

Původci ptačí malárie a ostatní hemosporida hýla rudého (*Carpodacus erythrinus*)

Ve své práci jsem studoval původce ptačí malárie a ostatní parazity ze skupiny Haemosporida u hýla rudého (*Carpodacus erythrinus*) s pomocí molekulárních metod (nested PCR) i tradičních mikroskopických metod (mikroskopování krevních roztěrů). Vzorky byly sbírány na Šumavě v letech 2000 až 2008.

Celková prevalence ptačích hemosporid v populaci hýla rudého dosahovala 61 %. Bylo identifikováno 24 linií parazitů z rodů *Plasmodium*, *Haemoproteus* a *Leucocytozoon* na základě unikátních haplotypů *cytochromu b*. Nejvíce byla zastoupena linie rodu *Haemoproteus* ROFI2, která dosahovala prevalence 53 %. Ostatní linie byly zastoupené mnohem vzácněji. Prevalence oscilovala mezi jednotlivými roky, ale proporce nejběžnějších linií zůstávala zachována. Na základě porovnání účinnosti detekce u obou metod (molekulární detekce na základě nested PCR a mikroskopování) jsme došli k závěru, že PCR je mnohem více citlivá. Důvodem je obtížná detekovatelnost parazitů při velmi nízkých parazitěmiích pomocí tradičního mikroskopického vyšetření.

Nezaznamenali jsme žádný vliv parazitace ptačími hemosporidy na vybrané charakteristiky hostitele (váha, reprodukční úspěch samic i samců a samčí ornamentace). Ale podařilo se nám zjistit vliv počtu alel MHC a genetické variability (měřené pomocí standardizované heterozygotnosti na 17 mikrosatelitových lokusech) na prevalenci parazitů rodu *Plasmodium*. Pomocí detekce (nested PCR) ptačích hemosporid v dvoukřídlem hmyzu odchyceném na studované hnízdní lokalitě jsme určili potencionální vektory těchto parazitů. Jedná se o tiplíky *Culicoides* spp. jako vektory rodu *Haemoproteus*, komáry *Culex pipiens* jako vektory rodu *Plasmodium* a muchničky *Eusimulium securiforme* jako vektory rodu *Leucocytozoon*.