

ABSTRAKT

Parazity způsobující ptačí malárii řadíme mezi Haemosporida, která představují monofyletickou skupinu dixenních protist patřících do kmene Apicomplexa. Jejich nepohlavní množení probíhá v obratlovčím mezihostiteli a ke vzniku gamet a sporogonii dochází v krevsajícím dvoukřídlem hmyzu, který je tudíž konečným hostitelem těchto parazitů. U ptáku jako mezihostitelů se setkáváme s následujícími třemi rody těchto parazitů: *Plasmodium*, *Haemoproteus* a *Leucocytozoon*.

V disertační práci jsem se soustředil na Haemosporida volně žijících ptáků a na způsob jejich přenosu hmyzími vektory v přírodních populacích, což byla prozatím opomíjená oblast výzkumu zaměřeného na původce ptačí malárii. Výsledky byly získány jak tradičními metodami (vyšetření infekcí pomocí mikroskopování krevních roztěrů), tak především molekulárně biologickými metodami (detekcí parazitů pomocí nested PCR) založenými na práci s unikátními haplotypy jednotlivých linií haemosporid.

Cílem studie bylo určit okruh možných přenašečů ptačích haemosporid na území České republiky s přihlédnutím ke specifitě ptačích haemosporid v rámci těchto vektorů a popsat diverzitu ptačích haemosporid v populacích jejich ptačích mezihostitelů. K tomu jsme si vybrali čtyři různé druhy ptáků, patřících do čtyř řádů (pěvci – Passeriformes, sovy – Strigiformes, dravci – Accipitriformes a hrabaví – Galliformes).

Jako potenciální přenašeče krevních haemosporid na území České republiky jsme určili tiplíky druhů *Culicoides kibunensis*, *C. segnis* a *C. festivipennis*, komáry komplexu *Culex pipiens* a muchničky druhů *Eusimulium angustipes* a *Nevermannia vernum*. Nalezli jsme u nich celkem 12 linií (unikátních haplotypů) ptačích haemosporid, čtyři linie byly nové. V době vzniku našich prvních publikací se jednalo o jedny z úplně prvních publikací věnujících se komplexně vektorům a přenášeným prvokům (převážně tiplíkům jako přenašečům rodu *Haemoproteus* a muchničkám jako přenašečům rodu *Leucocytozoon*). Na tyto práce s rozvojem zavádění molekulárních metod do studia přenašečů haemosporid navázalo velké množství studií. Prevalence se v populacích ptačích hostitelů pohybovaly od 12 % u koroptví polních (*Perdix perdix*) po 86 % v populaci sýce rousného (*Aegolius funereus*). Detekovali jsme u nich celkem 27 linií (haplotypů) všech tří hlavních rodů ptačích haemosporid (*Plasmodium*, *Haemoproteus* a *Leucocytozoon*), z nichž 8 bylo zcela nových.