków Syringophilidae infestujących ptaki z rzędu Columbiformes. Otrzymana sieć charakteryzowała się następującymi wartościami współczynników: *specjalizacja na poziomie sieciowym*  $H_2=0.93$ , *połączeń*  $C=0.90$ , *zagnieżdżenia*  $N=0.908$  oraz *modularności*  $Q=0.83$ . Architektura sieci – Syringophilidae-Columbiformes, wskazuje iż roztocze dutkowe pasożytujące na ptakach gołębiowych tworzą wysoce specyficzny układ o silnej dominacji gatunków wyspecjalizowanych na rzecz pasożytów o szerszym spektrum żywicielskim. Wykazano także tworzenie w ramach sieci 20 modułów (klastrow), które podzielono na 3 grupy: A) skupiające jeden gatunek pasożyta i związany z nim gatunek żywicielski, B) jeden gatunek pasożyta zasiedlający wiele gatunków żywicielskich, C) dwa lub więcej gatunków Syringophilidae skupionych wokół kilku gatunków żywicielskich. Na podstawie otrzymanych wyników stwierdzono, że roztocze dutkowe tworzą trwałe związki pomiędzy żywicielami z niską tendencją do losowej zmiany żywiciela, na co wskazują słabe interakcje poza zajmowanymi klastrami.

W ramach prac badawczych przeprowadzono analizę filogenetyczną opartą na cechach morfologicznych, która wykazała występowanie dwóch odrębnych kladów w obrębie podrodziny Syringophilinae, tj. *Meitingsunes-Psittaciphilus* oraz *Peristerophila-Terratosyringophilus*.

## ABSTRACT

The knowledge of parasite diversity associated with particular groups of hosts is crucial to the study of the parasite-host system and its evolutionary history. Permanent parasitism is one of the most intriguing types of parasitism. The study of such parasites can help to better understand interactions and relationships in the antagonistic systems. The subject of research in my doctoral dissertation was the acarofauna of obligatory and highly specific ectoparasitic mites belonging to the family Syringophilidae, parasitizing birds of the order Columbiformes. Pigeons have been one of the least studied groups of birds for the presence of quill mites and their parasite-host interactions.

The following objectives were discussed as part of my dissertation: 1) to investigate the taxonomic diversity of Syringophilidae from the broadest possible spectrum in terms of their potential hosts belonging to the Columbiformes that represent three clades and come from all zoogeographic zones, 2) to investigate the interactions in the host-parasite system, i.e., to determine the prevalence, host and topical specificity of quill mites associated with pigeons, 3) to establish phylogenetic relationships on the generic level of Syringophilidae parasitizing pigeon birds. The dissertation consists of a taxonomic section as well as a section on the issues connected to host specificity and parasite-host interactions

During the study, 112 species of birds belonging to the order Columbiformes were examined. The presence of 25 species of quill mites was found parasitizing 65 species of birds. The study describes 16 new species of the Syringophilidae, representing the following genera: *Meitingsunes* (*M. chalcophas*, *M. turacoenas*, *M. lengai*, *M. ptilinopus*), *Peristerophila* (*P. lature*, *P. geopelis*, *P. leucomela*), *Psittaciphilus* (*P. montanus*, *P. patagioenas*) and *Gunabopicobia* (*G. claravis*, *G. geotrygoni*, *G. masalaje*, *G. metriopelia*, *G. lathami*, *G. leptotila*, *G. verraruxi*).

Taxonomic studies were carried out on representatives of all zoogeographic zones in which doves and pigeons are present. Syringophilidae were found in new zoogeographic zones, i.e. Papua New Guinea, Indonesia, and Australia, thus increasing the knowledge of the global distribution of these mites on the Columbiform representatives.

The dissertation determined the prevalence of each infected host species. The index of prevalence oscillated between 4.2 % to 100 %. The obtained results allowed us to characterize the degree of association between the particular species of parasites and their hosts. Based upon the analysis of host specificity, 8 monoxenous species, 5 oligoxenous species, 8 mesostenoxenous species, 3 metastenoxenous, and 1 polixenous were found. In addition, co-infestation phenomena were observed on 11 species of pigeon. The following multi-infestation patterns have been found: Syringophilinae-Syringophilinae (Syr-Syr) and Syringophilinae-Picobiinae (Syr-Pic). The factor separating the parasites was the inhabited niche. Only one case notes the inhabitation of the same feather type by two distinct species of quill mites. However, no case notes the presence of the two species within the same quill.

Another goal of the dissertation was to study host-parasite interactions. An analysis of the bipartite network has taken into account all known species of Syringophiliidae which were associated with the birds from the order Columbiformes. The obtained bipartite network was characterized by the following factors: *specialization on network level* –  $H_2=0.93$ , *connectance* –  $C=0.90$ , *nesting* –  $N=0.908$ , and *modularity* –  $Q=0.83$ . The architecture of the Syringophilidae-Columbiformes network indicates that the quill mites parasitizing doves and pigeons form a highly specific system, with a strong dominance of specialized species in favor of parasites with a broader host spectrum. The network also allowed to indicate 20 modules (clusters) which were then divided into three groups, namely: (A) clustering one parasite species and its associated host species (B) one parasite species inhabiting multiple hosts species, (C) two or more Syringophilidae species clustered around several host species. The results indicate that quill mites form permanent relationships between hosts, with a low tendency to randomly change hosts, as indicated by weak interactions outside the occupied clusters.

As a part of the research, a phylogenetic analysis based on morphological characteristics was carried out and revealed the presence of two distinct clades within the subfamily Syringophilinae: *Meitingsunes-Psittaciphilus* and *Terratosyringophilus-Peristerophila*.