

## Streszczenie w języku polskim

Relacja żywiciel-pasożyt stanowi jeden z fundamentalnych mechanizmów kształtujących strukturę i funkcjonowanie układów biologicznych. Pasożytnictwo, jako forma interakcji antagonistycznej, wpływa nie tylko na kondycję i biologię gospodarza, ale również wywołuje istotne konsekwencje ewolucyjne i ekologiczne po obu stronach tej zależności. W przypadku pasożytów poliksenicznych, takich jak wpleszcze z rodzaju *Ornithomya*, które mogą wykorzystywać wielu gospodarzy należących do różnych grup ekologicznych, szczególnie interesujące jest zrozumienie, jakie czynniki determinują ich obecność u konkretnych gatunków ptaków. Zmienność w częstości pasożytowania może wynikać z różnic w ekologii gospodarzy, obejmujących m.in. preferencje siedliskowe, strategie rozrodu, sposoby żerowania, wzorce migracyjne oraz czynniki klimatyczne.

Rozprawa doktorska dotyczy genetycznych i ekologicznych uwarunkowań pasożytnictwa krajowych wpleszczowatych (Hippoboscidae, Diptera) zwanych także wpleszczami na ptakach w okresie migracji jesiennej. Badania koncentrowały się na analizie zróżnicowania genetycznego w zależności od gatunku żywiciela oraz czynników wpływających na ich występowanie u ptaków zasiedlających różne nisze ekologiczne.

W Rozdziale I przedstawiono opracowane narzędzie molekularne, tj. zestaw markerów mikrosatelitarnych, do analizy struktury populacyjnej wpleszczy. Owady te wciąż pozostają słabo poznaną grupą zwierząt, a tym samym brak jest wystarczającej ilości narzędzi molekularnych, które byłyby pomocne w przypadku badań skupiających się na ekologii molekularnej tych zwierząt. Na początku badań opracowaliśmy zestaw 20 polimorficznych markerów dedykowanych bezpośrednio wpleszczom z rodzaju *Ornithomya* wykorzystując sekwencjonowanie Illumina Mi-seq.

Rozdział II opisuje wykorzystanie tego narzędzia do zbadania, czy genetyczne zróżnicowanie poliksenicznego gatunku wpleszcza *Ornithomya avicularia* odpowiada preferencjom siedliskowym jego gospodarzy. Mimo różnic ekologicznych i filogenetycznych między ptakami, wykazano niski poziom różnicowania genetycznego *O. avicularia*, co wskazuje na silny przepływ genów pomiędzy populacjami pasożytów związanymi z różnymi żywicielami.

Rozdział III analizuje czynniki warunkujące obecność wpleszczy u 157 gatunków ptaków w trakcie jesiennej migracji. Wykazano, że masa ciała żywiciela, średnie opady na 5 terenach lęgowych, rodzaj siedliska, nisza troficzna oraz dystans migracji wpływają na

prewalencję wpleszczy. Dwa najpospolitsze gatunki pasożytów uwzględnione w analizach wykazywały odmienne preferencje żywicielskie - *O. fringillina* częściej występowała u ptaków o małej masie ciała, a rzadziej u dalekich migrantów, natomiast *O. avicularia* u gatunków o wyższej masie ciała, u których dystans migracyjny żywicieli nie wpływał istotnie na obecność tego gatunku.

Praca rzuca nowe światło na interakcje pasożyt-żywiciel, wskazując na złożone zależności ekologiczne i umiarkowaną specjalizację względem gospodarza. Jednocześnie opracowane narzędzie molekularne stanowi istotny wkład w dalsze badania nad molekularną ekologią wpleszczy.

## Streszczenie w języku angielskim

The host-parasite relationship is one of the fundamental mechanisms shaping the structure and functioning of biological systems. Parasitism, as a form of antagonistic interaction, affects not only the condition and biology of the host but also exerts significant evolutionary and ecological consequences for both sides of this association. In the case of polyxenous parasites, such as louse flies of the genus *Ornithomya*, which can exploit multiple hosts belonging to different ecological groups, it is particularly interesting to understand what factors determine their presence on specific bird species. Variation in infestation frequency may result from differences in host ecology, such as habitat preferences, breeding strategies, foraging behaviour, migration, or climatic factors.

The doctoral dissertation focuses on the genetic and ecological determinants of parasitism by native to Poland louse flies (Hippoboscidae, Diptera) on birds during autumn migration. The research focused on analysing the genetic diversity of these parasites in relation to host species and on identifying factors influencing their occurrence in birds occupying different ecological niches.

Chapter I presents the development of a molecular tool, a set of microsatellite markers, for analysing population structure in louse flies. These insects remain a poorly studied group of animals, and there is a lack of sufficient molecular tools that would facilitate studies focusing on their molecular ecology. To fill this gap, we developed a set of 20 polymorphic markers specifically designed for *Ornithomya* louse flies using Illumina MiSeq sequencing. Chapter II describes the use of this tool to investigate whether the genetic differentiation of the polyxenous species *Ornithomya avicularia* reflects the habitat preferences of its hosts. Despite ecological and phylogenetic differences among birds, a low level of genetic structuring was detected in *O. avicularia*, indicating strong gene flow between parasite populations associated with different hosts.

Chapter III analyses the factors determining the presence of louse flies on 157 bird species during autumn migration. The results showed that host body mass, mean precipitation in breeding areas, habitat type, trophic niche, and migration distance influence the prevalence of avian louse flies. The two most common parasite species included in the analyses exhibited different host preferences: *O. fringillina* occurred more frequently on birds with small body mass and less often on long-distance migrants, whereas *O. avicularia* was more common on 7

species with higher body mass, and the migration distance of hosts did not significantly affect the occurrence of this species.

The research sheds new light on host-parasite interactions, revealing complex ecological relationships and moderate host specialization. The molecular tool developed here represents an important contribution to further studies on the molecular ecology of louse flies.