Abstrakt

Rody *Haemoproteus* a *Plasmodium* jsou kosmopolitně rozšířené rody krevních parazitů z kmene Apicomplexa. Oba tyto rody mají dvouhostitelský životní cyklus a jejich definitivním hostitelem jsou zástupci řádu Diptera. Oba se vyskytují u ptáků, ve kterých probíhá asexuální množení. Infekce rody *Haemoproteus* a *Plasmodium* jsou většinou asymptomatické, v ptácích dlouhodobě přetrvává latentní fáze, během které může docházet k relapsům infekce.

Během sezon 2017-2019 bylo v Milovickém lese získáno 1 092 krevních vzorků ze 29 odchycených druhů pěvců. Parazité byli detekováni u 48 % jedinců. Prevalence rodu *Plasmodium* byla 16 %, prevalence rodu *Haemoproteus* 22 % a u 10 % pozitivních vzorků nebylo možné určit linii parazita. Bylo nalezeno šest nových linií rodu *Haemoproteus*, pracovně pojmenovaných *Haemoproteus* sp. linie coccoc_1, coccoc_2, coccoc_3, coccoc_4, embcit, fricoe jejichž celková prevalence byla 14 %. Nejčastější linie *Haemoproteus* sp. coccoc_1 dosáhla prevalence 12 %. Druhým nejčastějším zaznamenaným druhem bylo *Plasmodium relictum* klon Peng14-121Br2AF a izolát Cc_P1, které dosáhlo prevalence 13 %.

Dynamika infekce rodů *Haemoproteus* a *Plasmodium* byla studována u vzorků získaných v letech 2014-2019. Mezisezónně bylo vyšetřeno 40 jedinců, v rámci sezóny bylo vyšetřeno 27 jedinců. Tři jedinci byli odchyceni meziročně i v rámci jedné sezóny. Pěvci si spíše zachovávají svůj infekční status, u 82 % opakovaně vyšetřených jedinců nedošlo ke změně.

Porovnávala jsem efektivitu mikroskopie a molekulární diagnostické metody nested PCR. Porovnání bylo provedeno u 745 vzorků získaných v letech 2017 a 2018. Výsledek obou metod byl shodný u 72 % vyšetřených vzorků. Metoda PCR má vyšší efektivitu při detekci rodů *Haemoproteus* a *Plasmodium*, protože bylo zachyceno o 20 % více infekcí.