

UNIVERSIDADE FEDERAL DE JUIZ DE FORA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO
DA NATUREZA

Mariana Vargas Ferreira de Rezende

**Diagnóstico e diversidade em Haemosporida dos gêneros *Haemoproteus* e
Plasmodium em aves neotropicais**

Juiz de Fora
2025

Mariana Vargas Ferreira de Rezende

Diagnóstico e diversidade em Haemosporida dos gêneros *Haemoproteus* e *Plasmodium* em aves neotropicais

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação da Natureza da Universidade Federal de Juiz de Fora como requisito parcial à obtenção do título de Mestra em Biodiversidade e Conservação da Natureza. Área de concentração: Taxonomia, Sistemática e Evolução.

Orientador: Marta Tavares D'Agosto

Coorientador: Talys Henrique Assumpção Jardim

Juiz de Fora

2025

Imprimir na parte inferior, no verso da folha de rosto a ficha disponível em:

<https://www2.ufjf.br/biblioteca/servicos/#ficha-catalografica>

Mariana Vargas Ferreira de Rezende

Diagnóstico e diversidade em Haemosporida dos gêneros *Haemoproteus* e *Plasmodium* em aves neotropicais

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação da Natureza da Universidade Federal de Juiz de Fora como requisito parcial à obtenção do título de Mestra em Biodiversidade e Conservação da Natureza. Área de concentração: Comportamento, Ecologia e Sistemática.

Aprovada em 28 de Novembro de 2025.

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Marta Tavares D'Agosto - Orientadora
Universidade Federal de Juiz de Fora

Prof. Dr. André Flávio Soares Ferreira Rodrigues
Universidade Federal de São João del-Rei

Profa. Dra. Usha Vashist
Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais -
Campus Muzambinho

Dedico este trabalho aos meus pais Ana Maria e Emer Túlio e minha tia Maria da Conceição e a todos que se auxiliaram e me inspiraram nessa jornada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, à minha base: minha família, especialmente meus pais, Ana Maria e Emer Túlio, e minha tia Maria da Conceição, por todo o amor, apoio e compreensão incondicional. Obrigada por acreditarem em mim, mesmo nos momentos de incerteza, e por constantemente me recordarem do meu valor. Sou imensamente grata pelos ensinamentos transmitidos desde sempre, em especial pela valorização da educação, da dedicação e da honestidade em tudo o que se faz.

À minha orientadora e salvadora, Profa. Dra. Marta D'Agosto, pela confiança depositada, pela orientação sempre atenta e cuidadosa e, sobretudo, pelas valiosas contribuições e pela longa experiência científica que tornaram possível este trabalho. Sua dedicação, rigor e sensibilidade foram essenciais para que este estudo se concretizasse e para o meu amadurecimento como pesquisadora.

Ao meu eterno orientador, Prof. Dr. Roberto Junio, pelo auxílio constante, pela paciência e pelas valiosas discussões que tanto aprimoraram este estudo. Sua disponibilidade e olhar atento fizeram grande diferença em cada etapa do processo.

À equipe do Centro de Triagem de Animais Silvestres de Juiz de Fora (CETAS-JF), especialmente aos colegas Glauber Barino e Laura Oliveira, pelo apoio e pela confiança durante o desenvolvimento das atividades de campo e coleta de dados. Este trabalho não seria possível sem o esforço diário de todos que se dedicam à reabilitação e conservação da fauna.

Aos professores e colegas do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação da Natureza da UFJF, pelo compartilhamento de conhecimento, pelas trocas enriquecedoras e pela convivência que inspirou novas formas de pensar e fazer ciência.

Aos parceiros da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Prof. Dr. Huarrisson Azevedo e Nelson Meireles, pela contribuição e apoio que garantiram o sucesso deste trabalho.

Aos amigos do LapProto, especialmente à Mylena Barros, Daniela Rojas e Isadora Luquetti, pela ajuda constante, pelas risadas e conversas que tornaram a rotina mais leve e acolhedora.

Por fim, aos meus queridos e grandes amigos de vida, que tornaram minha caminhada mais leve, agradeço pelos abraços, pelas conversas afetuosas e por tudo o que compartilhamos, e ainda compartilharemos. Vocês sabem quem são.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste sonho, registro aqui minha mais sincera gratidão.

*"Every individual matters. Every individual has a role to play.
Every individual makes a difference"*
Jane Goodall

RESUMO

As infecções por hemosporídeos aviários são amplamente distribuídas entre aves silvestres, mas ainda pouco documentadas em espécies que não compõem a ordem Passeriformes e em contextos urbanos. Este estudo teve como objetivo investigar a ocorrência e a diversidade de *Plasmodium* spp. e *Haemoproteus* spp. em aves recebidas no Centro de Triagem de Animais Silvestres de Juiz de Fora (CETAS-JF), Minas Gerais. Foram analisadas 46 aves de sete ordens taxonomicamente distintas, avaliadas por meio de exames microscópicos e moleculares (nested-PCR) direcionados ao gene mitocondrial *cytb*. A composição amostral incluiu indivíduos da ordem Piciformes (26,08%), Strigiformes (23,91%) e Falconiformes (15,21%), além de Cathartiformes e Accipitriformes (13,04% cada), e Cariamiformes e Galliformes (4,34%). A prevalência total foi de 15,21% pela microscopia e 52,17% pela nPCR, com maior frequência de infecções nas ordens Cariamiformes, Galliformes e Strigiformes. As análises filogenéticas revelaram linhagens de *Haemoproteus* spp. e *Plasmodium* spp., incluindo registros inéditos para duas espécies de hospedeiros ameaçadas (*Crax fasciolata* e *Pteroglossus bailloni*). Os resultados reforçam a importância da integração entre diagnósticos morfológicos e moleculares e demonstram o potencial dos centros de reabilitação como fontes relevantes para o monitoramento ecológico e epidemiológico e para a conservação da avifauna em áreas urbanas e periurbanas.

Palavras-chave: CETAS, Malária aviária, *Haemoproteus paraortalidum*, *Haemoproteus syrnii*, *Plasmodium huffi*.

ABSTRACT

Avian haemosporidian infections are widely distributed among wild birds but remain underreported in non-passerine species and in urban settings. This study aimed to investigate the occurrence and diversity of *Plasmodium* spp. and *Haemoproteus* spp. in birds admitted to the Wild Animal Screening Center of Juiz de Fora (CETAS-JF), Minas Gerais, Brazil. We analyzed 46 birds from seven avian orders (Accipitriformes, Cathartiformes, Cariamiformes, Falconiformes, Galliformes, Piciformes, and Strigiformes) using both microscopic examination and molecular diagnostics (nested-PCR) targeting the mitochondrial *cytb* gene. The distribution of sampled orders was as follows: Piciformes (12 individuals; 26.08%), Strigiformes (11; 23.91%), Falconiformes (7; 15.21%), Cathartiformes and Accipitriformes (6 each; 13.04%), and Cariamiformes and Galliformes (2 each; 4.34%). Overall prevalence was 15.21% by microscopy and 52.17% by nested-PCR, with higher infection frequencies detected in the orders Cariamiformes, Galliformes, and Strigiformes. Phylogenetic analyses identified lineages of *Haemoproteus* spp. and *Plasmodium* spp., including first records for two threatened host species (*Crax fasciolata* and *Pteroglossus bailloni*). These results underscore the importance of integrating morphological and molecular diagnostic approaches and highlight the potential of wildlife rehabilitation centers as strategic sources for eco-epidemiological surveillance and the conservation of avifauna in urban and peri-urban landscapes.

Keywords: CETAS, Malária aviária, *Haemoproteus paraortalidum*, *Haemoproteus syrnii*, *Plasmodium huffi*.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1	–	Esquema representativo da sistemática dos gêneros <i>Haemoproteus</i> , <i>Plasmodium</i> e <i>Leucocytozoon</i>	5
Figura 2	–	Ciclo biológico geral da ordem Haemosporida.....	7
Figura 3	–	Representação da dinâmica temporal das infecções por hemosporídeos em hospedeiros imunologicamente ingênuos.....	11
Figura 4	–	Fluxograma da patogenia das infecções por heomosporídeos dos gêneros <i>Haemoproteus</i> , <i>Plasmodium</i> e <i>Leucocytozoon</i>	12
Figura 5	–	Distribuição das ordens de aves examinadas no CETAS-JF por número e porcentagem.....	27
Figura 6	–	Formas evolutivas de <i>Plasmodium</i> sp. em <i>Cariama cristata</i>	35
Figura 7	–	Formas evolutivas de <i>Haemoproteus</i> sp. em <i>Megascops choliba</i>	36
Figura 8	–	Formas evolutivas de <i>Haemoproteus</i> sp. em <i>Penelope obscura</i>	37
Figura 9	–	Coinfecção em um espécime de <i>Penelope obscura</i>	38
Figura 10	–	Distribuição dos clados 1A, 1B, 2A e 2B por espécies de aves amostradas e localidades de ocorrência no estudo.....	42
Figura 11	–	Recorte das relações filogenéticas de sequências de <i>Haemoproteus</i> spp. identificadas em aves amostradas de diferentes espécies no CETAS-JF.....	42
Figura 12	–	Recorte das relações filogenéticas de sequências de <i>Plasmodium</i> spp. identificadas em aves amostradas de diferentes espécies no CETAS-JF.....	43

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	– Principais características comparativas entre os hemosporídeos aviários.....	8
Tabela 2	– Sinais clínicos comuns e específicos de hemosporídeos aviários.....	11
Tabela 3	– Estudos moleculares sobre hemosporídeos em aves no Brasil.....	18
Tabela 4	– Classificação e status (IUCN), tipo de migração, origem de captura por espécies, condição de saúde e tempo de permanência até a coleta das aves amostradas no CETAS-JF.....	28
Tabela 5	– Dados relacionados às análises microscópicas e exame de nested-PCR de aves positivas amostradas no CETAS.....	33

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

CETAS	Centro de Triagem de Animais Silvestres
<i>Cytb</i>	Gene mitocondrial citocromo b
DNA	Ácido desoxirribonucleico
FTA	Fast Technology for Analysis
Genbank	National Institute of Health Genetic Sequence Database
IBAMA	Instituto Nacional do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis
IEF	Instituto Estadual de Florestas
IUCN	International Union for Conservation of Nature
MAFFT	Multiple Alignment using Fast Fourier Transform
MalAvi	Avian Malaria Initiative
NCBI	National Center for Biotechnology Information
nPCR	Nested Polimerase Chain Reaction
PCR	Polimerase Chain Reaction
SEI	Sistema Eletrônico de Informações
SISBIO	Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade
dNTP	Desoxynucleoside Triphosphate
<i>Spillover</i>	Transbordamento ou transmissão cruzada de patógenos entre espécies hospedeiras distintas

LISTA DE SÍMBOLOS

°C	Grau Celsius
°G	Pertence
®	Registered mark
G	Gauge
mg/ml	Miligramma por mililitro
min	Minuto
µL	Microlitro
µM	Micromolar
µm	Micrômetro
V/cm	Volts por centímetro

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	1
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	4
2.1	HEMOSPORÍDEOS AVIÁRIOS.....	4
2.1.1	Ciclo biológico.....	5
2.1.2	Patogênese e sinais clínicos.....	8
2.1.3	Diagnóstico.....	13
2.2	Estudos moleculares sobre hemosporídeos em aves no Brasil.....	16
3	OBJETIVOS.....	21
3.1	Objetivos gerais.....	21
3.2	Objetivos específicos.....	21
4	MATERIAL E MÉTODOS.....	22
4.1	Local de coleta e manutenção dos animais.....	22
4.2	Coleta de amostras biológicas e avaliação de escore corporal.....	22
4.3	Análise morfológica e obtenção de imagens de formas parasitárias.....	23
4.4	Extração de DNA, nPCR e sequenciamento.....	23
4.5	Análises filogenéticas.....	25
4.6	Análises estatísticas.....	26
5	RESULTADOS.....	26
5.1	Perfil das aves amostradas.....	26
5.2	Análises microscópicas.....	32
5.3	Análises moleculares.....	38
5.4	Comparação entre os métodos e análises estatísticas.....	39
5.5	Análises filogenéticas.....	40
6	DISCUSSÃO.....	44
7	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	53
8	CONCLUSÃO.....	54
	REFERÊNCIAS	55
	ANEXO A – Árvore filogenética obtida por Máxima Verossimilhança a partir de sequências do gene <i>cytb</i> dos gêneros <i>Haemoproteus</i>.....	77
	ANEXO B - Árvore filogenética obtida por Máxima Verossimilhança a partir de sequências do gene <i>cytb</i> do gêneros <i>Plasmodium</i>.....	80

1 INTRODUÇÃO GERAL

A infecção por hemosporídeos aviários em ambientes naturais é amplamente documentada, mas avanços recentes têm direcionado a atenção para hospedeiros historicamente sub-representados na literatura, como espécies ameaçadas, endêmicas e de distribuição restrita (Rodrigues et al., 2020; Anjos et al., 2021; Fecchio et al., 2021; Hennig et al., 2024). Esses grupos, embora menos amostrados, são fundamentais para compreender a diversidade, as interações ecológicas e a dinâmica evolutiva dos parasitos dos gêneros *Plasmodium*, *Haemoproteus* e *Leucocytozoon* (Clark et al., 2014; Santiago-Alarcon et al., 2014). Estudos conduzidos em diferentes biomas neotropicais, especialmente na Mata Atlântica e no Cerrado, têm revelado a presença de linhagens raras ou pouco conhecidas em hospedeiros sensíveis à fragmentação de habitat, reforçando a importância da ampliação dos esforços amostrais nesses contextos (Sebaio et al., 2012; Belo et al., 2011; Fecchio et al., 2013).

O progresso na compreensão desses parasitos foi impulsionado pela crescente aplicação de ferramentas moleculares, que permitiram ampliar o número de hospedeiros e biomas estudados. No Brasil, essa abordagem ganhou força a partir de 2013, com o início de estudos voltados à caracterização molecular de linhagens parasitárias em biomas como Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal (Fecchio et al., 2013; Lacorte et al., 2013; Ferreira-Junior et al., 2017). Essas pesquisas revelaram expressiva diversidade genética entre as linhagens, muitas ainda sem classificação taxonômica definida, além de destacarem lacunas geográficas e taxonômicas significativas (Belo et al., 2011; Fecchio et al., 2017).

Historicamente, a identificação dos hemosporídeos era baseada exclusivamente da análise morfológica dos parasitos em esfregaços sanguíneos corados, um método de grande valor histórico, mas de sensibilidade limitada e dependente da experiência do observador (Valkiūnas, 2005). Essa limitação, somada à impossibilidade de distinguir coinfeções de cogenéricos ou linhagens crípticas, restringia a precisão diagnóstica (Valkiūnas et al., 2006a; Paulinauskas et al., 2015). Com o avanço das técnicas moleculares, especialmente a reação em cadeia da polimerase (PCR) e o sequenciamento do gene mitocondrial citocromo *b*, tornou-se possível detectar infecções com maior sensibilidade e especificidade, além de inferir relações filogenéticas entre as linhagens (Hellgren et al., 2004; Bensch et al., 2009).

Grande parte dos dados moleculares disponíveis ainda se concentra em aves da ordem Passeriformes, que representam cerca de 87% dos registros no banco de dados global MalAvi (Durrant et al., 2006; Fecchio et al., 2020). Esse viés decorre, em parte, do uso predominante de redes de neblina, técnica amplamente empregada na captura de aves silvestres que favorece a amostragem de espécies de pequeno porte e de indivíduos com maior atividade locomotora, padrão influenciado por múltiplos fatores morfológicos, comportamentais e ecológicos. Nesse contexto, podem ser amostrados, com maior frequência, indivíduos em possíveis estágios crônicos de infecção, nos quais a atividade comportamental tende a ser preservada, sem que esse favorecimento seja atribuído exclusivamente à condição infecciosa (Marques et al., 2013; Clark et al., 2014). Tal distribuição amostral tende a refletir apenas parte da diversidade morfológica, comportamental e ecológica da avifauna brasileira (Tattoni & LaBarbera, 2023).

Os ambientes urbanizados vêm se consolidando como espaços relevantes para a manutenção e propagação de hemosporídeos aviários. Aves adaptadas à presença humana, frequentemente, apresentam elevadas taxas de infecção, sobretudo por *Plasmodium* spp. de linhagens generalistas, favorecidas por fatores como a abundância de criadouros de hospedeiros invertebrados, densidade populacional e baixa diversidade de hospedeiros aviários (Ferreira-Junior et al., 2017; Rodrigues et al., 2019; Fecchio et al., 2019a; Caizergues et al., 2024).

A urbanização, ao reduzir a heterogeneidade ecológica, tende a aumentar a prevalência de infecções em populações sedentárias e facilitar o contato entre aves silvestres, domésticas e migratórias, elevando o risco de *spillover* e de introdução de linhagens em novos nichos ecológicos (Ferreira-Junior et al., 2018). Além disso, a recorrência de poucas linhagens dominantes em ambientes urbanos pode levar à homogeneização parasitária, fenômeno de implicações ainda pouco compreendidas, mas potencialmente relevantes para a saúde das aves e para estratégias de manejo e conservação (Clark et al., 2016; Hernández-Lara et al., 2020).

Nesse contexto, os centros de reabilitação de fauna silvestre se destacam como ambientes estratégicos para a investigação da diversidade de hemoparasitos em aves (Belo et al., 2009; Tostes et al., 2017; Barino et al., 2020; Fecchio et al., 2020). Estudos recentes demonstram que esses locais, especialmente os situados em áreas urbanizadas, constituem oportunidades consistentes e favoráveis para o monitoramento da circulação parasitária e para a obtenção de dados padronizados

(Fecchio et al., 2019a; Bueno et al., 2010). Essas instituições recebem aves provenientes de diferentes contextos de admissão, incluindo atropelamentos, tráfico, cativeiro e demais ocorrências relacionadas a atividades antrópicas, permitindo investigar a relação entre diversidade parasitária e fatores ambientais associados à urbanização (Soulsbury & White, 2015; MacGregor-Fors et al., 2020; Ferraguti et al., 2020).

No Brasil, pesquisas em Centros de Triagem de Animais Silvestres (CETAS) vêm demonstrando que tais espaços funcionam não apenas como refúgios temporários para a fauna impactada, mas também como pontos estratégicos de monitoramento ecológico e epidemiológico (Chagas et al., 2017; Barino et al., 2020; Blanco et al., 2016). Esses locais possibilitam o monitoramento contínuo da circulação de hemoparasitos em áreas urbanas e periurbanas, fornecendo subsídios para ações de manejo e conservação da fauna (Belo et al., 2009; Tostes et al., 2017; Barino et al., 2020). Assim, reforça-se a importância de integrar os centros de reabilitação às redes de pesquisa em parasitologia e conservação, ampliando o conhecimento sobre a ecologia e distribuição dos hemosporídeos aviários em regiões de intensa transformação ambiental.

Diante desse panorama, o presente trabalho teve como objetivo geral detectar infecções por *Plasmodium* spp. e/ou *Haemoproteus* spp. por meio de análises microscópicas e moleculares (PCR) em aves silvestres de médio e grande porte resgatadas em regiões urbanas e periurbanas da Zona da Mata mineira e mantidas no Centro de Triagem de Animais Silvestres (CETAS-JF), em Juiz de Fora, Minas Gerais.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Hemosporídeos aviários

Os hemosporídeos aviários, protozoários pertencentes à ordem Haemosporida (Apicomplexa), estão entre os grupos parasitários mais diversos e prevalentes em aves, com mais de 260 espécies descritas e cerca de 4.600 linhagens identificadas por marcadores moleculares (Valkiūnas, 2005; Bensch et al., 2009; Fecchio et al., 2021). Sua distribuição é global, abrangendo aves silvestres e de cativeiro em todos os continentes, exceto na Antártica. Essa ampla ocorrência, associada à diversidade de hospedeiros, os torna modelos para pesquisas em ecologia de doenças, evolução e epidemiologia (Hamilton & Zuk, 1982; Ricklefs & Fallon, 2002; Marzal et al., 2011).

Regiões de alta biodiversidade, como os neotrópicos, destacam-se pela relevância na descrição de novas linhagens e na compreensão dos padrões evolutivos e ecológicos desses parasitos, uma vez que grande parte das aves ainda é pouco estudada sob a perspectiva parasitológica (Braga et al., 2011; Carlson et al., 2020a; Poulin, 2021). Nesse contexto, os centros de triagem e reabilitação de fauna silvestre assumem papel estratégico, pois viabilizam a coleta de amostras de espécies raras ou de difícil acesso em condições controladas (IBAMA, 2021).

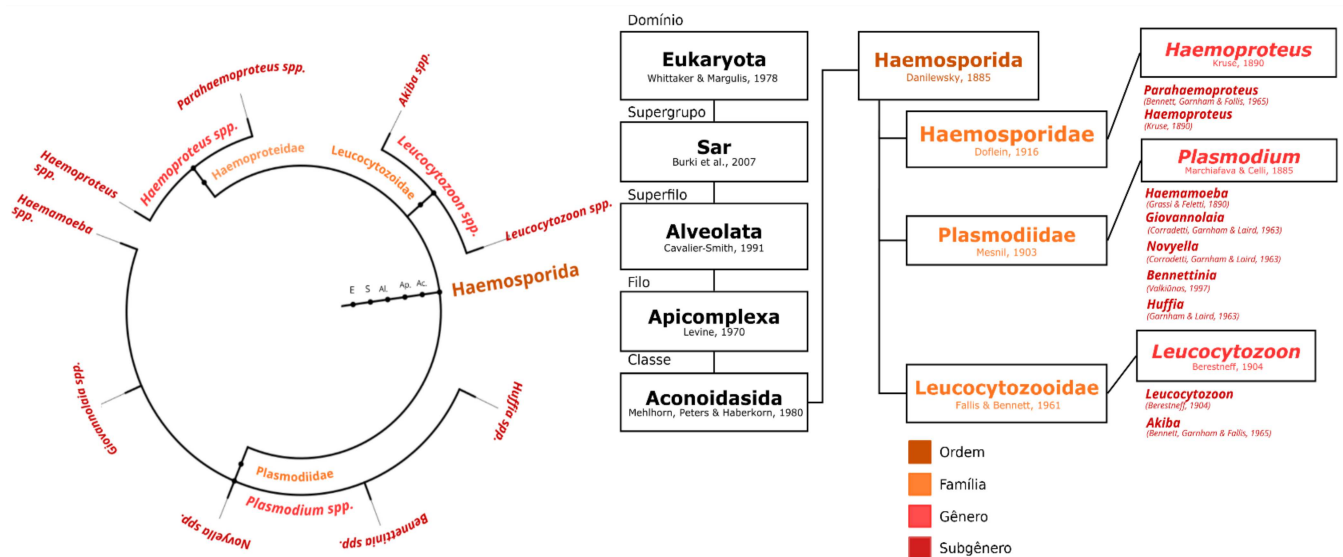
A ordem Haemosporida é composta principalmente pelos gêneros *Plasmodium*, *Haemoproteus* e *Leucocytozoon* (Figura 1), cuja classificação tradicional baseia-se em características morfológicas e nos aspectos de seus ciclos biológicos (Valkiūnas, 2005). Embora as análises moleculares tenham proporcionado avanços significativos, a identificação morfológica continua essencial para fins taxonômicos e descritivos (Valkiūnas & Iezhova, 2018).

A transmissão dos hemosporídeos ocorre pela picada de insetos hematófagos da ordem Diptera das famílias Culicidae, Hippoboscidae e Ceratopogonidae, que atuam como vetores biológicos, influenciando tanto a distribuição geográfica quanto a dinâmica epidemiológica dos parasitos (Bennett et al., 1965; Valkiūnas, 2005; Križanauskienė et al., 2013).

Embora muitas infecções apresentem curso crônico e assintomático, a patogenicidade dos hemosporídeos é variável e depende da espécie parasitária, da resposta imune do hospedeiro e de fatores ambientais (Olias et al., 2011; Cannell et al., 2013; Vanstreels & Parsons, 2014). Em condições desfavoráveis, como

imunossupressão ou alta parasitemia, esses parasitos podem causar anemia, necrose tecidual e, em casos graves, óbito (Valkiūnas, 2005).

Figura 1 - Esquema representativo da sistemática dos gêneros *Haemoproteus*, *Plasmodium* e *Leucocytozoon*. Legenda: E - Eukaryota; S - Sar; Al. - Alveolata; Ap. - Apicomplexa; Ac. - Aconoidasida.



Fonte: Elaborada pela autora (2025). Baseado em Valkiunas (2005) e Valkiunas & Atkinson (2020).

2.1.1 Ciclo biológico

Os parasitos da ordem Haemosporida (*Haemoproteus*, *Plasmodium* e *Leucocytozoon*) possuem ciclo de vida heteroxeno e compartilham semelhanças, tornando possível uma descrição geral (Valkiunas, 2005). O ciclo desses parasitos envolve a alternância das etapas do ciclo reprodutivo (merogonia, gamogonia e esporogonia) entre hospedeiros vertebrados e invertebrados (Garnham, 1966; Remple, 2004; Valkiūnas, 2005; Santiago-Alarcon et al., 2012; Toscani Field et al., 2018) (Figura 2).

Os hospedeiros invertebrados, dípteros hematófagos, são os hospedeiros definitivos, nos quais ocorrem a reprodução sexuada, além da reprodução assexuada por esporogonia. Os vertebrados atuam como hospedeiros intermediários, por ser local de ocorrência de reprodução assexuada (merogonia) e o processo de diferenciação conhecido como gametogonia, que dá origem aos gametócitos e,

posteriormente, aos gametas (Remple, 2004). A interação hospedeiro vertebrado-invertebrado no ciclo de vida dos hemosporídeos apresenta elevada complexidade, exigindo uma série de condições específicas para sua efetiva manutenção (Valkiunas, 2005). O sucesso desse ciclo depende da presença de um hospedeiro vertebrado susceptível, da capacidade do vetor em se alimentar nesse hospedeiro e, sobretudo, da longevidade do inseto, que deve ser suficiente para permitir a conclusão da esporogonia e a migração dos esporozoítos até as glândulas salivares, etapa essencial para a transmissão do parasito a um novo hospedeiro suscetível (Valkiunas, 2005; Harl et al., 2022). A reprodução assexuada não ocorre quando os esporozoítos são inoculados em hospedeiros não suscetíveis. Nesse caso, os estádios do parasito não se desenvolvem, resultando em uma infecção abortiva, sem progressão para a formação de gametócitos (Valkiunas, 2005; Valkiunas & Iezhova, 2017).

O ciclo biológico dos hemosporídeos tem continuidade quando um díptero hematófago susceptível, durante o repasto, inocula esporozoítos na corrente sanguínea do hospedeiro vertebrado. Estes esporozoítos, então, migram para tecidos específicos, onde formam merontes e se multiplicam assexuadamente por meio da merogonia exoeritrocítica. Nessa etapa, formam-se os merozoítos, que podem originar novas gerações do parasito em células do sistema reticuloendotelial, células endoteliais e fibroblastos de diversos tecidos (Valkiunas, 2005). A quantidade de ciclos de merogonia, de merozoítos formados e do tipo de órgão acometido variam de acordo com a espécie de parasito (Kvasager, 2015).

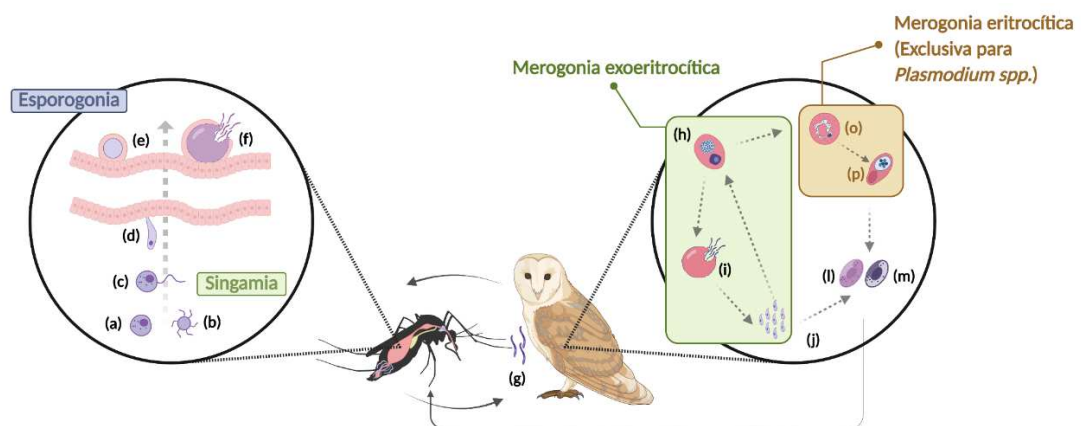
Durante o ciclo eritrocítico dos hemosporídeos, pode ocorrer a diferenciação de alguns merozoítos em gametócitos, a depender do gênero do parasito (Paul et al., 2003). No caso de *Plasmodium*, essa gametogonia ocorre no interior dos eritrócitos. Já em parasitos do gênero *Haemoproteus*, os gametócitos se desenvolvem no interior de células do sistema reticuloendotelial, sem que haja uma fase de merogonia eritrocítica (Valkiunas, 2005).

Ao se alimentar em um hospedeiro vertebrado infectado, os insetos hematófagos podem ingerir gametócitos. Caso sejam compatíveis, os gametócitos ingeridos se diferenciam no interior do intestino médio, liberando os gametas que darão continuidade ao ciclo parasitário. O macrogametócito origina um único macrogameta, de forma arredondada, enquanto o microgametócito gera múltiplos microgametas filiformes por exflagelação, um processo influenciado por fatores como temperatura e estímulos químicos (Valkiunas, 2005; Bell, 2016).

A união dos gametas (singamia) dá origem a um zigoto móvel (ocineteto). Este atravessa o epitélio do intestino médio do inseto e atinge a lâmina basal, formando um oocisto, no qual ocorre a esporogonia, que origina numerosos esporozoítos alongados (Michel & Kafatos, 2005; Valkiunas, 2005; Aliota et al., 2011; Lapointe et al., 2012; Valkiunas & Atkinson, 2020). Esses esporozoítos se distribuem pela hemolinfa e permanecem nas glândulas salivares até serem inoculados em um novo hospedeiro vertebrado suscetível (Valkiunas, 2005; Vanstreels & Parsons, 2014).

Embora os ciclos biológicos dos gêneros *Haemoproteus*, *Plasmodium* e *Leucocytozoon* compartilhem semelhanças, distinguem-se por particularidades que refletem diferenças taxonômicas e ecológicas. Tais distinções envolvem a especificidade dos hospedeiros invertebrados, a diversidade interespecífica dos parasitos, a ocorrência ou ausência de merogonia eritrocítica, bem como os tipos celulares e os tecidos preferencialmente infectados. Adicionalmente, aspectos morfológicos, como a natureza das formas parasitárias circulantes e a presença ou ausência de pigmento de hemozoína, constituem critérios relevantes para a diferenciação desses hemosporídeos. As principais características comparativas estão sistematizadas na Tabela 1 para cada um desses gêneros.

Figura 2 - Ciclo biológico geral da ordem Haemosporida. Legenda: (a) Macrogameta, (b) microgameta, (c; d) oocineteto e sua invasão da membrana basal, (e) oocisto, (f) rompimento do oocisto liberando esporozoítos, (g) esporozoítos inoculados no hospedeiro vertebrado, (h) meronte exoeritrocítico, (i) rompimento do meronte exoeritrocítico com liberação de merozoítos, (j) merozoítos, (l) macrogametócitos, (m) microgametócitos. Especificamente para o gênero *Plasmodium* (merogonia eritrocítica): (o) trofozoítos, (p) merontes eritrocíticos.



Fonte: Adaptado de Martínez-de la Puente (2020). Elaborado pela autora (2025).

Tabela 1 – Principais características comparativas entre os hemosporídeos aviários.

Características	Gêneros			Referências
	<i>Haemoproteus</i>	<i>Plasmodium</i>	<i>Leucocytozoon</i>	
Hospedeiros invertebrados	Ceratopogonidae Hippoboscidae	Culicidae	Ceratopogonidae Simuliidae	Valkiunas (2005)
Nível de especificidade	Baixa	Alta	Intermediária	Fecchio (2020)
Formas parasitárias circulantes no sangue periférico	Gametócitos	Gametócitos Merontes Trofozoítos	Gametócitos	Valkiunas & Izhova (2018; 2022; 2023)
Tipos celulares hematopoiéticos alvo de infecção	Eritrócitos maduros Eritroblastos	Eritrócitos maduros Eritroblastos	Eritrócitos maduros Eritroblastos Leucócitos mononucleares	Fecchio (2020)
Merogonia eritrocítica	Ausente	Presente	Ausente	Valkiunas (2005)
Merogonia exoeritrocítica (Tipos celulares/orgãos)	Presente	Presente	Presente	Valkiunas & Izhova (2017)
	Células endoteliais, reticuloendoteliais e miofibroblastos Pulmões, baço, coração e musculatura esquelética	Células reticuloendoteliais, endoteliais e hematopoiéticas Cérebro, baço e fígado	Células reticuloendoteliais, tubulares renais e hepatócitos Pouco elucidado	
Pigmento de hemozoína	Presente	Presente	Ausente	Dutra et al. (2024)
Megalomerontes	Presente	Ausente	Presente	Valkiunas & Atkinson (2020)

Fonte: Elaborada pela autora (2024).

2.1.2 Patogênese e sinais clínicos

As infecções por hemosporídeos aviários podem apresentar relevância patogênicas, especialmente em hospedeiros susceptíveis, sejam os imunologicamente não-adaptados ou sem histórico prévio de exposição ou, alternativamente, em espécies que não coevoluíram com esses parasitos (Garnham, 1966; Warner, 1968; Bennett et al., 1993; Cannell et al., 2013; Vanstreels et al., 2014; Dinhopl et al., 2015). Entretanto, historicamente, a patogenicidade desses parasitos, sobretudo os pertencentes ao gênero *Haemoproteus*, foi negligenciada em virtude de

subdiagnósticos frequentes, o que contribuiu para a percepção errônea de sua suposta inocuidade em hospedeiros aviários (Fecchio et al., 2020). No entanto, novos estudos de mortalidade por hemoproteose em aves de cativeiro e de vida livre, demonstraram associação a danos teciduais e hematológicos severos causados por merogonia exoeritrócítica e eritrocítica (Groff et al., 2019, Ortiz-Catedral et al., 2019, Yoshimoto et al., 2021).

A patogênese das infecções por hemoparasitos da ordem Haemosporida caracteriza-se por um curso dinâmico e multifásico no hospedeiro vertebrado, determinado por interações complexas entre o parasito e os sistemas fisiológicos do hospedeiro, principalmente a resposta imune aviária (Valkiūnas, 2005). Esse processo é influenciado por fatores intrínsecos ao parasito, como especificidade de gênero e estratégias de evasão imune e pode ser sistematizado em duas fases principais: pré-patente e patente, cuja duração varia entre os diferentes gêneros e suas espécies (Figura 3).

A fase pré-patente compreende o intervalo entre a inoculação dos esporozoítos por dípteros hematófagos e a detecção das formas parasitárias sanguíneas na circulação periférica (Valkiunas, 2005). O surgimento dessas formas marca o início da fase patente, que, por sua vez, pode ser subdividida em três fases clínico-patológicas: aguda, crítica e crônica (Valkiunas & Atkinson, 2020).

Durante a fase aguda, ocorre uma rápida multiplicação do parasito nos tecidos e/ou nos eritrócitos, com elevação abrupta da parasitemia, culminando na fase crítica. Essa etapa é geralmente associada às manifestações clínicas da infecção, comuns aos gêneros *Haemoproteus*, *Plasmodium* e *Leucocytozoon*, e são majoritariamente decorrentes de mecanismos de hemólise extravascular (Figura 4). Tais mecanismos resultam em anemia por redução dos níveis de hematócrito e hemoglobina, frequentemente acompanhada por uma resposta regenerativa caracterizada por policromasia e reticulocitose (Atkinson & Van Riper III, 1991; Atkinson et al., 2001; Williams, 2005).

Além da hemólise, outro componente central da fisiopatologia envolve a indução de processos inflamatórios de intensidade variável nos vasos sanguíneos (vasculite) e no parênquima de diversos órgãos, como consequência da multiplicação tecidual de merontes exoeritrócíticos (Donovan et al., 2008; Olias et al., 2011; Dimitrov et al., 2015). Tais alterações são histologicamente evidenciadas por infiltrados

heterofílicos, congestão vascular e edema tecidual difuso (Bishop et al. 1938; Lapointe et al. 2012).

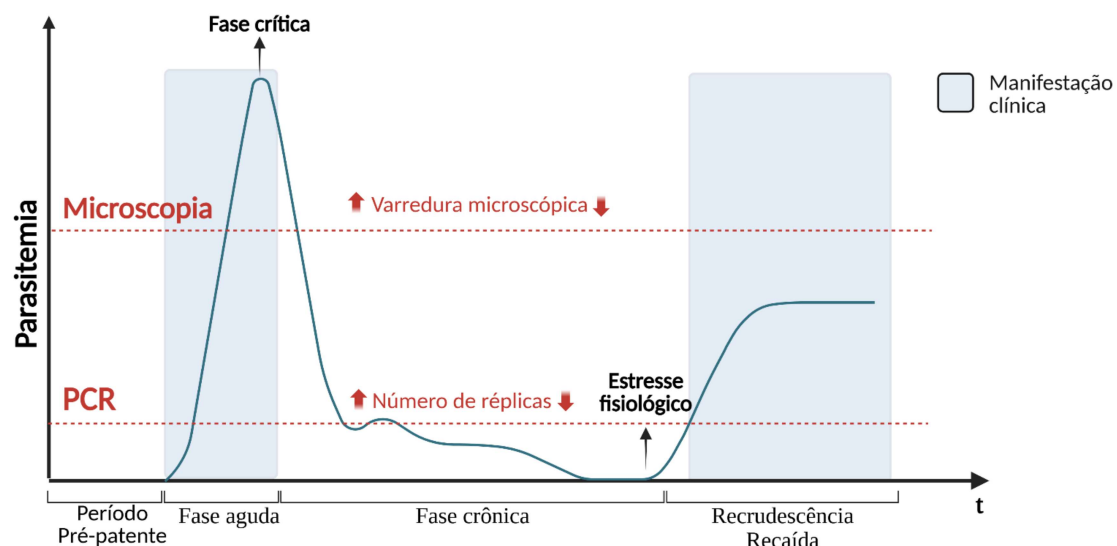
Adicionalmente, a presença dessas formas teciduais pode causar bloqueios vasculares por compressão mecânica, favorecendo o desenvolvimento de áreas hipóxicas, hemorragias multifocais e, em conjunto com o aumento da permeabilidade endotelial, culminar em lesões necróticas e degenerativas nos órgãos afetados (Fix et al., 1988; Valkiūnas, 2005; Donovan et al., 2008). Outros mecanismos patológicos variam entre os diferentes gêneros (Figura 4).

Nos casos em que o hospedeiro vertebrado desenvolve resposta imune eficaz, capaz de conter a proliferação parasitária, a parasitemia tende a regredir progressivamente até níveis subpatentes ou mesmo indetectáveis, caracterizando o estabelecimento da fase crônica da infecção (Valkiūnas, 2005; Cornet & Sorci, 2014). Essa fase pode perdurar por longos períodos ou se estender por toda a vida do hospedeiro aviário, o qual passa a exercer papel de reservatório epidemiológico, contribuindo para a manutenção do ciclo de transmissão (Ferraguti et al., 2021).

Embora caracteristicamente associada a cargas parasitárias reduzidas, a infecção crônica pode apresentar episódios de hiperparasitemia decorrentes de recrudesência ou recaída (Ilgūnas et al., 2016; Schumm et al., 2019). Ambos os fenômenos envolvem a reativação da multiplicação do parasito devido a episódios de imunossupressão por estresse fisiológico, porém têm origens distintas: a recrudesência resulta da reativação da merogonia eritrocítica, sendo exclusiva de espécies do gênero *Plasmodium*, ao passo que a recaída decorre da ativação de merontes exoeritrocíticos latentes, podendo ocorrer nos três gêneros, geralmente, sendo relacionadas ao período reprodutivo dos hospedeiros vertebrados (Beaudoin et al. 1971; Cranfield et al. 1994; Valkiūnas & Atkinson, 2020).

As infecções por hemosporídeos aviários, incluindo gêneros como *Plasmodium*, *Haemoproteus* e *Leucocytozoon*, apresentam-se com ampla variedade de manifestações clínicas que podem ser sutis ou inespecíficas (Atkinson & van Riper III, 1991; Valkiūnas, 2005). Além dos sinais clínicos gerais, algumas manifestações mais específicas podem ser observadas, variando conforme o gênero do parasito (Tabela 2).

Figura 3 – Representação esquemática da dinâmica temporal (t) da intensidade parasitária em infecções por hemosporídeos, indicando a variação da parasitemia ao longo do tempo (linha contínua) e o limite de detecção diagnóstica (linha tracejada em vermelho).



Fonte: Adaptado de Valkiunas & Atkinson (2020).

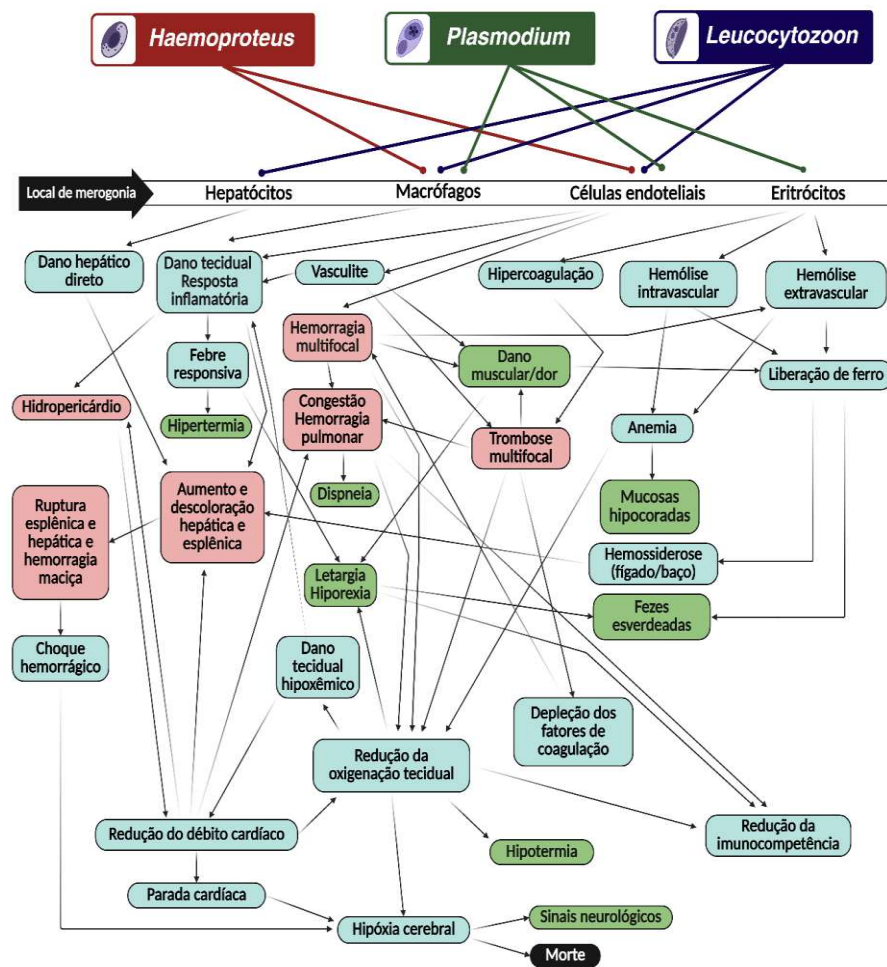
Tabela 2 - Sinais clínicos comuns e específicos de hemosporídeos aviários.

Gênero	Sinais clínicos	Autores
Geral (comum aos 3 gêneros)	Anemia/mucosas hipocoradas Letargia/fraqueza Febre responsiva intermitente	Valkiunas (2005)
	Esplenomegalia Hepatomegalia	Atkinson (2008a, 2008b)
	Redução do peso e escore corporal Anorexia	Merino et al. (2000)
	Edema pulmonar Dispneia	Dimitrov et al. (2015) Valkiunas (2005)
Específicos		
<i>Haemoproteus spp.</i>	Hemorragia hepática Hemoceloma	Donovan et al. (2008)
	Afecções musculares	Atkinson et al. (1988)
	Leucocitose	Williams (2005) Garvin et al. (2003)
	Policromasia marcada	Evans & Otter (1998) Muttow & Forbes (1999)
<i>Plasmodium spp.</i>	Icterícia	Valkiunas (2005)

	Esteatose hepática	Omar & Lim (1962)
	Esplenomegalia	Ishtiaq et al. (2012)
	Hemo/hidropericárdio	Dimitrov et al. (2015)
	Nefrite	
	Conjuntivite hemorrágica	
	Sinais neurológicos	LaPointe et al. (2012)
	Fezes esverdeadas	Garnham (1966)
	Diarreia	
	Hipertensão pulmonar direita	Huchzermeyer (1988)
	Elevação de proteínas totais plasmáticas e AST (aspartato aminotransferase)	Williams (2005)
	Redução de creatinina	
	Leucocitose	
<i>Leucocytozoon spp.</i>	Hemorragia muscular e hepática	Suprihati et al. (2020)
	Sinais neurológicos	Raida & Jaensch (2000)
	Cegueira	
	Anormalidades na produção de ovos	Jin et al. (1976)
	Fezes esverdeadas	Yamada et al. (1981)

Fonte: Elaborado pela Autora (2025).

Figura 4 - Fluxograma da patogenia das infecções por hemosporídeos dos gêneros *Haemoproteus*, *Plasmodium* e *Leucocytozoon* em aves. Legenda: azul - mecanismos patológicos; rosa - alterações necroscópicas; verde - sinais clínicos.



Fonte: Adaptado de Dutra et al. (2024).

2.1.3 Diagnóstico

A escolha adequada dos métodos diagnósticos é essencial para a investigação da diversidade, especificidade e distribuição de hemosporídeos em aves, além de ser fundamental para estudos ecológicos e padrões evolutivos e de distribuição que envolvem esses parasitos e seus hospedeiros (Pérez-Tris et al., 2012; Dimitrov et al., 2013; Bernotienė et al., 2016; Pacheco et al., 2023; Valkiūnas & Iezhova, 2018; Fecchio et al., 2021; Valkiūnas, 2022). Para garantir estimativas confiáveis de prevalência e apoiar estratégias de manejo ambiental e vigilância sanitária, é necessário adotar abordagens que combinem sensibilidade, especificidade e reprodutibilidade (Fallon & Ricklefs, 2008; Bensch et al., 2009).

Historicamente, o exame microscópico de esfregaços sanguíneos corados com técnicas de Romanowsky, especialmente Giemsa, é amplamente utilizado para identificar morfologicamente parasitos intraeritrocíticos, como trofozoítos, merontes e

gametócitos (Garnham, 1966; Valkiūnas, 2005; Valkiūnas & Iezhova, 2018; 2022). Essa abordagem permite também a quantificação da intensidade parasitária e a avaliação de aspectos morfológicos que auxiliam na distinção entre espécies. A preparação dos esfregaços requer precisão técnica, e sua interpretação depende de observação criteriosa em diversos campos microscópicos (Van Riper III et al., 1986; Campbell, 1995).

Apesar de sua relevância, a microscopia apresenta limitações em casos de infecções com baixa parasitemia, comuns em estágios crônicos, podendo levar à subestimação da prevalência (Jarvi et al., 2002; Durrant et al., 2006; Valkiūnas & Atkinson, 2020). Além disso, fatores como a qualidade do esfregaço e as características do hospedeiro podem interferir na interpretação morfológica (Perkins, 2000). Por outro lado, esse método mostra vantagens em situações específicas, como a detecção de coinfeções e a diferenciação de estágios evolutivos que podem passar despercebidos nas análises moleculares (Pérez-Tris et al., 2012; Dimitrov et al., 2013).

Com o avanço da biologia molecular, técnicas baseadas na PCR têm sido amplamente utilizadas para detectar infecções, mesmo em níveis muito baixos de intensidade parasitária, por meio da amplificação de fragmentos do gene mitocondrial do citocromo *b* (*cytb*), altamente conservado entre os hemosporídeos (Bensch et al., 2004; Hellgren et al., 2004; Pacheco et al., 2018). A sensibilidade dessas ferramentas supera a da microscopia em muitos casos, especialmente na identificação de infecções crônicas (baixa parasitemia) (Henning et al., 1999; Ribeiro et al., 2005; Vanstreels & Parsons, 2014). Protocolos com *nested*-PCR e primers específicos são capazes de distinguir os principais gêneros de hemosporídeos aviários (*Plasmodium*, *Haemoproteus* e *Leucocytozoon*) e seu uso tem se tornado padrão em estudos genéticos e epidemiológicos (Bensch et al., 2000; Waldenström et al., 2004; Hellgren et al., 2009).

Entretanto, essas técnicas também apresentam restrições. A amplificação pode favorecer linhagens com maior carga de DNA ou com maior afinidade pelos primers utilizados, o que tende a ocultar outras variantes presentes em infecções mistas (Zehntindjiev et al., 2012; Chagas et al., 2019; Bernotienė et al., 2016). Essa limitação técnica dificulta a detecção simultânea de múltiplas linhagens, o que representa um desafio contínuo na área. Como consequência, torna-se recomendável o uso de diferentes conjuntos de primers e alvos genéticos para aumentar a abrangência da

detecção molecular e garantir a identificação de todas as sequências envolvidas nas coinfeções (Bernotienė et al., 2016).

Além disso, a PCR não distingue entre diferentes estádios evolutivos do parasito e pode gerar resultados falso-positivos ao detectar DNA de formas não replicativas, como esporozoítos, ou em infecções abortivas (Olias et al., 2009; Valkiūnas et al., 2013; 2014). A interpretação dos resultados, portanto, exige cautela. Diante dessas características, recomenda-se o uso combinado de abordagens morfológicas e moleculares. Essa integração permite maior acurácia na identificação das linhagens parasitárias, facilita a detecção de coinfeções e contribui para uma caracterização mais robusta da diversidade dos parasitos (Paulinauskas et al., 2007; Mantilla et al., 2013; Rodrigues et al., 2020). O sequenciamento dos produtos amplificados, seguido da comparação com bancos de dados como GenBank e MalAvi, é fundamental para a identificação taxonômica e para análises filogenéticas confiáveis (Ricklefs & Fallon, 2002; Bensch et al., 2009).

Essa abordagem integrada tem ampliado significativamente o conhecimento sobre os padrões ecológicos e evolutivos dos hemosporídeos em aves, além de fortalecer sua aplicação em contextos conservacionistas e de vigilância da fauna silvestre (Lotta et al., 2019; Valkiūnas, 2022).

2.2 Estudos moleculares sobre hemosporídeos em aves no Brasil

A pesquisa molecular tem redefinido de maneira profunda o estudo dos hemosporídeos aviários no Brasil (Tabela 3). Como destacam Braga et al. (2011), essas ferramentas trouxeram oportunidades estimáveis para a pesquisa, um avanço que se consolida com o uso paralelo de métodos baseados em reação em cadeia da polimerase em estudos da vida selvagem. O cerne dessa transformação reside na aplicação do sequenciamento de DNA, que, utilizando, principalmente, o gene mitocondrial citocromo b (*cytb*) como marcador padrão, permite a identificação de extensa diversidade de linhagens anteriormente não distinguidas por análise microscópica (Rodrigues et al., 2020). O desenvolvimento de ensaios sensíveis, como o PCR aninhado, provou ser fundamental para a realização de análises filogenéticas e a delimitação acurada de espécies, podendo revelar complexidades evolutivas e ecológicas até então indistinguíveis (Musa, 2023). Este diagnóstico molecular, por meio da amplificação de regiões altamente conservadas, é atualmente a base para a

detecção e caracterização de linhagens em hospedeiros aviários brasileiros (Belo et al., 2009; Lopes et al., 2020).

Um dos padrões mais consistentes gerados por essa abordagem é a descoberta incessante de uma diversidade críptica (Valkiunas et al., 2006; Paulinauskas et al., 2015). Pesquisas conduzidas no Brasil, como o de Dias et al. (2018), têm documentado de forma consistente linhagens previamente não caracterizadas. Outros estudos, focados em várias espécies do gênero *Turdus*, por exemplo, identificaram múltiplas linhagens de *Plasmodium* que ainda não foram associadas a uma morfoespécie conhecida (Tostes et al., 2018), um padrão que se repete em outros grupos de aves (Oliveira et al., 2020; Barino et al., 2020; Morel et al., 2021). Linhagens específicas de hemosporídeos, detectadas na América do Sul e no Brasil, simplesmente não haviam sido encontradas anteriormente em outras regiões do globo, contribuindo para uma revisão ascendente da diversidade parasitária regional e nos neotrópicos (Ellis et al., 2020; Lotta-Arévalo et al., 2023).

Contudo, esse panorama de descobertas compartilha uma significativa assimetria geográfica e taxonômica na amostragem (Valkiūnas & Iezhova, 2018). A subamostragem de certos biomas e grupos funcionais de aves representa uma lacuna crítica para a compreensão da amplitude real da diversidade parasitária (Mukhin et al., 2016). A Caatinga, por exemplo, um bioma semiárido único do Nordeste brasileiro, é amplamente reconhecida como um dos biomas menos explorados do Brasil (Dutra et al., 2023). Paralelamente, existe uma limitação a respeito das comunidades de hemoparasitos em aves cursoriais de grande porte, como os Cariamiformes (Vieira et al., 2025). Essas aves são consideradas pouco estudadas devido aos desafios da amostragem de campo com redes de neblina (Vieira et al., 2025), o que cria uma lacuna específica para essa ordem de aves. O vasto território brasileiro, com sua diversidade ecológica e a distribuição desigual tanto da avifauna quanto da infraestrutura de pesquisa, implica lacunas inevitáveis na cobertura amostral. Por isso, é essencial manter uma revisão contínua da qualidade e representatividade dos dados depositados em repositórios públicos, de modo a compreender de forma abrangente a riqueza parasitária e suas associações com os hospedeiros (Dutra et al., 2022). Entre os biomas brasileiros, a Mata Atlântica e o Cerrado concentram a maior parte dos estudos moleculares sobre hemosporídeos aviários, com investigações de ampla escala e elevado detalhamento metodológico como apresentado em trabalhos conduzidos em fragmentos florestais e centros de triagem em Minas Gerais, São

Paulo e Goiás (Lacorte et al., 2013; Chagas et al., 2017; Matoso et al., 2021; Barino et al., 2020; Alves, 2024; Vieira et al., 2025b). Essa predominância reflete o acesso mais facilitado às áreas de estudo e a consolidação de redes de pesquisa nesses biomas.

Em contrapartida, outros biomas permanecem sub-representados, o que limita comparações em escala continental e a identificação de padrões biogeográficos amplos. Avanços recentes em regiões como a Caatinga (Ferreira-Junior et al., 2017; Dutra et al., 2023), Amazônia (Anjos et al., 2023), Pantanal (Córdova et al., 2025; Hennig et al., 2024) e Pampa (Santos et al., 2025; Sgarioni et al., 2024) têm contribuído para preencher essas lacunas e demonstram a importância de ampliar os esforços amostrais para diferentes contextos ecológicos. Assim, em vez de refletir uma limitação metodológica, a concentração de estudos na Mata Atlântica e no Cerrado representa um ponto de partida sólido para a expansão do conhecimento sobre a biogeografia dos hemosporídeos aviários no Brasil.

No Brasil, o domínio de ferramentas modernas de sequenciamento e análises filogenéticas permitiu avanços robustos, como a descrição de múltiplas linhagens de parasitos (Lacorte et al., 2013), porém desafios substanciais persistem. A aquisição de dados genéticos mais abrangentes, crucial para a demarcação precisa de espécies, é desafiadora (Musa, 2023). Ainda que seja utilizado com métodos avançados, frequentemente, detectam parasitemias muito baixas que dificultam a identificação morfológica (Belo et al., 2009), além da ocorrência de coinfeções, representando obstáculos para a distinção de espécies morfológicamente parecidas (Valkiūnas et al., 2024). A caracterização morfológica de novas espécies em estágios de esporogonia e teciduais permanece em fase inicial de consolidação (Valkiūnas et al., 2024; Himmel et al., 2020). Somado a isso, aspectos da taxonomia e das características do ciclo de vida de espécies de hemosporídeos ainda necessitam de investigação mais minuciosa e ampla (Vieira et al., 2023).

A expansão da cobertura geográfica e taxonômica é fundamental, dado que a distribuição das espécies ainda não tem sido examinada de forma homogênea em todas as regiões (Fecchio, 2020). Nesse sentido, a diversificação dos marcadores moleculares representa uma oportunidade promissora para aprimorar a resolução filogenética e compreender melhor as relações evolutivas entre linhagens. Embora o gene *cytb* permaneça como o marcador mais amplamente utilizado e com eficácia comprovada para a identificação e comparação de linhagens (Chagas et al., 2019;

Clark et al., 2014), a incorporação de genes adicionais (nucleares ou mitocondriais) ainda se encontra em desenvolvimento e pode expandir significativamente o poder discriminatório das análises quando viabilizada.

Destaca-se, assim, a necessidade de integrar de forma mais abrangente os dados moleculares às dimensões ecológicas e epidemiológicas, de modo a superar abordagens estritamente descritivas e ampliar o entendimento dos determinantes ambientais das infecções. Estudos como os de Chahad-Ehlers et al. (2018), que consideram fatores como a adequação do habitat de vetores e as características da paisagem, fornecem subsídios importantes para compreender como as comunidades parasitárias se estruturam e interagem com hospedeiros neotropicais. Além disso, a combinação entre informações morfológicas e moleculares, aliada à formação de taxonomistas capacitados em ambas as abordagens, é amplamente reconhecida como essencial para o avanço do campo (Lacorte et al., 2013).

Tabela 3 - Panorama das pesquisas moleculares de hemosporídeos aviários no território brasileiro entre os anos de 2013 e 2025 em diferentes áreas e biomas.

Legenda: n - número amostral, T - prevalência total, H - prevalência do gênero *Haemoproteus*, P - prevalência do gênero *Plasmodium*. Números iguais de T e H correspondem a prevalência total equivalente à prevalência de um único gênero.

Autor(es)	Localização	Bioma	n	Prevalência (%)		
				T	H	P
Córdova et al. (2025)	Mimoso (MT) (16°12'41"S, 55°48'31"W) São Lourenço (MT) (16°44'33"S, 55°33'12"W)	Pantanal	300	10.9	4.7	6.2
Santos et al. (2025)	Áreas urbanas Pelotas (RS) (31°46'13"S, 52°6'15"W) Rio Grande (RS) (32°2'45"S, 52°6'15"W)	Pampa	57	92.9	92.9	-
Vieira et al. (2025a)	Centro de Triagem de Animais Silvestres (MG) Belo Horizonte (MG) (19° 56' 3.22" S, 43° 57' 6.28" W)	Mata Atlântica Cerrado	10	20	-	20
Vieira et al. (2025b)	Centro de Triagem de Animais Silvestres (MG) Belo Horizonte (MG) (19° 56' 3.22" S, 43° 57' 6.28" W)	Mata Atlântica Cerrado	75	37	-	-
Alves (2024)	Campus Florestal (UFV) (19°52'16"S, 44°25'26"W)	Cerrado Mata Atlântica	467	14	20.3	21.8
Hennig (2024)	Centro de Medicina e Pesquisa de Animais Silvestres (UFTM) e áreas circunvizinhas (15°36'26"S, 56°3'51"W)	Cerrado Pantanal	352	15.1	1.7	5.1
Hennig et al. (2024)	Áreas antropizadas Cuiabá (MT) (15°35' 46" S e 56°05' 48" W) Cáceres (MT) (16°04' 14" S e 57°40' 44" W)	Cerrado Pantanal	6	83,3	-	83,3

Sgarioni et al. (2024)	Unidade de Estabelecimento de Animais Marinhos (UNIVALI) Penha (SC) (26° 47' 18.19" S, 48° 36' 17.42" W) Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (CECLIMAR) Imbé (RS) (29° 58' 28.05" S, 50° 8' 14.84" W) Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) Imbé (RS) (29° 58' 23.29" S, 50° 13' 41.93" W) Banco Nacional de Amostras Biológicas de Albatrozes e Petréis (BAAP)	Mata Atlântica Pampa	95	2,1	2,1	-
Anjos et al. (2023)	Barragem Hidrelétrica de Balbina (1°54'56.7"S, 59°28'25"W)	Floresta Amazônica	445	2.9	-	2.9
Dutra et al. (2023)	Estação Ecológica do Seridó Serra Negra do Norte (RN) (6°34'36.2"S, 37°15'20.7"W)	Caatinga	880	51.2	61.6	38.4
Dutra et al. (2022)	Parque Estadual do Lajeado (TO) (10°6'S, 48°14'W) Parque Estadual do Cantão (TO) (10°26'S, 49°10'W) Fragmentos urbanos de Palmas (TO) (10°10'S, 48°19'W)	Cerrado	676	49	7	6
Dutra et al. (2021)	Diferentes localidades distribuídas em diferentes biomas	Floresta Amazônica Mata Atlântica Cerrado Campo Temperado Caatinga Pantanal	11012	15.3	-	-
Rodrigues et al. (2021)	Centro de Lançamento Barreira do Inferno (FAB) Parnamirim (RN) (5°55'S, 35°9'W)	Mata Atlântica	1466	22	4.57	2.38
Matoso et al. (2021)	Fragmentos urbanos de Minas Gerais Juiz de Fora (MG) (21°48'23"S, 43°15'45.7"W; 21°48'24.8"S, 43°19'34.1"W; 21°43'52.5"S, 43°22'16.2"W) Chácara (MG) (21°40'18.2"S, 43°13'14.2"W) Santa Bárbara do Monte Verde (MG) (21°58'51"S, 43°41'44.8"W)	Mata Atlântica	76	97.3	63.15	34.21
Carvalho et al. (2021)	Centro Triagem de Animais Silvestres (GO) (16°35'23"S, 49°11'43"W) Centro Triagem de Animais Silvestres (DF) (15°47'11.6"S, 48°3'28.1"W)	Cerrado	375	14.9	52.3	46.7
Anjos et al. (2021)	Parque Nacional da Serra do Mar (23°85'60"S, 46°83'90"W)	Mata Atlântica	399	50.3	23.5	48.5
Morel et al. (2021)	Aeroporto Internacional de Porto Alegre (29°59'36.4"S, 51°10'31.5"W) Centros de Recuperação de Porto Alegre (RS) (30°0'44.6"S, 51°10'42.6"W), Pelotas (RS) (31°48'3.8"S, 52°24'30.7"W) e São Francisco de Paula (RS) (29°27'24.3"S, 50°35'59"W)	Mata Atlântica	206	28	-	-
Fecchio et al. (2021)	Fragmentos de gradientes de urbanização Diferentes municípios dos estados de MG, DF, RN, MT e MA	Floresta Amazônica Caatinga Cerrado Pantanal	330	10.9	0.6	10.3

Lopes et al. (2020)	Centro de Lançamento Barreira do Inferno (FAB) Parnamirim (RN) (5°55'S, 35°9'W)	Mata Atlântica	1803	25	71	29
Penha et al. (2020)	Clube de Caça e Pesca Ipororó Uberlândia (MG) (18°59'S, 48°18'W)	Cerrado	148	-	-	-
Barino et al. (2020)	Centro de Triagem de Animais Silvestres (MG) Juiz de Fora (MG) (21°47'40.8"S, 43°22'53.1"W)	Mata Atlântica	54	72.2	72.2	-
Oliveira et al. (2020)	Fragmentos florestais Juiz de Fora (MG) (21°45'51"S, 43°21'1"W)	Mata Atlântica	117	56.4	1.7	55.5
Oliveira et al. (2019)	Fragmentos florestais de uma região do sudeste brasileiro (21°45'51"S, 43°21'1"W)	Mata Atlântica	84	4.7	-	4.7
Ferreira-Junior et al. (2017)	Parque Estadual da Mata Seca Manga (MG) (14°52'0.35"S, 44°2'3.6"W)	Caatinga	461	42	22.2	77.8
Tostes et al. (2017)	Centro de Triagem de Animais Silvestres (RJ) Seropédica (RJ) (22° 47' 32.76" S, 43° 38' 52.47" W)	Mata Atlântica	68	29.4	-	29.4
Chagas et al. (2017)	Zoológico de São Paulo (23°5'3,82" S, 45°35'39,62" W)	Mata Atlântica	677	12.6	-	-
Chagas et al. (2015)	Zoológico de São Paulo (23°5'3,82" S, 45°35'39,62" W)	Mata Atlântica	124	18	15	3
Lacorte et al. (2013)	Aracruz (ES) (19°49'23" S, 40°05'05" W) Brasilândia (MG) (17° 1' 10" S, 46° 0' 55" W) Bocaiúva (MG) (17°24'19" S, 43°56'23" W) Caratinga (MG) (19° 47' 24" S, 42° 8' 20" W) Felixlândia (MG) (18° 45' 28" S, 44° 53' 56" W) Jequitinhonha (MG) (16° 26' 2" S, 41° 0' 10" W) Manga (MG) (14° 45' 21" S, 43° 55' 55" W) Nova Lima (MG) (19° 59' 9" S, 43° 50' 49" W)	Mata Atlântica Floresta Tropical Seca Cerrado	1545	35,3	-	-

Fonte: Elaborada pela autora (2025).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

Investigar a ocorrência e a diversidade de hemoparasitos em aves silvestres de médio e grande porte resgatadas em ambientes urbanos e periurbanos da Zona da Mata mineira e mantidas no Centro de Triagem de Animais Silvestres de Juiz de Fora (CETAS-JF), utilizando abordagens morfológicas e moleculares complementares.

3.2 Objetivos específicos

Detectar infecções por hemoparasitos em amostras sanguíneas de aves por meio da microscopia fotônica e da técnica de *nested*-PCR.

Determinar a prevalência e a intensidade parasitária (parasitemia) por espécie de ave hospedeira, comparando os resultados obtidos pelos métodos morfológico e molecular.

Investigar a diversidade de linhagens (*cyt b*) e a posição filogenética dessas linhagens de hemosporídeos encontrados nas aves analisadas.

Avaliar a representatividade das ordens de aves amostradas no CETAS-JF, considerando fatores como origem urbana/periurbana e condição clínica, e discutir potenciais implicações epidemiológicas e conservacionistas.

Contribuir para o entendimento da diversidade, distribuição e potencial papel dos centros de triagem como pontos estratégicos de vigilância ecológica epidemiológica de hemoparasitos aviários no Sudeste do Brasil.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Local de coleta e manutenção dos animais

Foram utilizadas aves de médio (16,5-40 cm) e grande (40-56 cm) porte de diferentes ordens (Sick et al., 1997), exceto Psittaciformes. A ordem Psittaciformes foi sistematicamente excluída do conjunto amostral com base em evidências robustas de menor susceptibilidade fisiológica a hemosporidae e na raridade de registros de infecção natural, fatores que as tornam hospedeiras marginais nestes sistemas parasita-hospedeiro (Valkiunas, 2005; Atkinson, 1991; Clark et al., 2014). As aves foram procedentes do Centro de Triagem de Animais Silvestres de Juiz de Fora (CETAS-JF), Minas Gerais, Brasil (21° 47' 40.8" S; 43° 22' 53.1" W), no período compreendido entre os meses de agosto de 2024 e janeiro de 2025.

4.2 Coleta de amostras biológicas e avaliação do escore corporal

As aves foram contidas e posicionadas em decúbito dorsal com a asa flexionada para a coleta de amostra sanguínea ao CETAS-JF. Foi realizado o preparo asséptico da asa, com algodão embebido em álcool 70°G (Braga et al., 2010), para posterior obtenção da amostra do sangue periférico. A coleta foi realizada por punção da veia braquial com auxílio de agulha estéril hipodérmica (13 X 0,45mm (26 G 1/2) acoplada em seringa de 1 ml, respeitando o volume limite de 1% do peso corporal do animal, conforme estabelecido pelo Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade (SISBIO). A amostra sanguínea foi particionada para confecção de esfregaços sanguíneos, para análise morfológica, e deposição em cartões FTA®, para a análise molecular. Posteriormente, houve a liberação do animal para o recinto de manutenção. Cada ave amostrada recebeu um número de registro individual, acompanhado das informações disponíveis sobre histórico clínico, tratamentos médico-veterinários, sexo e procedência.

Antes da alocação nos recintos de triagem, foi realizado exame clínico abrangente, destinado à avaliação da condição corporal e do estado geral de saúde. A condição corporal das aves foi avaliada por meio de um sistema de pontuação de cinco níveis, adaptado de Grespan e Raso (2014) e Kaytee (2008), considerando a conformação da musculatura peitoral. O escore 1 (caquexia) correspondeu a

indivíduos com musculatura côncava sobre o ápice da quilha, indicativo de magreza acentuada e desnutrição. O escore 2 foi atribuído a aves com massa muscular reduzida, em que a quilha se apresentava facilmente palpável. O escore 3 descreveu exemplares com musculatura peitoral convexa, enquanto o escore 4, caracterizado pelo nivelamento da musculatura em relação à quilha, foi considerado, juntamente com o anterior, como condição corporal ideal. Por fim, o escore 5 indicou acúmulo excessivo de massa muscular, com o músculo ultrapassando o nível da quilha, representando obesidade. A presença de gordura subcutânea foi também observada nas regiões peitoral, esternal e abdominal como parâmetro adicional de sobrepeso (Grespan e Raso, 2014). Todas as amostras coletadas para a execução do trabalho foram disponibilizadas por doação pelo CETAS-JF sob autorização de número 82521118 no Processo SEI 2100.01.0001026/2024-43.

4.3 Análise morfológica e obtenção de imagens de formas parasitárias

Para as análises microscópicas, os esfregaços sanguíneos foram secados ao ar e fixados em metanol absoluto por 3 min, no local de coleta. Posteriormente, foram corados em Giemsa, diluído em água destilada na proporção de 1:9, durante 40 min (Valkiunas et. al., 2005). Os esfregaços foram examinados em microscópio BX-51 (Olympus, Tokyo, Japão), com aumento de 1000x, em 100 campos para detecção dos parasitos, observação das formas evolutivas e, para o cálculo da parasitemia (Godfrey et al., 1987) e da prevalência (Bush et al. 1997). O reconhecimento das formas morfológicas levou em consideração artigos e livros com identificações específicas para a ordem Haemosporida (Valkiunas, 2005; Valkiunas & Iezhova, 2018; 2022) e atlas hematológico (Clark et al., 2009; Campbell, 1995; 2014). As imagens dos parasitos foram obtidas em microscópio de luz Olympus BX-51TF, equipado com câmera digital Olympus DP74.

4.4 Extração de DNA, nPCR e sequenciamento

A extração do DNA genômico foi realizada com o auxílio do kit PureLink® Genomic DNA Mini Kit (Invitrogen), utilizando *punches* estéreis de 3 mm dos cartões FTA® embebidos com sangue das aves, estritamente conforme as orientações do fabricante.

Para a detecção molecular, as amostras foram submetidas à técnica de *nested*-PCR (nPCR), visando amplificar um fragmento do gene mitocondrial citocromo b (*cyt-b*). A primeira etapa da reação empregou os *primers* inespecíficos HaemFNI e HaemNR3, desenhados para detectar uma ampla gama de espécies dos gêneros *Plasmodium* spp., *Haemoproteus* spp. e *Leucocytozoon* spp., gerando um produto de aproximadamente 618 pares de base (pb), conforme descrito por Hellgren et al. (2004). As reações, com volume total de 25 µl, continham tampão de PCR 1X, 1,5 U da enzima Platinum™ Taq DNA Polimerase, 0,4 mM de dNTPs, 1,0 µM de cada *primer*, 3 mM de MgCl₂ e 2 µl de DNA genômico. Na segunda amplificação, foram utilizados os *primers* específicos HaemF e HaemR2, que amplificam um segmento de cerca de 525 pb do gene *cytb* (Hellgreen et al., 2004). A composição da reação manteve-se idêntica, com exceção da concentração dos *primers*, ajustada para 0,5 µM.

O perfil de termociclagem para ambas as reações consistiu em desnaturação inicial a 94 °C por 5 minutos, seguida por 35 ciclos de 94 °C por 30 segundos, 52 °C por 30 segundos e 72 °C por 45 segundos, com uma extensão final a 72 °C por 10 minutos. Para controle de qualidade, foram incluídos DNA de *Plasmodium gallinaceum* (controle positivo) e água livre de DNA (controle negativo) em todas as rodadas, que foram processadas no termociclador Veriti 96® (Applied Biosystems).

Os produtos da segunda etapa da nPCR foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 1,5% por 60 minutos a 75 V (5 V/cm). Após a corrida, os géis foram corados com brometo de etídio (0,4 mg/ml) e documentados sob luz ultravioleta no sistema E-Gel® Imager (Life Technology – ThermoFisher Scientific). Para aferição do tamanho dos fragmentos, utilizou-se o marcador 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen).

Finalmente, os produtos de amplificação das amostras positivas foram purificados com o kit ExoSAP-IT® Express e submetidos ao sequenciamento bidirecional no equipamento ABI 3730 DNA Analyser (Applied Biosystems), utilizando os mesmos *primers* da segunda PCR (HaemF e HaemR2) e o kit BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit. Todo o processo de sequenciamento, baseado na técnica de Sanger, foi conduzido na plataforma do Instituto Oswaldo Cruz (Rio de Janeiro), utilizando o sequenciador ABI 3730 28 DNA Analyser, (Life Technologies – Applied Biosystems®).

4.5 Análises filogenéticas

As vinte e quatro novas sequências obtidas nesse estudo foram editadas e incorporadas a dois datasets distintos, a saber: (i) 11 novas sequências de *Haemoproteus* obtidas no presente estudo, sequências de ao menos uma morfoespécie (espécies nominais) de *Haemoproteus* disponíveis no MalAvi (Bensch et al., 2009), linhagens de *Haemoproteus* registradas nas mesmas espécies de aves desse estudo disponíveis no MalAvi (BENSCH et al., 2009) e no GenBank (NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), bem como linhagens de *Leucocytozoon* como grupo externo; e (ii) 13 novas sequências de *Plasmodium* obtidas no presente estudo, sequências de ao menos uma morfoespécie (espécies nominais) de *Plasmodium* disponíveis no MalAvi (Bensch et al., 2009), linhagens de *Plasmodium* registradas nas mesmas espécies de aves desse estudo disponíveis no MalAvi (Bensch et al., 2009) e no GenBank (NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), bem como linhagens de *Leucocytozoon* como grupo externo. Nos grupos-externos dos dois datasets foram incluídas cinco linhagens de *Leucocytozoon*.

Os códigos das linhagens foram atribuídos conforme o banco de dados MalAvi, acompanhados das respectivas denominações das espécies de parasitos, dos números de acesso das sequências no GenBank e das informações sobre o hospedeiro associado.

Como *outgroup*, incluímos cinco linhagens de *Leucocytozoon* (Leucocytozoidae), linhagem-irmã externa a Haemoproteidae/Plasmodiidae, garantindo enraizamento estável da filogenia baseada em *cytb*. O alinhamento das sequências foi realizado no MAFFT (Katoh et al., 2019) com configurações padrão, seguido de inspeção visual. Regiões mal alinhadas foram removidas utilizando o Gblocks (Talavera & Castresana, 2007), resultando em uma matriz final de aproximadamente 479 pares de bases. As árvores filogenéticas foram estimadas por Máxima Verossimilhança, adotando o modelo de substituição de nucleotídeos selecionado como o mais adequado (TIM2 + G + I para *Haemoproteus* spp. e, GTR + G + I, para *Plasmodium* spp.) pelo IQ-TREE (Minh et al. 2020). A robustez dos nós foi avaliada por bootstrap com 1.000 réplicas, mantendo as sequências de *Leucocytozoon* spp. como grupo externo.

4.6 Análises estatísticas

Para avaliar a concordância diagnóstica entre a microscopia e o nested-PCR, os resultados foram organizados em tabelas de contingência 2×2. A concordância global foi estimada pelo coeficiente Kappa de Cohen, considerando-se a interpretação proposta por Landis e Koch (1977). O teste de McNemar foi aplicado para examinar a simetria das discordâncias entre os métodos, adequado para dados pareados. Além disso, tomando o *nested*-PCR como referência, foram calculadas a sensibilidade, a especificidade e os valores preditivos positivo e negativo da microscopia, acompanhados de seus respectivos intervalos de confiança. Todas as análises foram conduzidas no RStudio, utilizando-se os pacotes irr, caret e epiR.

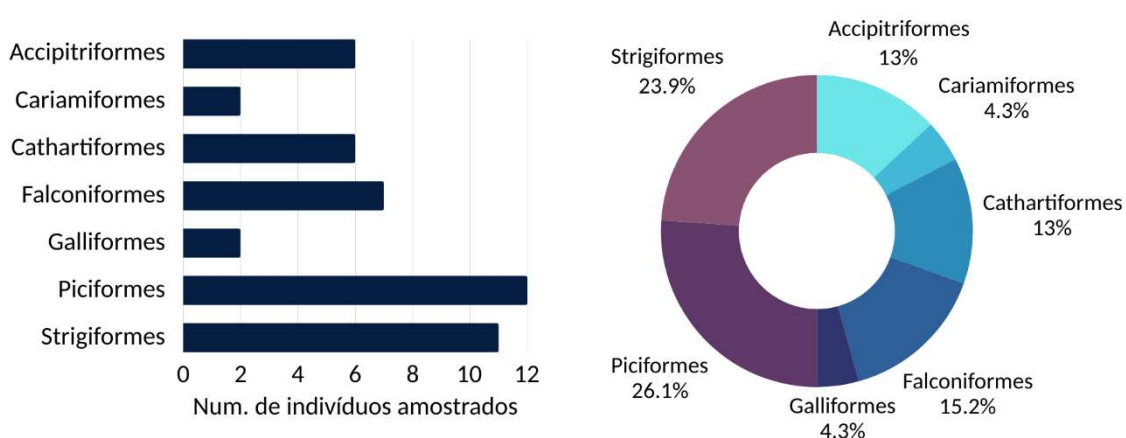
5 RESULTADOS

5.1 Perfil das aves amostradas

Foram analisados 46 indivíduos, distribuídos em sete ordens e 16 espécies. Todas as aves foram resgatadas em regiões urbanas e periurbanas. As ordens foram Piciformes, com 12 indivíduos (26,08%), e Strigiformes, com 11 (23,91%), seguidas por Falconiformes, com sete (15,21%), Cathartiformes e Accipitriformes, ambas com seis indivíduos (13,04%), e, por último, Cariamiformes e Galliformes, com dois indivíduos cada (4,34%) (Figura 5). Em relação às espécies, o maior número amostrado foi para *Ramphastos toco* (Statius Müller, 1776) (n=9; 19,57%), *Coragyps atratus* (Bechstein, 1793) (n=6; 13,04%), *Megascops choliba* (Vieillot, 1817) (n=5; 10,86%), seguido por *Milvago chimachima* (Vieillot, 1816) e *Rupornis magnirostris* (Gmelin, 1788) (n=4; 8,69%). Outras espécies apresentaram registros menos frequentes, como *Pteroglossus bailloni* (Vieillot, 1819) (n=3), *Athene cunicularia* (Molina, 1782) (n=2), *Glaucidium brasilianum* (Gmelin, 1788) (n=3) e *Cariama cristata* (Linnaeus, 1766) (n=2). Espécies com ocorrência pontual (n=1) incluíram *Geranoaetus albicaudatus* (Vieillot, 1816), *Ictinia plumbea* (Gmelin, 1788), *Falco ruficularis* (Daudin, 1800), *Penelope obscura* (Temminck, 1815), *Crax fasciolata* (Spix, 1825) e *Tyto alba* (Scopoli, 1769). A avaliação das condições de saúde revelou que 63,04% (n = 29) dos indivíduos foram considerados clinicamente saudáveis, enquanto 36,96% (n = 17) apresentavam algum tipo de lesão ou condição patológica evidente.

Além disso, 32% (8/25) das aves com diagnóstico positivo apresentaram escore corporal comprometido, onde concentraram-se as maiores parasitemias (Tabela 4). Com relação ao tempo de permanência no CETAS, 63,04% (29/46) das aves amostradas apresentaram curta permanência (de até 21 dias) na instituição desde a entrada na instituição até a coleta das amostras, enquanto 36,95% (17/46) permaneceram por mais de 21 dias sob cuidados institucionais.

Figura 5 – Distribuição das ordens de aves examinadas no CETAS-JF por número e porcentagem.



Fonte: Elaborada pela autora (2025).

Tabela 4 - Classificação e status (IUCN), tipo de migração, origem de captura por espécies, condição de saúde e tempo de permanência até a coleta das aves amostradas no CETAS-JF.

Ordem/Espécie (Nome comum)	Classificação IUCN Tipo de migração	ID (indivíduo)	Origem de captura	Condição de saúde	Escore corporal	Tempo de permanência no CETAS antes da coleta
Accipitriformes						
<i>Ictinia plumbea</i> (Sovi)	Pouco preocupante (LC) Migrante total	H33	Matias Barbosa (MG)	Lesionado	2	4 dias
<i>Geranoaetus albicaudatus</i> (Gavião-da-cauda-branca)	Pouco preocupante (LC) Migrante total	H1	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	3	29 dias
<i>Rupornis magnirostris</i> (Gavião-carijó)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H15	Muriaé (MG)	Saudável	3	170 dias
		H30	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	3	32 dias
		H42	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	14 dias
		H45	Juiz de Fora (MG)	Saudável	4	36 dias
Cariamiformes						
<i>Cariama cristata</i> (Seriema)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H10	Barbacena (MG)	Lesionado	3	14 dias
		H11	Barbacena (MG)	Lesionado	1	14 dias
Cathartiformes						
<i>Coragyps atratus</i> (Urubu-da-cabeça-preta)	Pouco preocupante (LC) Migrante total	H6	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	1	25 dias
		H7	Juiz de Fora (MG)	Saudável	4	7 dias
		H8	Juiz de Fora (MG)	Saudável	4	4 dias
		H23	Volta Grande (MG)	Lesionado	1	13 dias

		H24	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	2	4 dias
		H25	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	4 dias
Falconiformes						
Caracara plancus (Carará)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H3	Santos Dumont (MG)	Saudável	3	5 dias
		H9	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	4	24 dias
Falco rufigularis (Cauré)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H13	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	3	44 dias
Milvago chimachima (Gavião-carrapateiro)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H28	Ubá (MG)	Saudável	3	3 dias
		H41	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	41 dias
		H43	Juiz de Fora (MG)	Saudável	2	41 dias
		H44	Ubá (MG)	Saudável	3	79 dias
Galliformes						
Penelope obscura (Jacu)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H14	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	1	21 dias
Crax fasciolata (Mutum-de-penacho)	Vulnerável (VU) Não-migratória	H48	Astolfo Dutra (MG)	Saudável	2	28 dias
Piciformes						
Ramphastos toco (Tucano-toco)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H16	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	3	36 dias
		H31	Santos Dumont (MG)	Saudável	4	3 dias
		H32	Muriaé (MG)	Saudável	3	10 dias
		H34	Juiz de Fora (MG)	Saudável	2	8 dias
		H35	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	8 dias
		H36	Santos Dumont (MG)	Saudável	3	3 dias

		H37	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	8 dias
		H39	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	11 dias
		H47	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	2 dias
<i>Pteroglossus bailloni</i> (Araçari-banana)	Quase ameaçado (NT) Não-migratória	H17	Juiz de Fora (MG)	Saudável	4	7 dias
		H18	Juiz de Fora (MG)	Saudável	4	7 dias
		H19	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	7 dias
Strigiformes						
<i>Athene cunicularia</i> (Coruja-buraqueira)	Pouco preocupante (LC) Migrante total	H21	Juiz de Fora (MG)	Saudável	2	5 dias
		H22	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	3	10 dias
<i>Glaucidium brasilianum</i> (Caburé)	Pouco preocupante (LC) Migrante total	H26	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	4 dias
		H40	Juiz de Fora (MG)	Saudável	2	3 dias
		H46	Leopoldina (MG)	Lesionado	3	6 dias
<i>Megascops choliba</i> (Corujinha-buraqueira)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H12	Lima Duarte (MG)	Lesionado	2	84 dias
		H20	Juiz de Fora (MG)	Lesionado	3	5 dias
		H27	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	25 dias
		H29	Juiz de Fora (MG)	Saudável	2	51 dias
		H38	Juiz de Fora (MG)	Saudável	3	1 dia

<i>Tyto alba</i> (Coruja-suindara)	Pouco preocupante (LC) Não-migratória	H2	Patos de Minas (MG)	Saudável	3	252 dias
---------------------------------------	--	----	---------------------	----------	---	----------

Fonte: Elaborada pela autora (2025).

5.2 Análises microscópicas

Dentre os 46 indivíduos amostrados, sete apresentaram infecções por hemoparasitos da ordem Haemosporida, com prevalência de total de 15,21%. As infecções foram distribuídas entre diferentes ordens taxonômicas, com prevalência de 100% (2/2) na ordem Cariamiformes, representada exclusivamente por *C. cristata*. Na ordem Falconiformes, a prevalência foi de 57,14% (4/7), com registros positivos em *F. ruficularis* (100%; 1/1) e *M. chimachima* (25%; 1/4). A ordem Galliformes apresentou prevalência de 50% (1/2), com infecção detectada em *P. obscura* (100%; 1/1), enquanto em Strigiformes a prevalência foi de 27,27% (3/11), restrita à espécie *M. choliba* (60%; 3/5) (Tabela 3).

A ordem Cariamiformes apresentou a maior intensidade parasitária (27,2%), com *C. cristata* apresentando a maior intensidade parasitária individual (54,98%) entre os indivíduos positivos amostrados. Os indivíduos das ordens Galliformes e Strigiformes apresentaram intensidade parasitária média de 9,02% e 18,77%, respectivamente (Tabela 5). A parasitemia individual apresentou ampla variação entre os indivíduos positivos. Em *C. cristata*, os dois exemplares infectados exibiram os valores extremos observados, com taxas de 0,03% e 54,98%. O único indivíduo de *P. obscura* apresentou 9,02%, enquanto *M. choliba* registrou 11,89% e 44,37%. Já *M. chimachima* apresentou a menor intensidade parasitária de 0,005%.

Para a identificação morfológica, foram encontradas formas em diferentes estádios de desenvolvimento compatíveis com características do gênero *Plasmodium* (Figura 6) e gênero *Haemoproteus* (Figura 7 e 8). Além disso, no único espécime examinado de *P. obscura*, foi detectada coinfecção por *Haemoproteus* sp., *Trypanosoma* sp. e microfilárias em 2,2% do total das aves (Figura 10).

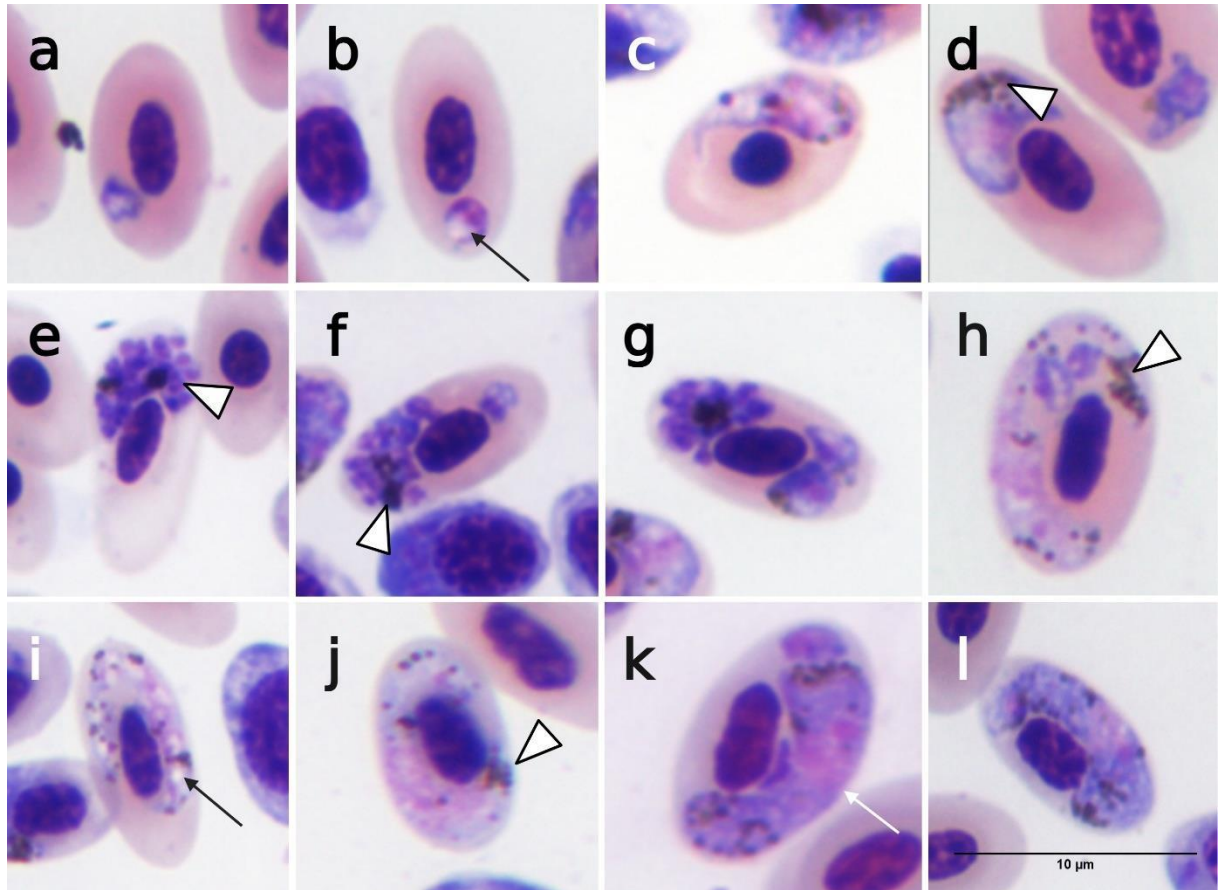
Tabela 5 - Dados relacionados às análises microscópicas e exame de nested-PCR de aves positivas amostradas no CETAS-JF.
Legenda: n - número de amostras.

Ordem/Família	Espécie/ Nome comum	n	Microscopia				nPCR	
			(+)	Prevalência (%)	Parasitemia por indivíduo	(+)	Prevalência (%)	Linhagens identificadas por indivíduo
Accipitriformes								
Accipitridae	<i>Ictinia plumbea</i> (Sovi)	1	0	0	-	1	100	(H33) <i>Haemoproteus</i> sp
	<i>Geranoaetus albicaudatus</i> (Gavião-de-cauda-branca)	1	0	0	-	0	0	-
	<i>Rupornis magnirostris</i> (Gavião-carijó)	4	0	0	-	4	100	(H15) <i>Haemoproteus</i> sp. (H30) <i>Haemoproteus</i> sp. (H42) <i>Plasmodium</i> sp. (H45) <i>Plasmodium</i> sp.
Cariamiformes								
Cariamidae	<i>Cariama cristata</i> (Seriema)	2	2	100	(H10) 0,03 (H11) 54,98	2	100	(H10) <i>Plasmodium</i> sp. (H11) <i>Plasmodium</i> sp.
Cathartiformes								
Carthartidae	<i>Coragyps atratus</i> (Urubu-da-cabeça-preta)	6	0	0	-	0	0	-
Falconiformes								
Falconidae	<i>Caracara plancus</i> (Carará)	2	0	0	-	0	0	-
	<i>Falco rufigularis</i> (Cauré)	1	0	0	-	1	100	(H13) <i>Haemoproteus</i> sp.

	<i>Milvago chimachima</i> (Gavião-carrapateiro)	4	1	25	(H43) 0,005	3	75	(H41) <i>Plasmodium</i> sp. (H42) <i>Plasmodium</i> sp. (H44) <i>Plasmodium</i> sp.
Galliformes								
Cracidae	<i>Penelope obscura</i> (Jacu)	1	1	100	(H14) 9,02	1	100	(H14) <i>Haemoproteus</i> sp.
	<i>Crax fasciolata</i> (Mutum-de-penacho)	1	0	0	-	1	100	(H48) <i>Haemoproteus</i> sp.
Piciformes								
Ramphastidae	<i>Ramphastos toco</i> (Tucano-toco)	9	0	0	-	4	44,44	(H16) <i>Plasmodium</i> sp. (H34) <i>Haemoproteus</i> sp. (H35) <i>Plasmodium</i> sp. (H36) <i>Haemoproteus</i> sp.
	<i>Pteroglossus bailloni</i> (Araçari-banana)	3	0	0	-	3	100	(H17) <i>Plasmodium</i> sp. (H18) <i>Plasmodium</i> sp. (H19) <i>Plasmodium</i> sp.
Strigiformes								
Strigidae	<i>Athene cunicularia</i> (Coruja-buraqueira)	2	0	0	-	0	0	-
	<i>Glaucidium brasilianum</i> (Caburé)	3	0	0	-	1	33,33	(H46) <i>Haemoproteus</i> sp.
	<i>Megascops choliba</i> (Corujinha-buraqueira)	5	3	60	(H12) 11,89 (H20) 0,11 (H29) 44,37	3	60	(H12) <i>Haemoproteus</i> sp. (H29) <i>Haemoproteus</i> sp. (H38) <i>Plasmodium</i> sp.
Tytonidae	<i>Tyto alba</i> (Coruja-suindara)	1	0	0	-	0	0	-

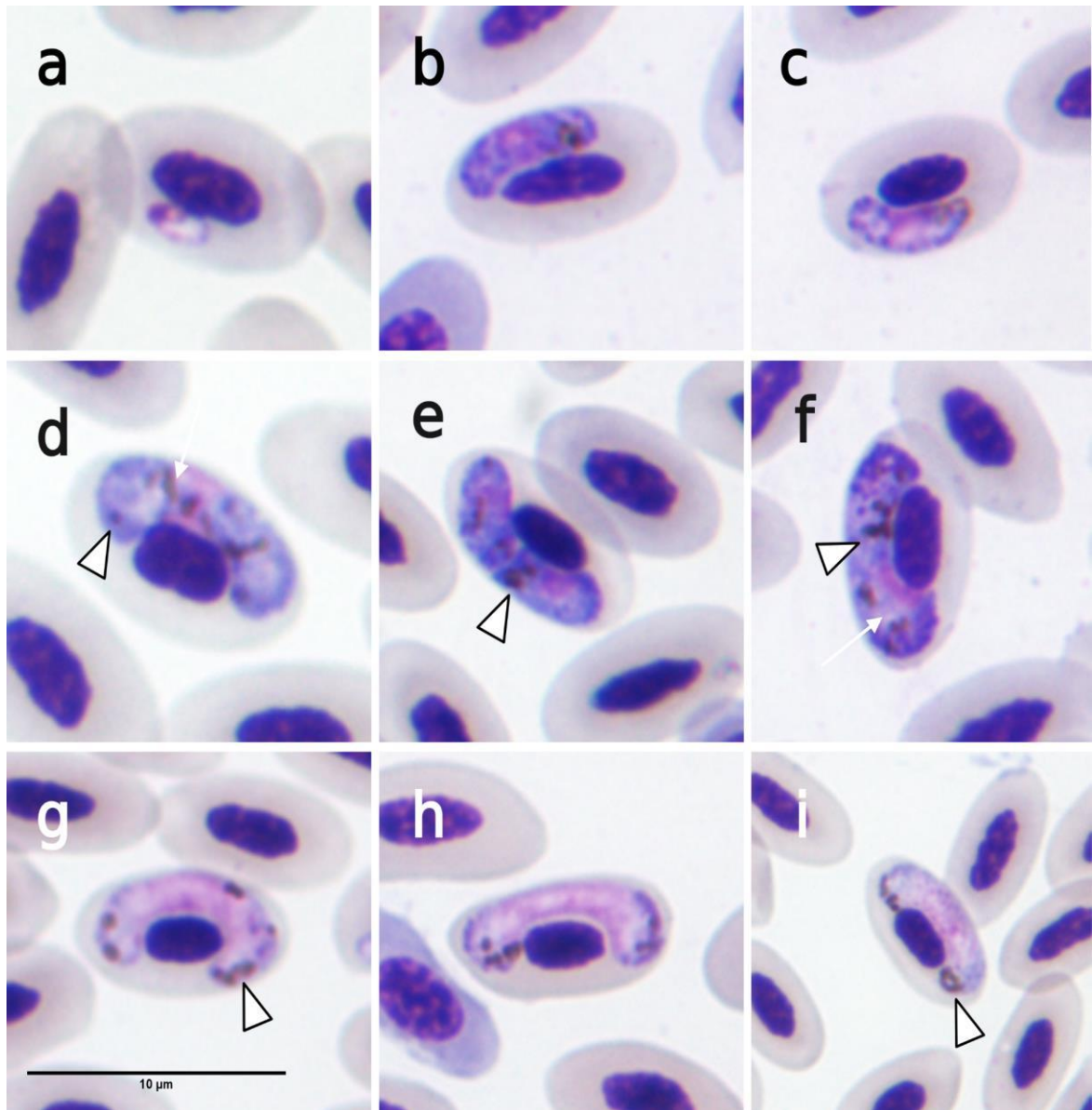
Fonte: Elaborada pela autora (2025).

Figura 6 – Formas evolutivas de *Plasmodium* sp. em *Cariama cristata* (a-d) Gametócitos jovens. (e-g) Merontes. (h-j) Microgametócitos. (k, l) Macrogametócitos. Seta preta, vacúolos; seta branca, núcleo parasitário; ponta de seta branca, grânulos de pigmento. Coloração: Giemsa. Barra de escala = 10µm.



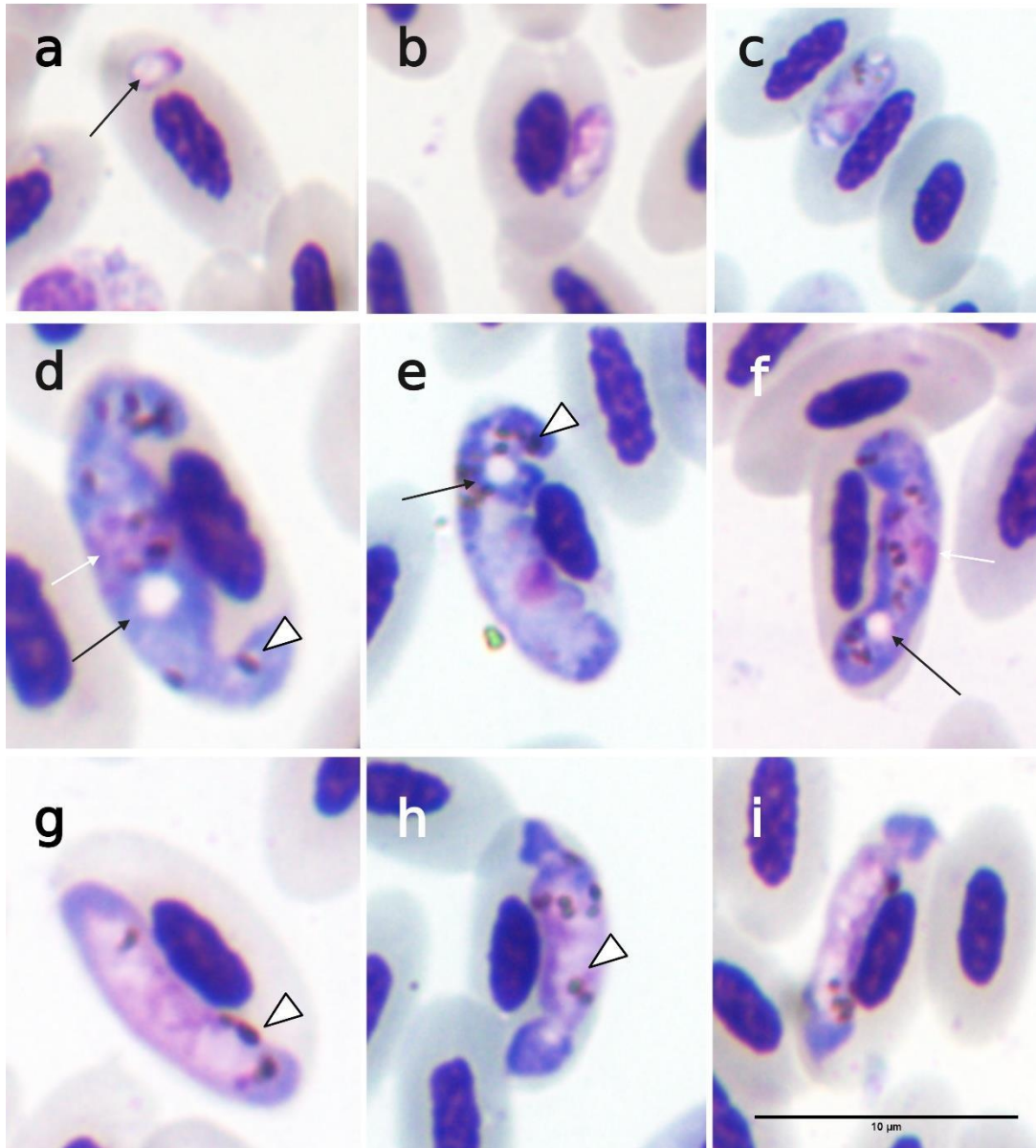
Fonte: Elaborado pela autora (2024).

Figura 7 – Formas evolutivas de *Haemoproteus* sp. em *Megascops choliba*. (a-c) Gametócitos jovens. (g-i) Microgametócitos. (d-f) Macrogametócitos. Seta branca, núcleo parasitário; ponta de seta branca, grânulos de pigmento. Aumento de 1000x. Coloração: Giemsa. Barra de escala = 10 μ m.



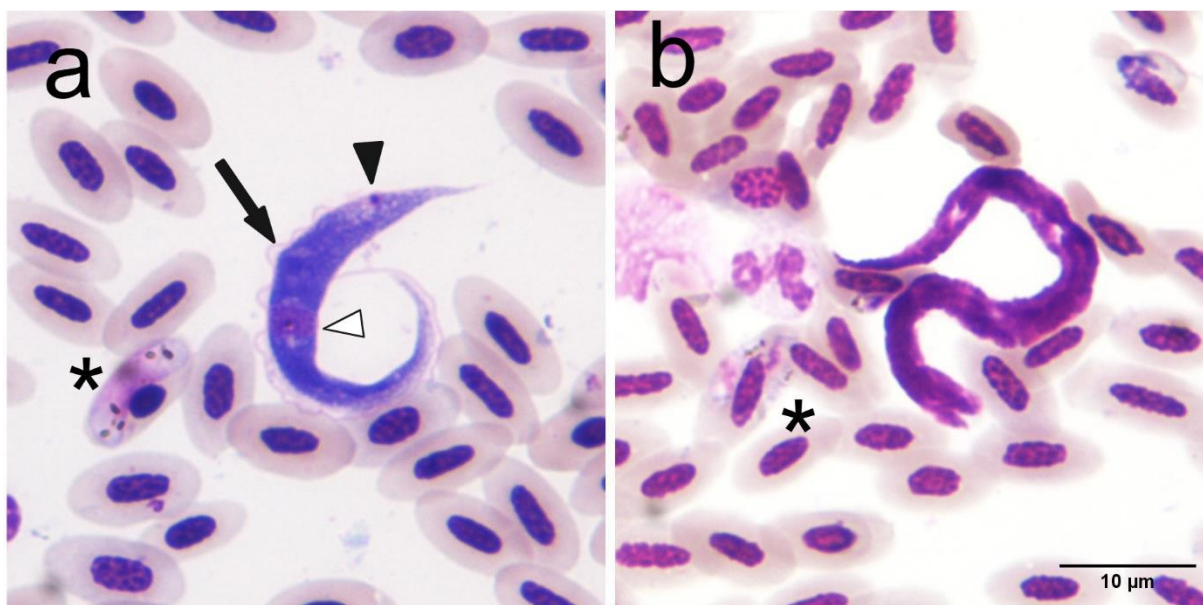
Fonte: Elaborado pela autora (2024).

Figura 8 – Formas evolutivas de *Haemoproteus* sp. em *Penelope obscura*. (a-c) Gametócitos jovens. (g-i) Microgametócitos. (d-f) Macrogametócitos. Seta preta, vacúolos; seta branca, núcleo parasitário; ponta de seta branca, grânulos de pigmento. Aumento de 1000x. Coloração: Giemsa. Barra de escala = 10 μ m.



Fonte: Elaborada pela autora (2024).

Figura 9 – Coinfecção em um espécime de *Penelope obscura*. a) Forma tripomastigota de *Trypanosoma* spp. b) Microfilária. Seta preta: Membrana ondulante. Ponta de seta preta: cinetoplasto. Ponta de seta branca: Núcleo parasitário. Asterisco: Eritrócito infectado por *Haemoproteus* sp. Fotomicrografia realizada em aumento de 1000x. Coloração: Giemsa. Barra de escala = 10 µm.



Fonte: Elaborado pela autora (2024).

5.3 Análises moleculares

A análise molecular por nested-PCR detectou 24 indivíduos positivos para hemosporídeos, correspondendo a uma prevalência total de 52,17% do conjunto amostral ($n = 46$). As infecções foram distribuídas entre seis ordens taxonômicas, com variação na frequência de indivíduos positivos entre ordens e espécies. A ordem Accipitriformes apresentou prevalência de 83,33% (5/6), com registros positivos em *Ictinia plumbea* (100%; 1/1) e *Rupornis magnirostris* (100%; 4/4). Em Cariamiformes, todos os indivíduos amostrados foram positivos (100%; 2/2), ambos pertencentes à espécie *Cariama cristata*.

A ordem Falconiformes apresentou prevalência de 57,14% (4/7), com infecções detectadas em *Falco ruficularis* (100%; 1/1) e *Milvago chimachima* (75%; 3/4). Em Galliformes, a prevalência também foi de 100% (2/2), com registros positivos em *Penelope obscura* (100%; 1/1) e *Crax fasciolata* (100%; 1/1).

Entre os Piciformes, 58,33% dos indivíduos foram positivos (7/12), incluindo *Ramphastos toco* (44,44%; 4/9) e *Pteroglossus bailloni* (100%; 3/3). A ordem Strigiformes apresentou prevalência de 36,36% (4/11), com infecções detectadas em *Glaucidium brasilianum* (33,33%; 1/3) e *Megascops choliba* (60%; 3/5). Não foram detectadas infecções nos indivíduos pertencentes à ordem Cathartiformes.

Em relação à condição clínica, entre os indivíduos positivos na nPCR, 58,33% apresentaram algum tipo de lesão visível no momento da avaliação, enquanto 41,66% foram considerados clinicamente saudáveis (Tabela 5).

5.4 Comparação entre os métodos e análises estatísticas

No conjunto de 46 aves, 25/46 (54,34%) foram positivas em pelo menos um dos métodos. A análise das combinações mostrou 6/46 (13,04%) positivas em ambos, 18/46 (39,13%) positivas apenas na nPCR, 1/46 (2,17%) positiva apenas na microscopia e 21/46 (45,65%) negativas em ambos os testes. Assim, entre os 25 positivos totais, 72% foram exclusivos da nPCR (18/25), 24% positivos nos dois testes (6/25) e 4% exclusivos da microscopia (1/25). Esses números são consistentes com os totais por método: microscopia 7/46 (15,21%) e nPCR 24/46 (52,17%), com 6 coincidências positivas e 1 positivo microscópico não confirmado pela nPCR. Quanto à parasitemia nos casos positivos na microscopia, foram observados extremos em *C. cristata* (0,03% e 54,98%), valores intermediários em *P. obscura* (9,02%) e *M. choliba* (11,89% e 44,37%), além de valor muito baixo em *M. chimachima* (0,005%). Entre os 7 positivos na microscopia, 6 foram também positivos na nPCR e 1 foi exclusivo da microscopia. Considerando o recorte por condição clínica, entre as aves positivas na microscopia, 71,42% foram classificadas como clinicamente saudáveis e 28,57% apresentaram algum tipo de lesão. Em contraste, entre as aves positivas na nested-PCR, 41,66% foram consideradas saudáveis e 58,33% apresentaram lesões. As proporções se referiram exclusivamente aos indivíduos positivos em cada método diagnóstico, sem inferência estatística entre condição clínica e status de infecção. O teste de McNemar, com e sem correção de continuidade, demonstrou discordância altamente significativa entre as técnicas ($\chi^2 = 13,474$; $p = 0,00024$ e $\chi^2 = 15,211$; $p < 0,0001$, respectivamente). Resultado corroborado pelo teste binomial exato ($p = 7,63e-05$). O coeficiente Kappa de Cohen ($\kappa = 0,198$; IC95%: 0,004–0,392; $p = 0,0537$) indicou concordância fraca e não significativa entre os métodos. As métricas de

desempenho da microscopia, utilizando o nPCR como referência, revelaram sensibilidade de 25% (IC95%: 10,0–47,0) e especificidade de 95,5% (IC95%: 77,0–100,0). O valor preditivo positivo foi de 85,7% (IC95%: 42,0–100,0), enquanto o valor preditivo negativo atingiu 53,8% (IC95%: 37,0–70,0). A acurácia global foi de 58,7% (IC95%: 43,0–73,0).

5.5 Análises filogenéticas

Em relação à análise filogenética de *Haemoproteus* spp., baseada no gene mitocondrial citocromo b, as sequências obtidas no presente estudo agruparam-se em clados compartilhados com sequências de referência previamente depositadas no GenBank, incluindo registros de *Haemoproteus paraortalidum* (MH036944.1), *Haemoproteus syrnii* (KJ575554.1, PP317157.1, PV839544.1), *Haemoproteus tyranni* (ON703104.1) e *Parahaemoproteus* sp. (MN458784.1), entre outros, em indivíduos amostrados de diferentes regiões geográficas (Figura 10). Entretanto, dentro desses agrupamentos, as linhagens recuperadas formaram clados monofiléticos bem suportados na inferência por máxima verossimilhança com *cytb*, apresentando altos valores de *bootstrap*, em concordância com o padrão reportado para *Haemoproteus/Parahaemoproteus*.

As linhagens de *Haemoproteus* analisadas dividiram-se em dois clados principais. O Clado 1A foi representado exclusivamente pela linhagem hPENOB01, associada ao hospedeiro da espécie *P. obscura*. Esse agrupamento apresentou suporte máximo (*bootstrap* = 100) e posicionou-se no mesmo ramo que sequências de referência identificadas como *H. paraortalidum* de *Pipile jacutinga* (MH036944.1) e *Lanio versicolor* (TOFLA03), além de registros de *Haemoproteus* sp. de *Tolmomyias flaviventris* (Figura 12).

O Clado 1B exibiu suporte elevado (*bootstrap* = 98) e reuniu 10 linhagens do presente estudo (hFALRUF01, hRAMTOC01, hRUPMAG01, hMEGCHO01, hRAMTOC02, hRUPMAG02, hGLABRA01, hICTPLU01, hCRAFAS01 e hMEGCHO02). Essas sequências agruparam-se com referências associadas a diferentes espécies de aves, como *Coeligena coeligena*, *Megascops choliba*, *Gubernatrix cristata* e *Pitangus sulphuratus*. Dentro deste agrupamento, destacou-se a proximidade de algumas linhagens com referências atribuídas a *Haemoproteus*

syrmii (KJ575554.1), reforçando a posição desse conjunto em relação a linhagens previamente descritas no GenBank (Figura 11).

Quanto às sequências de *Plasmodium* spp., também se posicionaram em clados compartilhados com sequências de referência previamente registradas no GenBank, incluindo *Plasmodium huffi* (PQ241456.1, PQ246704.1, PQ246703.1, PQ015602.1, MZ475935.1), *Plasmodium nucleophilum* (KX159488.1, KX159496.1, MT919273.1) e *Plasmodium paranucleophilum* (KX159495.1, KX159494.1, KX159491.1, KX159490.1, KX159492.1, OP779112.1). A análise de máxima verossimilhança evidenciou dois agrupamentos principais.

O Clado 2A foi representado pela linhagem pRUPMAG01, que apresentou suporte intermediário (*bootstrap* = 66) e agrupou-se com uma sequência de referência detectada em *Megascops choliba* (P_ARDALB01). Esse colado que inclui a nova sequência de *Plasmodium* encontrado no presente estudo de grupo com linhagens *Plasmodium paranucleophilum*. (Figura 12).

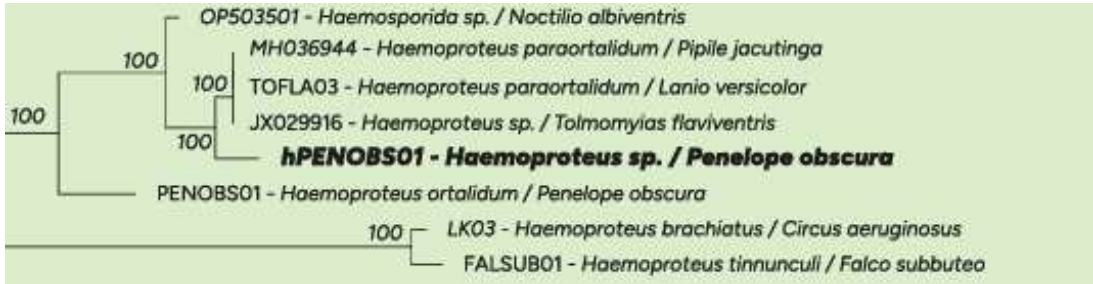
O Clado 2B apresentou suporte moderado (*bootstrap* = 65) e incluiu 12 linhagens do presente estudo (pPTEBAI01, pCARCRI01, pRAMTOC01, pPTEBAI02, hMILCHI01, pMEGCHO01, pMILCHI02, pRAMTOC02, pMILCHI03, pRUPMAG02, pCARCRI02, pPTEBAI03). Esse agrupamento integrou ainda sequências de referência identificadas como *P. huffi* de *C. cristata* (PQ241456.1; PQ246703.1), bem como registros de *Plasmodium* sp. em *Leptotila verreauxi*, *Nycticorax nycticorax* e *Neochen jubata*, totalizando 23 terminais no conjunto.

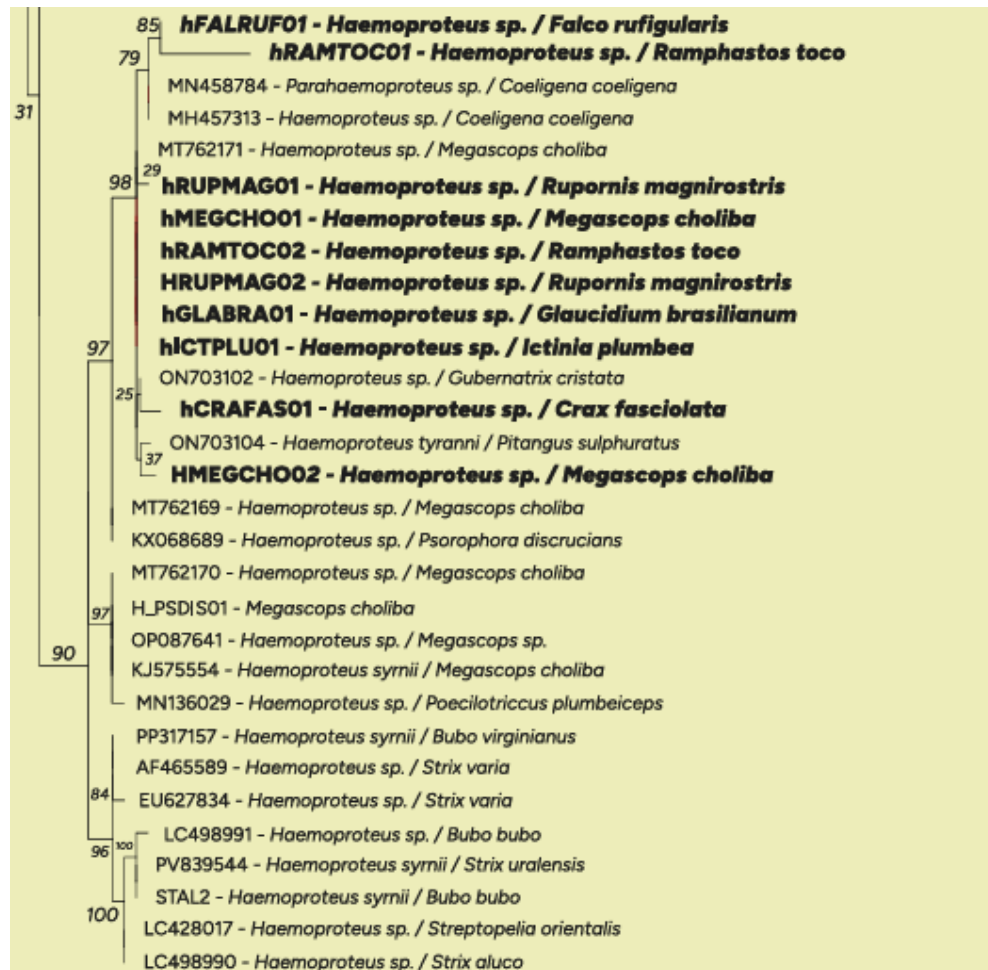
Figura 10 – Gráfico de distribuição dos clados 1A, 1B, 2A e 2B por espécies de aves amostradas e localidades de ocorrência no estudo.



Fonte: Elaborada pela autora (2025).

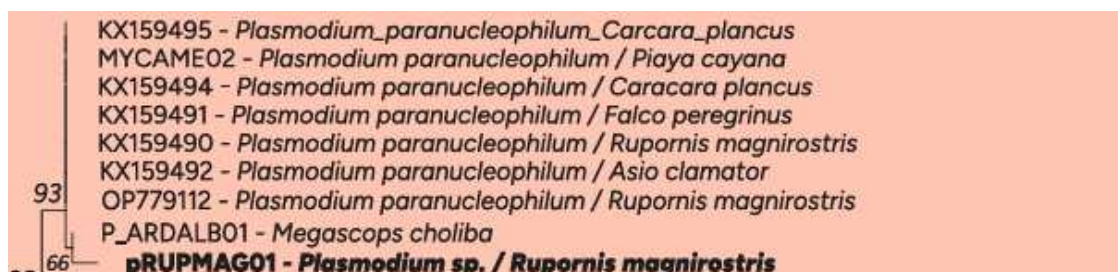
Figura 11 – Recortes das relações filogenéticas de sequências de *Haemoproteus* spp. identificadas em aves amostradas de diferentes espécies no CETAS-JF. Os clados 1A (em verde) e 1B (em marrom) em foram identificados em recorte e os valores numéricos nos ramos representam suportes de bootstrap superiores a 45%. Os números de acesso GenBank e/ou linhagens estão assinalados junto às sequências. A árvore filogenética completa se encontra no anexo.





Fonte: Elaborado pela autora (2025).

Figura 12 – Recorte das relações filogenéticas de sequências de *Plasmodium* spp. identificadas em aves amostradas de diferentes espécies no CETAS-JF. Os clados (2A e 2B) foram identificados e os valores numéricos nos ramos representam suportes de bootstrap superiores a 45%. Os números de acesso GenBank e/ou linhagens estão assinalados junto às sequências. A árvore filogenética completa se encontra no anexo.





Fonte: Elaborado pela autora (2025).

6 DISCUSSÃO

O conjunto amostral, composto por 16 espécies das ordens Piciformes, Strigiformes, Falconiformes, Cathartiformes, Accipitriformes, Cariamiformes e Galliformes resgatadas em áreas urbanas e periurbanas, reforça que esses táxons permanecem subamostrados nas pesquisas sobre hemossporídeos, embora possam esclarecer interações parasito-hospedeiro (Santiago-Alarcon et al., 2014). Essa subamostragem é particularmente relevante em um *hotspot* de biodiversidade como o Brasil, onde, apesar da riqueza da avifauna, grande parte dos estudos concentra-se em Passeriformes, negligenciando outras ordens (Valkiunas, 2005; Clark et al., 2014; Valkiunas & Iezhova, 2018; Lotta et al., 2019).

A predominância de Piciformes (26,08%) e Strigiformes (23,91%) e a alta frequência de *R. toco* (19,57%) e *C. atratus* (13,04%) refletem a avifauna típica do Sudeste, região de mosaico de biomas e perfis ecológicos distintos (Drummond et al., 2006). Destaca-se, também, a dificuldade de amostrar aves dessas ordens em vida livre (Bensch et al., 2009; Clark et al., 2014; Inumaru et al., 2024), o que pode ser contornado, em parte, por amostragem em centros de reabilitação. Esta abordagem representa uma alternativa menos complexa e de menor custo, permitindo ainda o acompanhamento temporário dos indivíduos (Chagas et al., 2017). Além disso, a ausência de padrões temporais clássicos associados à sazonalidade das infecções

por hemosporídeos, frequentemente descritos para aves de zonas temperadas, deve ser interpretada em conformidade com as particularidades ecológicas do sistema tropical investigado. Em regiões temperadas, processos como migração sazonal de hospedeiros e episódios de recaída, que são caracterizados pela reativação da merogonia exoeritrocitária e aumento transitório da parasitemia durante a fase crônica da infecção (Valkiunas & Iezhova, 2017) estão intimamente associados a variações climáticas marcantes e a flutuações acentuadas na densidade de hospedeiros invertebrados. Entretanto, tais mecanismos não são diretamente aplicáveis ao contexto do presente estudo, cuja amostragem é composta, majoritariamente, por aves não migratórias, típicas de ambientes tropicais. Nessas regiões, a menor amplitude climática anual, associada a uma relativa estabilidade na disponibilidade de vetores, resulta em dinâmica de transmissão mais contínua e na raridade de episódios de recaída quando comparada às zonas temperadas (Valkiunas, 2005; Beaudoin et al., 1971; Sick, 1993). Assim, a ausência de evidências claras de sazonalidade ou de picos recorrentes de parasitemia não deve ser interpretada como limitação metodológica, mas como um padrão condizente com a ecologia dos hospedeiros e vetores em sistemas tropicais.

Nesse cenário ecológico, a elevada representatividade de *M. choliba* e *R. magnirostris* na amostragem reforça a singularidade dos processos de transmissão de hemosporídeos em ambientes antrópicos tropicais, nos quais espécies residentes, amplamente distribuídas e ecologicamente generalistas desempenham papel relevante na manutenção do ciclo parasitário. Além disso, a detecção de infecções nessas espécies contribui para reduzir lacunas amostrais ainda existentes na literatura, especialmente no caso de *R. magnirostris*, para a qual há escassez de registros parasitológicos, apesar de sua ampla distribuição e de registros prévios em contextos semelhantes, como no estudo de Tostes et al. (2017).

A partir do exame microscópico, a prevalência de hemosporídeos observada foi de 15,21%, valor compatível com aquele reportado para regiões neotropicais em diferentes contextos ecológicos. Prevalências semelhantes foram descritas por Ribeiro et al. (2020), com 19,85%, por Chagas et al. (2016), com 15,8%, e por Rodríguez-Matta (2001), com 15,9%, reforçando que o valor registrado no presente estudo se insere dentro do intervalo esperado para a região. Em contraste, a prevalência observada foi superior àquelas reportadas por Fecchio et al. (2007) (6,9%), Benedikt et al. (2009) (5,2%) e Bennett & Lopes (1980) (7,8%), estudos

conduzidos em diferentes cenários amostrais e ecológicos. Por outro lado, o valor obtido mostrou-se consideravelmente inferior à elevada prevalência de 83,15% documentada por Tostes et al. (2015) em aves mantidas em cativeiro, contexto no qual fatores como densidade de hospedeiros, estresse e exposição contínua a vetores podem amplificar a transmissão parasitária. Embora algumas ordens tenham apresentado prevalências elevadas, incluindo valores de 100%, esses resultados devem ser interpretados com cautela, uma vez que refletem grupos com reduzido número amostral. Estudos conduzidos em centros de triagem e reabilitação de fauna silvestre, em contextos ecológicos semelhantes, demonstram que prevalências elevadas em ordens pouco representadas são recorrentes e refletem a distribuição pontual de casos positivos, sem permitir inferências populacionais amplas (Tostes et al., 2017; Barino et al., 2020). Além disso, variações marcantes entre ordens têm sido associadas ao contexto ambiental, à ecologia das espécies amostradas e ao desenho amostral, especialmente em ambientes antrópicos tropicais dominados por aves residentes (Fecchio et al., 2019; Ferreira-Junior et al., 2017; Clark et al., 2014).

Em relação à parasitemia, obtida por meio da microscopia, apresentou padrão de distribuição de valores extremos registrados em *C. cristata* (0,03% a 54,98%). A detecção de coinfeção por *Haemoproteus* sp., *Trypanosoma* sp. e microfilárias em *P. obscura* evidencia a complexidade das associações parasitárias em aves. Embora nossa prevalência geral seja comparável a estudos como o de Woodworth-Lynas et al. (1987) que registraram 8%, os dados demonstram que estimativas médias de prevalência podem mascarar padrões importantes de infecção, uma vez que a heterogeneidade se mostrou pronunciada tanto em nível de ordem quanto de espécie.

A análise molecular por nPCR indicou que 52,17% das aves estavam infectadas por hemosporídeos, sendo 28,26% por *Plasmodium* spp. e 23,91% por *Haemoproteus* spp. Esse valor situa-se dentro do amplo intervalo de prevalências relatado internacionalmente ao longo de gradientes de urbanização, nos quais não há um padrão universal de aumento ou redução da infecção, mas sim forte variação entre áreas preservadas, ambientes altamente urbanizados e fragmentos verdes urbanos (Bonneaud et al., 2009; Chasar et al., 2009; Geue & Paterke, 2008; Turcotte et al., 2017). Nesse contexto, a urbanização atua como um filtro ecológico que reorganiza a composição das comunidades de hospedeiros e vetores, bem como a riqueza e a identidade das linhagens parasitárias circulantes (Hernández-Lara et al., 2020;

Aronson et al., 2014; Croci et al., 2008; Silva et al., 2016; Sol et al., 2014, 2017; Sorte et al., 2018).

No Brasil, esse cenário se reflete em uma ampla variação das prevalências detectadas por PCR, mesmo em contextos ecológicos semelhantes (Tabela 3). Em ambientes urbanos, por exemplo, os valores variam de 15,3% (Dutra et al., 2021) a 97,3% (Matoso et al., 2021), evidenciando a influência conjunta de diferenças regionais, metodológicas e do perfil taxonômico das aves amostradas. Em centros de triagem e em contextos de cativeiro, prevalências intermediárias também são frequentes, como os 33% registrados por Morel et al. (2021) e os 37% reportados por Vieira et al. (2025b), valores próximos aos observados no presente estudo.

A elevada frequência de infecção observada pode estar relacionada, ao menos em parte, à inclusão de ordens historicamente subamostradas em levantamentos moleculares, como Falconiformes, Strigiformes e Piciformes, que neste estudo apresentaram prevalências superiores a 40%. Esse padrão contrasta com muitos trabalhos anteriores concentrados predominantemente em Passeriformes, grupo que frequentemente apresenta dinâmicas sazonais distintas de infecção (Hennig et al., 2025). Além disso, a maior sensibilidade da nPCR favorece a detecção de infecções subpatentes, que tendem a ser subestimadas por métodos microscópicos, contribuindo para as prevalências relativamente elevadas registradas em contextos de cativeiro e ambientes antropizados (Krams et al., 2012; Chagas et al., 2017).

A comparação entre os métodos diagnósticos evidenciou a complementaridade entre as abordagens. A integração entre PCR e microscopia amplia a robustez interpretativa dos achados, ao permitir simultaneamente a detecção de infecções de baixa intensidade e a confirmação morfológica necessária para a elucidação taxonômica dos hemoparasitos (Atkinson et al., 2008a; 2008b; Marzal et al., 2011). A prevalência geral, considerando nPCR e microscopia em conjunto, foi de 54,34% (25/46), sendo que 72% dos casos positivos foram identificados exclusivamente pela técnica molecular. A microscopia apresentou baixa sensibilidade (25%) e a concordância entre as técnicas foi fraca ($\kappa = 0,198$), com apenas um indivíduo positivo detectado apenas pelo exame microscópico. Esse resultado é consistente com evidências de que infecções crônicas e subpatentes podem permanecer indetectáveis em esfregaços sanguíneos (Jarvi et al., 2002; Fallon et al., 2003; Valkiūnas et al., 2008), ao passo que a detecção molecular pode apresentar limitações em situações de coinfeção, amplificação preferencial ou baixa parasitemia (Valkiūnas et al., 2006;

Zehtindjev et al., 2012; Schaer et al., 2015). Portanto, resultados moleculares não acompanhados de confirmação morfológica não permitem inferir, de forma definitiva, a competência do hospedeiro. Em conjunto, esses achados sustentam a adoção de uma abordagem diagnóstica integrada como estratégia mais apropriada para estimar a prevalência e caracterizar a parasitemia ao longo do curso infeccioso (Karadjian et al., 2013; Ciloglu et al., 2019; Gadalla et al., 2021).

Na análise do perfil clínico, entre os indivíduos positivos pela nPCR, 58,33% apresentaram lesões visíveis, enquanto 41,66% foram considerados clinicamente saudáveis. Considerando os positivos por ambos os métodos, 32% (8/25) exibiram escore corporal reduzido e concentraram as maiores intensidades parasitárias. Embora esse padrão seja compatível com um trade-off entre resistência e tolerância aos parasitos, mediado pela disponibilidade energética do hospedeiro (Råberg et al., 2009; Cornet & Sorci, 2013; Ribeiro et al., 2020), não foi identificada correlação estatística, o que impede qualquer inferência causal direta.

Resultados semelhantes foram reportados em aves não migratórias, que, apesar de ainda pouco estudadas, vêm sendo reconhecidas como sentinelas sensíveis das condições ambientais locais (Van Hemert et al., 2019; Gonzalez-Quevedo et al., 2016; Morel et al., 2021; Hanel et al., 2016). Em corujas, por exemplo, Martín-Maldonado et al. (2023) observaram maior frequência de infecções por hemosporídeos em indivíduos com escores corporais mais baixos, um padrão também descrito por Rodrigues et al. (2021) e Ribeiro et al. (2020) em ambientes periurbanos, nos quais a condição corporal tende a se associar a intensidades parasitárias mais elevadas. Ainda assim, como sugere Grabowl et al. (2024), análises envolvendo relações causais entre escore corporal e infecção devem ser interpretadas com cautela, especialmente diante de tamanhos amostrais limitados, que fornecem apenas estimativas parciais e padrões sugestivos.

De modo geral, a avaliação da condição corporal apresenta uma limitação inerente por não permitir discernir se valores reduzidos são consequência da infecção ou um fator pré-existente que aumentou a suscetibilidade do hospedeiro. Isso é particularmente relevante em hemosporidioses, cujos efeitos podem ser discretos, cumulativos e facilmente confundidos com outros estressores fisiológicos ou ambientais (Dunn et al., 2021). Além disso, tais efeitos tendem a se manifestar ao longo de períodos prolongados, exigindo monitoramentos populacionais de longo

prazo para serem adequadamente detectados (Asghar et al., 2015; Taylor et al., 2023).

Mesmo quando persistem em fase crônica, infecções por hemospóridios podem comprometer o sucesso reprodutivo, a eficiência de forrageamento e, em escala maior, a dinâmica populacional e os fluxos tróficos locais (Dunn et al., 2021; Hasik & Siepelski, 2022; Koltz et al., 2022). A magnitude desses efeitos depende não apenas do parasito, mas também de fatores extrínsecos, como qualidade do habitat, clima e disponibilidade de recursos, e de características intrínsecas do hospedeiro, incluindo imunocompetência, idade, sexo e coinfeções (Khan et al., 2019; Dunn et al., 2021).

Em termos fisiológicos e comportamentais, infecções por hemospóridios podem alterar o balanço energético ao redirecionar recursos para respostas imunes de alto custo metabólico (Sheldon & Verhulst, 1996), induzindo reduções no forrageamento, na atividade diária e na mobilidade (Bradley & Altizer, 2005; Welick & Sikkell, 2015; Grabowl et al., 2024). Em fases agudas, esses efeitos podem ser suficientemente intensos para reduzir a probabilidade de captura por redes de neblina, fazendo com que amostragens de campo representem majoritariamente indivíduos em fase crônica (Lachish et al., 2011; Dimitrov et al., 2015; Grabowl et al., 2024). Essa assimetria amostral contribui para a ausência de padrões consistentes nos escores corporais observados em diferentes estudos (Valkiūnas et al., 2006b; Paulinauskas et al., 2008, 2011).

Adicionalmente, o parasitismo pode ser interpretado como um componente do estresse ambiental, associado tanto a características do habitat quanto a variáveis climáticas (Chasar et al., 2009; Loiseau et al., 2010; Marzal et al., 2013; Altizer et al., 2013). Entretanto, ainda não está claro se as aves respondem primariamente aos efeitos diretos da parasitemia, ao tipo de habitat ou à interação entre ambos (Hatcher et al., 2012; Ludtke et al., 2013). Nesse contexto, fatores urbanos, como ilhas de calor, criadouros artificiais de vetores e o estresse associado ao resgate e ao cativeiro, podem atuar como moduladores adicionais, favorecendo a exacerbação de infecções latentes e a manutenção da transmissão ao longo do ano (Kolokotroni & Giridharan, 2008; Martinez-Bakker & Helm, 2015; Isaksson et al., 2013; Panayotova-Pencheva, 2013; Dominoni et al., 2025).

A interpretação temporal dos dados, fundamentada nos períodos de pré-patência estabelecidos na literatura (aproximadamente 10–21 dias para

Haemoproteus spp. e 5–10 dias para *Plasmodium* spp. (Atkinson et al., 2000; Valkiūnas, 2005; Dimitrov et al., 2015), permite sugerir hipóteses interpretativas sobre a possível origem das infecções. Estadias prolongadas em centros de reabilitação, como observado em *M. choliba* (84 dias) e *R. magnirostris* (170 dias), são compatíveis com a possibilidade de infecções adquiridas durante a permanência na instituição. Por outro lado, permanências mais curtas, registradas em *P. bailloni* (7 dias), *M. chimachima* (79 dias) e *R. toco* (36 dias), podem indicar adicionalmente, de forma sugestiva, infecções prévias ao resgate, potencialmente detectadas nas fases aguda ou subpatente inicial, a depender do gênero parasitário envolvido, sem que essa inferência possa ser confirmada na ausência de análises estatísticas ou acompanhamento temporal dos indivíduos amostrados.

Sob a perspectiva taxonômica, as taxas de infecção observadas em Falconiformes, Strigiformes e Piciformes estão de acordo com a conhecida variabilidade de susceptibilidade entre e dentro de ordens de aves (Santiago-Alarcon et al., 2014; Soares et al., 2016b; Bell et al., 2020; Ilguñas et al., 2022; Capasso et al., 2023; Lotta-Arévalo et al., 2023). Nossos achados positivos para Galliformes (Ferreira-Júnior et al., 2018; Freitas et al., 2023; Chagas et al., 2017), Cariamiformes (Vieira et al., 2025a; Vieira et al., 2023; Vanstreels et al., 2022), rapinantes (Barino et al., 2020; Sacchi et al., 2021; Morel et al., 2021) e Piciformes (Cedrola et al., 2021; Chagas et al., 2017) corroboram a circulação de hemosporídeos nestas ordens. Especificamente para rapinantes, estudos globais frequentemente reportam maior prevalência de *Haemoproteus* spp. (21-47%) em comparação com *Plasmodium* spp. (1-44%) (Kocan et al., 1977; Kirkpatrick & Lauer, 1985; Balkaya et al., 2016; Zacarias, 2017; Pornpanom et al., 2021), padrão que encontra ressonância em nosso estudo e em outros nacionais, como Barino et al. (2020), que encontrou prevalência de 72,22% em rapinantes, com *M. choliba* apresentando 64,29% de positividade e altas intensidades parasitárias (17,04% e 20,53%).

A variação observada na frequência e na intensidade das infecções pode ser atribuída a um conjunto de fatores ecológicos e fisiológicos. A maior emissão de CO₂ por aves de maior porte, por exemplo, tende a aumentar a atratividade para vetores hematófagos (Lehane, 2005; Fecchio et al., 2011). Além disso, diferenças no uso do habitat e na exposição a áreas com maior densidade de vetores, combinadas à heterogeneidade nos mecanismos de resistência e tolerância aos parasitos, contribuem para padrões de infecção contrastantes entre espécies e indivíduos.

Embora nem todos os estudos encontrem associações consistentes entre infecção e aptidão física (Marzal et al., 2008), no presente conjunto de dados a convergência entre os períodos de pré-patência, o tempo de permanência dos indivíduos em triagem, o padrão clínico observado e a maior sensibilidade da nPCR indica que os resultados obtidos são biologicamente coerentes. Essa concordância entre diferentes linhas de evidência reforça a utilidade de abordagens diagnósticas integradas, que combinam métodos moleculares e microscópicos para caracterizar tanto infecções patententes quanto subpatentes (Jarvi et al., 2002; Fallon et al., 2003; Valkiūnas et al., 2008; Wang et al., 2015; Karadjian et al., 2013; Ciloglu et al., 2019; Gadalla et al., 2021; Bensch & Åkesson, 2003), permitindo uma avaliação mais realista da epidemiologia dos hemosporídeos em ambientes naturais e antropizados.

Na análise filogenética de *Haemoproteus* spp., baseada no gene mitocondrial *cytb* e inferida sob o modelo GTRGAMMA+I, as sequências obtidas no presente estudo agruparam-se com linhagens de referência associadas a *H. paraortalidum*, *H. ortalidum*, *H. syrnii*, *H. tyranni* e *Parahaemoproteus* sp., em consonância com o arcabouço comparativo amplamente empregado em estudos fundamentados em linhagens de *cytb* (Bensch et al., 2009; Clark et al., 2014; Galen et al., 2018). O Clado 1A (BS = 100), representado pela linhagem hPENOB01 de *P. obscura*, apresentou forte proximidade filogenética com *H. paraortalidum*, corroborando a congruência morfológico-molecular previamente documentada em Cracídeos (Chagas et al., 2017; Ferreira-Júnior et al., 2018; Freitas et al., 2023; Galen et al., 2018). Embora existam poucos registros de hemosporídeos em aves da família Cracidae, os estudos disponíveis descrevem infecções predominantemente atribuídas ao gênero *Haemoproteus* (Galbádon & Ulloa, 1978; Bennett et al., 1982; Motta et al., 2013; Chagas et al., 2017; Ferreira-Júnior et al., 2018; Freitas et al., 2023), o que reforça a interpretação do achado morfológico observado em *P. obscura*. O Clado 1B (BS = 98), composto por dez linhagens, posicionou-se em proximidade com *H. syrnii* e estruturou-se em subclados com suporte consistente, padrão frequentemente relatado para Strigiformes neotropicais. Entretanto, identidades genéticas elevadas entre sequências detectadas em hospedeiros fora do espectro típico devem ser interpretadas com cautela, uma vez que podem refletir infecções abortivas. Nessas circunstâncias, o parasito pode invadir o hospedeiro, mas não completar seu desenvolvimento e não estabelecer parasitemia patente, de modo que a detecção por métodos moleculares pode ocorrer mesmo na ausência de formas sanguíneas

detectáveis ao exame microscópico. Esse cenário sugere baixa compatibilidade hospedeiro-parasito e limitada contribuição do hospedeiro para a manutenção do ciclo de transmissão (Valkiūnas et al., 2013; Galen et al., 2018; Barino et al., 2020). Para o gênero *Plasmodium*, foram identificados dois agrupamentos principais associados a *P. paranucleophilum* e *P. huffi*. *P. paranucleophilum* apresenta caráter generalista, com registros em diferentes ordens de aves e em distintos contextos amostrais, incluindo ambientes naturais e antrópicos, o que reforça sua ampla plasticidade ecológica (Tostes et al., 2017; Chahad-Ehlers et al., 2018). O caso de *P. huffi* é particularmente relevante, pois embora originalmente descrito em Piciformes com prevalência de 25% em ranfastídeos no estudo de Cedrola et al. (2021), o estudo demonstra expansão do seu espectro de hospedeiros. A confirmação de seriemas (*C. cristata*) como hospedeiros competentes, com evidências morfológicas e histopatológicas em múltiplos órgãos (Vieira et al., 2025a), fornece um referencial sólido para interpretar as linhagens do estudo próximas a *P. huffi*. Ademais, Vieira et al. (2025a) relataram que 20% dos indivíduos de Cariamiformes foram positivos para *P. huffi*, reforçando a susceptibilidade desta ordem, recentemente confirmada em centros de recuperação no Brasil (Vanstreels et al., 2022; Vieira et al., 2023). Entretanto, valores de *bootstrap* intermediários (BS~65-66) exigem cautela na interpretação, uma vez que o gene *cytb* pode apresentar ramificações curtas, heterogeneidade taxonômica e coinfeções. Recomenda-se, portanto, a ampliação de marcadores genéticos (Bernotiene et al., 2016; Schmid et al., 2017), a detecção explícita de coinfeções através de métodos como Análise de Fusão de Alta Resolução (HRM), PCR multiplex e/ou Sequenciamento de Nova Geração (NGS) (Ciloglu et al., 2019; Sijbranda et al., 2017; Bell et al., 2015; Schoener et al., 2020; Jarvi et al., 2013) e a reavaliação do particionamento filogenético (Bernotienė et al., 2016; Galen et al., 2018).

Resultados recentes em Cariamiformes, incluindo registros de coinfeções e do genoma mitocondrial detalhados, reforçam que ambientes urbanizados e centros de reabilitação expõem as aves a complexos mosaicos de linhagens parasitárias e diferentes estados infecciosos (Vieira et al., 2023), auxiliando na explicação da alta positividade por nPCR mesmo diante de variações nos valores de *bootstrap* dos nós filogenéticos. Análises comparativas restritas ao nível de gênero podem mascarar esta heterogeneidade, uma vez que a prevalência agregada combina linhagens com distintas histórias evolutivas, perfis imunológicos, hospedeiros

invertebrados e contextos ecológicos, justificando a preferência por descrições e comparações no nível de linhagem (Kwasnoski et al., 2025). Adicionalmente, o sinal filogenético dos hospedeiros pode modular a ocorrência de infecções: espécies relacionadas tendem a compartilhar características imunológicas e ecológicas, gerando um sinal filogenético na prevalência compatível com a ancoragem do Clado 1A em Cracídeos e a coesão do Clado 1B em Strigiformes (Ellis et al., 2020; Gupta et al., 2020; O'Connor et al., 2016).

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Apesar da implementação de estratégias preventivas em ambientes de cativeiro, sua efetividade frequentemente é limitada por entraves logísticos, como restrições orçamentárias, carência de capacitação técnica especializada e variabilidade ecológica regional, fatores que influenciam diretamente a dinâmica populacional de dípteros vetores. Nesse contexto, o diagnóstico de hemosporidioses em aves mantidas em cativeiro, cuja prevalência pode variar consideravelmente entre ordens taxonômicas, assume papel central na avaliação sanitária desses indivíduos e em programas de conservação ex-situ.

Doenças infecciosas e parasitárias podem atuar como fatores limitantes relevantes para o sucesso de iniciativas de reintrodução, ao impactar negativamente a sobrevivência e a aptidão reprodutiva dos indivíduos, além de prolongar o tempo de permanência em cativeiro ou mesmo inviabilizar sua liberação em ambiente natural. Embora indivíduos infectados por hemosporídeos aviários frequentemente não sejam considerados aptos para reintrodução, há registros pontuais de sucesso, indicando que a decisão deve ser embasada em avaliação criteriosa e contextualizada.

Dessa forma, a integração de diferentes medidas de manejo, incluindo diagnóstico precoce e combinado, tratamento individualizado quando indicado e estratégias de controle de insetos vetores, mostra-se essencial para mitigar os impactos das hemosporidioses aviárias em ambientes de cativeiro. Indicadores epidemiológicos, como prevalência e intensidade parasitária, devem ser incorporados como ferramentas de monitoramento para avaliar a eficácia das ações implementadas e subsidiar decisões relacionadas à reabilitação e reintrodução de aves silvestres.

8 CONCLUSÃO

Este estudo caracteriza a ocorrência de hemosporídeos aviários em aves silvestres recebidas no Centro de Triagem de Animais Silvestres (CETAS) de Juiz de Fora, registrando prevalência de 15,21% pela microscopia e de 52,17% pela nPCR. A discordância entre os métodos evidencia a maior sensibilidade da abordagem molecular e confirma a complementaridade entre PCR e microscopia, especialmente para a detecção de infecções subpatentes e para a confirmação morfológica e taxonômica dos parasitos.

As maiores proporções de indivíduos positivos ocorrem nas ordens Cariamiformes, Galliformes e Strigiformes, indicando heterogeneidade na distribuição das infecções entre ordens amostradas. A análise molecular e filogenética identifica linhagens de *Haemoproteus* spp. e *Plasmodium* spp. previamente descritas e aponta a ocorrência de linhagens potencialmente inéditas, contribuindo para o registro de hospedeiros e para a compreensão da diversidade parasitária em aves não passeriformes na região.

Os resultados demonstram que centros de triagem e reabilitação constituem fontes relevantes para vigilância epidemiológica e para a ampliação do conhecimento sobre hemosporidioses em áreas urbanas e periurbanas, com aplicação direta no monitoramento sanitário de aves silvestres.

REFERÊNCIAS

- ALIOTA, M. T.; CHEN, C. C.; DAGORO, H.; FUCHS, J. F.; CHRISTENSEN, B. M. Filarial worms reduce *Plasmodium* infectivity in mosquitoes. PLoS Neglected Tropical Diseases, v. 5, n. 2, p. 1-13, 2011.
- ALTIZER, S.; OSTFELD, R. S.; JOHNSON, P. T.; KUTZ, S.; HARVELL, C. D. Climate change and infectious diseases: from evidence to a predictive framework. Science, v. 341, p. 514–519, 2013.
- ALVES, Luiz Gustavo Magalhães. Distribuição anual e riqueza de hemoparasitos aviários em uma área de transição de Mata Atlântica e Cerrado no estado de Minas Gerais, Brasil. Dissertação (Mestrado em Parasitologia) - Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Biológicas, Belo Horizonte, 2024.
- ANJOS, C. C.; BICUDO, T.; FECCHIO, A.; ANCIÃES, M.; MATHIAS, B. S.; CHAGAS, C. R. F.; BELL, J. A.; GUIMARÃES, L. O.; MONTEIRO, E. F.; KIRCHGATTER, K. Prevalence and genetic diversity of avian haemosporidian parasites in islands within a mega hydroelectric dam in the Brazilian Amazon. Parasitology Research, v. 122, n. 9, p. 2065-2077, 2023.
- ANJOS, C.; CHAGAS, C.; FECCHIO, A.; SCHUNCK, F.; COSTA-NASCIMENTO, M.; MONTEIRO, E.; MATHIAS, B.; BELL, J.; VALKIUNAS, G.; KIRCHGATTER, K. Avian Malaria and Related Parasites from Resident and Migratory Birds in the Brazilian Atlantic Forest, with Description of a New *Haemoproteus* Species. Pathogens, v. 10, n. 2, p. 103–110, 2021.
- ARONSON, M. F. J.; LA SORTE, F. A.; NILSON, C. H.; KATTI, M.; GODDARD, M. A.; LEPCZYK, C. A.; WARREN, P. S.; WILLIAMS, N. S. G.; CILLIERS, S.; CLARKSON, B.; DOBBS, C.; DOLAN, R.; HEDBLUM, M.; KLOTZ, S.; KOOIJMANS, J. L.; KÜHN, I.; MACGREGOR-FORS, I.; MCDONNELL, M.; MÖRTBERG, U.; PYŠEK, P.; SIEBERT, S.; SUSHINSKY, J.; WERNER, P.; WINTER, M. A global analysis of the impacts of urbanization on bird and plant diversity reveals key anthropogenic drivers. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, v. 281, p. 20133330, 2014.
- ASGHAR, M.; HASSELQUIST, D.; BENSCH, S. Are chronic avian haemosporidian infections costly in wild birds? Journal of Avian Biology, v. 42, p. 530–537, 2011.
- ATKINSON, C. T. *Haemoproteus*. In: ATKINSON, C. T.; THOMAS, N. J.; HUNTER, D. B. Parasitic diseases of wild birds. Ames: Wiley-Blackwell, 2008a. p. 13-34.
- ATKINSON, C. T. Avian Malaria. In: ATKINSON, C. T.; THOMAS, N. J.; HUNTER, D. B. Parasitic diseases of wild birds. Ames: Wiley-Blackwell, 2008b. p. 35-53.
- ATKINSON, C. T.; DUSEK, R. J.; LEASE, J. K. Serological responses and immunity to superinfection with avian malaria in experimentally-infected Hawaii Amakihi. Journal of Wildlife Diseases, v. 37, n. 1, p. 20-27, 2001.
- ATKINSON, C.T. & VAN RIPER III, C. Pathogenicity and epizootiology of avian haematozoa: *Plasmodium*, *Leucocytozoon* and *Haemoproteus*. Bird parasite interactions. Oxford, Oxford University Press, p. 19–48, 1991.

- ATKINSON, C.T.; DUSEK, R.J.; WOODS, K.L.; IKO, W.M. Pathogenicity of avian malaria in experimentally infected Hawaii Amakihi. *Journal Wildlife Diseases*, p. 36, n. 197, 2000.
- ATKINSON, C.T.; Forrester D.J., Greiner E.C. Pathogenicity of *Haemoproteus meleagridis* (Haemosporina: Haemoproteidae) in experimentally infected domestic turkeys. *Journal Parasitol.* PMID: 3128652, v. 74, n. 2, p. 228-239, 1988.
- BALKAYA, I.; ORUC, E.; GUVEN, E.; AVCIOGLU, H. Haemosporidian parasites in blood smears of Sparrowhawks (*Accipiter nisus*, Falconiformes: Accipitridae) in northeastern Turkey. *Israel Journal of Veterinary Medicine*, v. 71, p. 26–30, 2016.
- BARINO, G.T.M.; ROSSI, M.F.; OLIVEIRA, L.; JÚNIOR, J.L.R.; D'AGOSTO, M.; DIAS, R.J.P. *Haemoproteus syrnii* (Haemosporida: Haemoproteidae) in owls from Brazil: morphological and molecular characterization, potential cryptic species, and exo-erythrocytic stages. *Parasitology Research*, 2020.
- BARINO, Glauber Thiago Martins. Hemosporídeos parasitos (Haemosporida: Apicomplexa) em aves de rapina neotropicais: diversidade, abordagem integrativa e conservação. 2021. Tese (Doutorado em Biodiversidade e Conservação da Natureza) – Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, 2021.
- BEAUDOIN, L. A model for the ecology of avian malaria. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 7, n. 1, p. 5-13, 1971.
- BELL, J. A. Avian haemosporidian parasites from the Brazilian Amazon. 2016. Tese (Doutorado) - University of North Dakota, Grand Forks, 2016.
- BELL, J. A.; WECKSTEIN, J. D.; FECCHIO, A.; THACH, V. V. A new real-time PCR protocol for detection of avian haemosporidians. *Parasites & Vectors*, v. 8, p. 383, 2015.
- BELL, J. A.; GONZÁLEZ-ACUÑA, D.; TKACH, V. V. Haemosporidian parasites of Chilean ducks: the importance of biogeography and nonpasserine hosts. *Journal of Parasitology*, v. 106, p. 211, 2020.
- BELO, N.O.; PINHEIRO, R.T.; REIS, S.E.; RICKLEFS, R.O.; BRAGA, E.M. Prevalence and lineage diversity of avian haemosporidians from three distinct Cerrado habitats in Brazil. *PLoS ONE*, v. 6(4), p. 10, 2011.
- BELO, N. O.; PASSOS, L. F.; JÚNIOR, L. M.; GOULART, C. E.; SHERLOCK, T. M.; BRAGA, E. M. Avian malaria in captive psittacine birds: detection by microscopy and 18S rRNA gene amplification. *Preventive Veterinary Medicine*, v. 88, p. 220-224, 2009.
- BENNETT, G. F.; BISHOP, M. A.; PEIRCE, M. A. Checklist of the avian species of *Plasmodium* Marchiafava & Celli, 1885 (Apicomplexa) and their distribution by avian family and Wallacean life zones. *Systematic Parasitology*, v. 26, p. 171-179, 1993.
- BENNETT, G. F.; GARNHAM, P.C.C.; FALLIS, A.M. On the status of the genera *Leucocytozoon* Ziemann, 1898 and *Haemoproteus* Kruse, 1890 (Haemosporidiida: Leucocytozooidae and Haemoproteidae). *Canadian Journal of Zoology*, v. 43, p. 927-932, 1965.

BENNETT, G. F.; LOPES, O. de S. Blood parasites of some birds from São Paulo State, Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, v. 75, p. 117-134, 1980.

BENSCH, S.; HELLGREN, O.; PÉREZ-TRIS, J. MalAvi: a public database of malaria parasites and related haemosporidians in avian hosts based on mitochondrial cytochrome b lineages. *Molecular Ecology Resources*, v. 9, p. 1353–1358, 2009.

BENSCH, S.; PÉREZ-TRIS J.; WALDENSTRÖM J.; HELLGREN, O. Linkage between nuclear and mitochondrial DNA sequences in avian malaria parasites: multiple cases of cryptic speciation?. *Evolution*, v. 58, n. 7, p. 1617-1621, 2004.

BENSCH, S.; AKESSON, A. Temporal and spatial variation of hematozoans in Scandinavian willow warblers. *Journal of Parasitology*, v. 89, p. 388–391, 2003.

BENSCH, S.; STJERNMAN, M.; HASSELQUIST, D.; ÖRJAN, O.; HANNSON, B.; WESTERDAHL, H.; PINHEIRO, R. T. Host specificity in avian blood parasites: a study of *Plasmodium* and *Haemoproteus* mitochondrial DNA amplified from birds. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 267, n. 1452, p. 1583–1589, 2000.

BERNOTIENĖ, R.; PALINAUSKAS, V.; IEZHOVA, T.; MURAUSKAITĖ, D.; VALKIŪNAS, G. Avian haemosporidian parasites (Haemosporida): A comparative analysis of different polymerase chain reaction assays in detection of mixed infections. *Experimental Parasitology*, v. 163, p. 31–37, 2016.

BISHOP, A.; TATE, P.; THORPE, M. V. The duration of *Plasmodium relictum* in canaries. *Parasitology*, v. 30, n. 3, p. 388-391, 1938.

BLANCO, L. F. V. O. Hemoparasitos em aves de rapina da mesorregião do Triângulo Mineiro, Uberaba, MG [Dissertação de mestrado]. Programa de Pós-Graduação em Sanidade e Produção Animal nos Trópicos; Universidade de Uberaba, Uberaba, 2016.

BONNEAUD, C.; SEPIL, I.; MILÁ, B.; BUERMANN, W.; POLLINGER, J.; SEHGAL, R. N. M.; VALKIŪNAS, G.; IEZHOVA, T. A.; SAATCHI, S.; SMITH, T. B. The prevalence of avian *Plasmodium* is higher in undisturbed tropical forests of Cameroon. *Journal of Tropical Ecology*, v. 25, p. 439–447, 2009.

BRADLEY, C. A.; ALTIZER, S. Parasites hinder monarch butterfly flight: implications for disease spread in migratory hosts. *Ecology Letters*, v. 8, p. 290–300, 2005.

BRAGA, E. M.; BELO, N. O.; PINHEIRO, R. T. Técnicas para estudo de hemoparasitos em aves. In: VON MATTER, S.; STRAUBE, F. C.; ACCORDI, I.; PIACENTINI, V.; CÂNDIDO-JÚNIOR, J. F. (Org.). *Ornitologia e conservação: ciência aplicada, técnicas de pesquisa e levantamento*. Rio de Janeiro: Technical Books, 2010. p. 395-411.

BRAGA, E. M.; SILVEIRA, P.; BELO, N. O.; VALKIŪNAS, G. Recent advances in the study of avian malaria: an overview with an emphasis on the distribution of *Plasmodium* spp. in Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, v. 106, n. 1, p. 3-11, 2011.

BUENO, M. G.; LOPEZ, R. P. G.; DE MENEZES, R. M. T.; NASCIMENTO, M. J. C.; LIMA, G. F. M.C.; ARAÚJO, R. A. S.; GUIDA, F. J. V.; KIRCHGATTER, K. Identification

of *Plasmodium relictum* causing mortality in penguins (*Spheniscus magellanicus*) from São Paulo Zoo, Brazil. *Veterinary Parasitology*, v. 173, n. 1-2, p. 123-127, 2010.

BUSH, A.O.; LAFFERTY, K.D.; LOTZ, J.M.; SHOSTAK, A.W. Parasitology meets ecology on its own terms: Margolis et al. revisited. *The Journal of Parasitology*, v. 83, n. 4, p. 575–583, 1997.

CAIZERGUES, A. E.; ROBIRA, B.; PERRIER, C.; JEANNEAU, M.; BERTHOMIEU, A.; PERRET, S.; GANDON, S.; CHARMANTIER, A. Cities as parasitic amplifiers? Malaria prevalence and diversity in great tits along an urbanization gradient. *Peer Community Journal*, v. 4, e38, 2024.

CAMPBELL, T. W. *Avian hematology and cytology*. 2. ed. Iowa: State University Press, 1995.

CAMPBELL, T. W. Hematologia de aves. In: THRALL, M. A.; WEISER, G.; ALLISON, R. W.; CAMPBELL, T. W. *Hematologia e bioquímica clínica veterinária*. São Paulo: Roca, p. 205–238, 2014.

CANNELL, B. L.; KRASNEC, K. V.; CAMPBELL, K.; JONES, H. I.; MILLER, R. D.; STEPHENS, N. The pathology and pathogenicity of a novel *Haemoproteus* spp. infection in wild Little Penguins (*Eudyptula minor*). *Veterinary Parasitology*, Amsterdam, v. 197, n. 1-2, p. 74–84, 2013.

CARLSON, C. J.; DALLAS, T. A.; ALEXANDER, L. W.; PHELAN, A. L.; PHILLIPS, A. J. What would it take to describe the global diversity of parasites? *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 287, n. 1939, e20201841, 2020a.

CARDONA, C. J.; IHEJIRIKA, A.; McCLELLAN, L. *Haemoproteus lophortyx* infection in bobwhite quail. *Avian Diseases*, v. 46, p. 249–255, 2002.

CARVALHO, Andrea de Moraes. Ocorrência e diversidade de hemosporídeos (Apicomplexa: Haemosporida) em aves silvestres brasileiras [tese]. 2021.

CAPASSO, S.; SCHUMM, Y. R.; QUILLFELDT, P.; BONSERGENT, C.; MALANDRIN, L.; LORENTI, E. et al. Surveillance of avian malaria and related haemoparasites in common terns (*Sterna hirundo*) on the Atlantic coast of South America. *Parasitology*, v. 150, p. 498–504, 2023.

CEDROLA, F.; MARTINELE, I.; SENRA, M. V. X. et al. Rediscovery of *Plasmodium (Huffia) huffi* (Apicomplexa, Haemosporida): a lost lineage from toucans. *Parasitology Research*, v. 120, p. 3287–3296, 2021.

CHAGAS, C.R.F.; VALKIŪNAS, G.; GUIMARÃES, L.O.; MONTEIRO, E. F.; GUIDA, F.J.; SIMÕES, R.F.; RODRIGUES, P.T.; LUNA, E.J.A.; KIRCHGATTER, K. Diversity and distribution of avian malaria and related haemosporidian parasites in captive birds from a Brazilian megalopolis. *Malaria Journal*, v. 16, n. 83, p. 1–20, 2017.

CHAGAS, C.R.F.; GUIMARÃES, L.O.; MONTEIRO, E.F.; VALKIŪNAS, G.; KATAYAMA, M.V.; SANTOS, S.V.; GUIDA, F.J.V.; SIMÕES, R.F.; KIRCHGATTER, K. Hemosporidian parasites of free-living birds in the São Paulo Zoo, Brazil. *Parasitology Research*, v. 115, n. 4, p. 1443–1452, 2015.

CHAGAS, C. R. F.; BUKAUSKAITĖ, D.; ILGŪNAS, M. et al. Sporogony of four *Haemoproteus* species (Haemosporida: Haemoproteidae), with report of in vitro ookinetes of *Haemoproteus hirundinis*: phylogenetic inference indicates patterns of haemosporidian parasite ookinete development. *Parasites & Vectors*, v. 12, p. 422, 2019.

CHAHAD-EHLERS, S.; FUSHITA, A. T.; LACORTE, G. A.; et al. Effects of habitat suitability for vectors, environmental factors and host characteristics on the spatial distribution of the diversity and prevalence of haemosporidians in waterbirds from three Brazilian wetlands. *Parasites & Vectors*, v. 11, p. 276, 2018.

CLARK, N. J.; WELLS, K.; DIMITROV, D.; CLEGG, S. M. Co-infections and environmental conditions drive the distributions of blood parasites in wild birds. *Journal of Animal Ecology*, [s.l.], v. 85, p. 1461–1470, 2016.

CLARK, N.J.; CLEGG, S.M.; LIMA, M.R. A review of global diversity in avian haemosporidians (*Plasmodium* and *Haemoproteus*: Haemosporida): new insights from molecular data. *International Journal for Parasitology*, v. 44, p. 329–338, 2014.

CLARK, P.; BOARDMAN, W.; RAIDAL, S. Atlas of clinical avian hematology. Oxford: Wiley-Blackwell, 2009.

CHASAR, A.; LOISEAU, C.; VALKIŪNAS, G.; IEZHOVA, T.; SMITH, T. B.; SEHGAL, R. N. M. Prevalence and diversity patterns of avian blood parasites in degraded African rainforest habitats. *Molecular Ecology*, v. 18, p. 4121–4133, 2009.

CILOGLU, A.; ELLIS, V. A.; BERNOTIENĖ, R.; VALKIŪNAS, G.; BENSCH, S. A new one-step multiplex PCR assay for simultaneous detection and identification of avian haemosporidian parasites. *Parasitology Research*, v. 118, n. 1, p. 191–201, 2019.

CÓRDOVA, A. S.; PINHO, J. B.; PEREIRA, A. G.; GALON, C.; FERREIRA, T. V.; DAS NEVES, L. F.; DE OLIVEIRA LOPES, G.; MACHADO, R. Z.; MOUTAILLER, S.; ANDRÉ, M. R. Validation of a high-throughput microfluidic real-time PCR for the detection of vector-borne agents in wild birds from the Brazilian Pantanal. *Pathogens*, v. 14, n. 5, e491, 2025.

CORNET, S.; SORCI, G. Avian malaria models of disease. In: HOMMEL, M.; KREMSNER, P. G. (Eds.). *Encyclopedia of Malaria*. New York: Springer, 2014. p. 1–11.

CRANFIELD, M. R. Sphenisciformes (Penguins). In: FOWLER, M. E.; MILLER, R. E. (Ed.). *Fowler's zoo and wild animal medicine*. Philadelphia: W. B. Saunders, 2003. p. 103–110.

CRANFIELD, M. R.; GRACZYK, T. K.; BEALL, F. B.; IALEGGIO, D. M.; SHAW, M. L.; SKJOLDAGER, M. L. Subclinical avian malaria infections in African black-footed penguins (*Spheniscus demersus*) and induction of parasite recrudescence. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 30, n. 3, p. 372–376, 1994.

CROCI, S.; BUTET, A.; CLERGEAU, P. Does urbanization filter birds on the basis of their biological traits? *The Condor*, v. 110, p. 223–240, 2008.

- CRUZ, J. T.; CARVALHO, L. M.; FERREIRA, M. R.; NUNES, C.; CASERO, M.; MARZAL, A. Avian Haemosporidian Infection in Wildlife Rehabilitation Centres of Portugal: Causes, Consequences, and Genetic Diversity. *Animals*, v. 14, n. 8, p. 1216, 2024.
- DIAS, G., R.; FUJII, T. T. S.; FOGEL, B. F.; LOURENÇO-DE-OLIVEIRA, R.; SILVA-DO-NASCIMENTO, T. F.; PITÁLUGA, A. N.; CARVALHO-PINTO, C. J.; CARVALHO, A. B.; PEIXOTO, A. A.; RONA, L. D. P. Cryptic diversity in an Atlantic Forest malaria vector from the mountains of South-East Brazil. *Parasites & Vectors*, v. 11, p. 36, 2018.
- DIMITROV, D.; VALKIŪNAS, G.; ZEHTINDJIEV, P.; ILIEVA, M.; BENSCH, S. Molecular characterization of haemosporidian parasites (Haemosporida) in yellow wagtail (*Motacilla flava*), with description of in vitro ookinetes of *Haemoproteus motacillae*. *Zootaxa*, v. 3666, p. 369-381, 2013.
- DIMITROV, D.; PALINAUSKAS, V.; IEZHOVA, T. A.; BERNOTIENĖ, R.; ILGŪNAS, M.; BUKAUSKAITĖ, D.; ZEHTINDJIEV, P.; ILIEVA, M.; SHAPOVAL, A. P.; BOLSHAKOV, C. V.; MARKOVETS, M. Y.; BENSCH, S.; VALKIŪNAS, G. *Plasmodium* spp.: an experimental study on vertebrate host susceptibility to avian malaria. *Experimental Parasitology*, v. 148, p. 1-16, 2015.
- DINHOPL, N.; NEDOROST, N.; MOSTEGL, M.; WEISSENBACHER-LANG, C.; WEISSENBÖCK, H. In situ hybridization and sequence analysis reveal an association of *Plasmodium* spp. with mortalities in wild passerine birds in Austria. *Parasitology Research*, v. 114, 2015.
- DONOVAN, T. A.; SCHRENZEL, M.; TUCKER, T. A.; PESSIER, A. P.; STALIS, I. H. Hepatic hemorrhage, hemocoelom, and sudden death due to *Haemoproteus* infection in passerine birds: Eleven cases. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, v. 20, p. 304-313, 2008.
- DOMINONI, D. M.; ALBALAWI, B. F. A.; MLADENOVA, M.; HELM, B.; BALDINI, F. Phenology underlies apparent urbanisation effects on avian malaria in juvenile songbirds. *bioRxiv*, 2025.
- DUNN, J. C.; HAWLEY, D. M.; HUYVAERT, K. P.; OWEN, J. C. Fitness effects of parasite infection in birds. In: OWEN, J. C.; HAWLEY, D. M.; HUYVAERT, K. P. (eds.). *Infectious disease ecology of wild birds*. Oxford: Oxford University Press, 2021. p. 99–120.
- DRUMMOND, A. J.; HO, S. Y. W.; PHILLIPS, M. J.; RAMBAUT, A. Relaxed phylogenetics and dating with confidence. *PLoS Biology*, v. 4, n. 5, e88, 2006.
- DURRANT, K. L.; BEADELL, J. S.; ISHTIAQ, F.; GRAVES, G. R.; OLSON, S. L.; GERING, E.; PEIRCE, M. A.; MILENSKY, C. M.; SCHMIDT, B. K.; GEBHARD, C.; FLEISCHER, R. C. Avian hematozoa in South America: a comparison of temperate and tropical zones. *Ornithological Monographs*, n. 60, p. 98-111, 2006.
- DUTRA, D. A.; KHAN, A. U.; FERREIRA, F. C.; BEIRÃO, M. V.; PICHORIM, M.; MOREIRA, P. A.; BRAGA, É. M. Host phylogeny and seasonality shapes avian haemosporidian prevalence in a Brazilian biodiverse and dry forest: the Caatinga. *Parasitology*, v. 150, n. 11, p. 1277-1285, 2023.

DUTRA, D. de A.; BELO, N.; BRAGA, E. M. Prevalence and richness of malaria and malaria-like parasites in wild birds from different biomes in South America. *PeerJ*, v. 10, e13485, 2022.

DUTRA, D. A.; VANSTREELS, R. E. T.; LIMA, M. R.; FECCHIO, A. Ecological, epidemiological and pathological insights into avian malaria. In: FEREIDOUNI, S. (Ed.). *Ecology of wild bird diseases*. 1. ed. Boca Raton: CRC Press, 2024.

ELLIS, V. A.; FECCHIO, A.; RICKLEFS, R. E. Haemosporidian parasites of Neotropical birds: causes and consequences of infection. *The Auk*, v. 137, n. 4, p. ukaa055, 2020.

EVANS, M.; OTTER, A. Fatal combined infection with *Haemoproteus noctuae* and *Leucocytozoon ziemanni* in juvenile snowy owls (*Nyctea scandiaca*). *Veterinary Record*, v. 143, n. 3, p. 72-76, 1998.

EWEN, J. G.; BENSCH, S.; BLACKBURN, T. M.; BONNEAUD, C.; BROWN, R.; CASSEY, P.; CLARKE, R. H.; PÉREZ-TRIS, J. Establishment of exotic parasites: the origins and characteristics of an avian malaria community in an isolated island avifauna. *Ecology Letters*, v. 15, n. 10, p. 1112–1119, 2012.

FALLON, S. M.; RICKLEFS, R. E. Host specialization and geographic localization of avian malaria parasites: a regional analysis in the Lesser Antilles. *The American Naturalist*, v. 172, n. 4, p. 534–546, 2008.

FALLON, S. M.; RICKLEFS, R. E.; SWANSON, B. L.; BERMINGHAM, E. Detecting avian malaria: an improved polymerase chain reaction diagnostic. *Journal of Parasitology*, v. 89, p. 1044–1047, 2003.

FAIRFIELD, E.; HUTCHINGS, K.; GILROY, D. et al. The impact of conservation-driven translocations on blood parasite prevalence in the Seychelles warbler. *Scientific Reports*, v. 6, p. 29596, 2016.

FECCHIO, A.; BELL, J.A.; BOSHOLN, M.; VAUGHAN, J.A.; TKACH, V.V. et al. An inverse latitudinal gradient in infection probability and phylogenetic diversity for *Leucocytozoon* blood parasites in New World birds. *Journal of Animal Ecology*, v. 89, n. 2, p. 423–435, 2019a.

FECCHIO, A.; BELL, J. A.; PINHEIRO, R. B. P.; CUETO, V. R.; GOROSITO, C. A.; et al. Avian host composition, local speciation and dispersal across latitudinal gradients shape the population genetic structure of haemosporidian parasites. *Molecular Ecology*, v. 28, n. 10, p. 2272-2286, 2019b.

FECCHIO, A.; CHAGAS, C.R.F.; BELL, J.A.; KIRCHGATTER, K. Evolutionary ecology, taxonomy, and systematics of avian malaria and related parasites. *Acta Tropica*, v. 204, e105364, 2020.

FECCHIO, A.; CLARK, N. J.; BELL, J. A.; SKEEN, H. R.; LUTZ, H. L.; DE LA TORRE, G. M.; WELLS, K. Global drivers of avian haemosporidian infections vary across zoogeographical regions. *Global Ecology and Biogeography*, v. 30, n. 12, p. 2393-2406, 2021.

- FECCHIO, A.; LIMA, M.R.; SVENSSON-COELHO, M.; MARINI, M.A.; RICKLEFS, R.E. Structure and organization of an avian haemosporidian assemblage in a Neotropical savanna in Brazil. *Parasitology*, v. 140, p. 181–192, 2013.
- FECCHIO, A.; LIMA, M. R.; SILVEIRA, P.; BRAGA, É. M.; MARINI, M. Â. High prevalence of blood parasites in social birds from a Neotropical savanna in Brazil. *Emu*, v. 111, p. 132–138, 2011.
- FERRAGUTI, M.; HERNÁNDEZ-LARA, C.; SEHGAL, R. N. M.; SANTIAGO-ALARCON, D. Anthropogenic effects on avian haemosporidians and their vectors. In: SANTIAGO-ALARCON, D.; MARZAL, A. (Ed.). *Avian malaria and related parasites in the tropics*. Cham: Springer, 2020.
- FERRAGUTI, M.; MARTÍNEZ-DE LA PUENTE, J.; JIMÉNEZ-CLAVERO, M. Á.; LLORENTE, F.; ROIZ, D.; RUIZ, S. A field test of the dilution effect hypothesis in four avian multi-host pathogens. *PLoS Pathogens*, v. 17, n. 6, e1009637, 2021.
- FERREIRA-JUNIOR, F. C. et al. Habitat modification and seasonality influence avian haemosporidian parasite distributions in southeastern Brazil. *PLoS One*, v. 12, n. 6, p. e0178791, 2017.
- FERREIRA-JUNIOR, F. C.; DUTRA, D. A.; SILVEIRA, P.; PACHECO, R. C.; WITTER, R.; RAMOS, D. G. S.; PACHECO, M. A.; ESCALANTE, A. A.; BRAGA, É. M. A new pathogen spillover from domestic to wild animals: *Plasmodium juxtanucleare* infects free-living passerines in Brazil. *Parasitology*, v. 145, n. 14, p. 1949-1958, 2018.
- FREITAS, R. V. M.; BARINO, G. T. M.; CEDROLA, F.; DIAS, R. J. P.; D'AGOSTO, M.; MASSARD, C. L. Insights on the taxonomy of *Haemoproteus* parasites infecting cracid birds. *Parasitology International*, v. 94, p. 102730, 2023.
- FIX, A. S.; WATERHOUSE, C.; GREINER, E. C.; STOSKOPF, M. K. *Plasmodium relictum* as a cause of avian malaria in wild-caught Magellanic penguins (*Spheniscus magellanicus*). *Journal of Wildlife Diseases*, v. 24, n. 4, p. 610-619, 1988.
- GALBADON A., ULLOA G. Subspecie de *Haemoproteus rotundus* Oliger, 1956 (Haemosporina: Haemoproteidae) presente en Venezuela. *Bol. Dir. Malariol. Saneamiento Ambiental*, v.18, p.165-173, 1978.
- GADALLA, A. A.; SICILIANO, G.; FARID, R.; ALANO, P.; RANFORD-CARTWRIGHT, L.; MCCARTHY, J. S.; THOMPSON, J.; BABIKER, H. A. Real-time PCR assays for detection and quantification of early *Plasmodium falciparum* gametocyte stages. *Scientific Reports*, v. 11, p. 19118, 2021.
- GALEN, S. C.; BORNER, J.; MARTINSEN, E. S.; SCHAER, J.; AUSTIN, C. C.; WEST, C. J.; PERKINS, S. L. The polyphyly of *Plasmodium*: comprehensive phylogenetic analyses of the malaria parasites (order Haemosporida) reveal widespread taxonomic conflict. *Royal Society Open Science*, v. 5, p. 171780, 2018.
- GARNHAM, P. C. (Ed.). *Malaria parasites and other Haemosporidia*. Oxford: Blackwell Scientific Publications, 1966. 877 p.

- GARVIN, M. C.; BASBAUM, J. P.; DUCORE, R. M.; BELL, K. E. Patterns of *Haemoproteus beckeri* parasitism in the gray catbird (*Dumetella carolinensis*) during the breeding season. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 39, n. 3, p. 582-587, 2003.
- GEUE, D.; PARTECKE, J. Reduced parasite infestation in urban Eurasian blackbirds (*Turdus merula*): a factor favouring urbanization? *Canadian Journal of Zoology*, v. 86, p. 1419-1425, 2008.
- GODFREY, R.D.; FEDYNICH, A.M.; PENCE, D.B. Quantification of hematozoa in blood smears. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 23, p. 558-565, 1987.
- GONZALEZ-QUEVEDO, C.; PABÓN, A.; RIVERA-GUTIÉRREZ, H. F. Prevalence of haemosporidians in a Neotropical endemic bird area. *Avian Conservation and Ecology*, v. 11, p. 7, 2016.
- GRABOW, M.; ULLMANN, W.; LANDGRAF, C.; et al. Sick without signs: subclinical infections reduce local movements, alter habitat selection, and cause demographic shifts. *Communications Biology*, v. 7, p. 1426, 2024.
- GRESPLAN, A.; RASO, T. F. Psittaciformes (Araras, Papagaios, Periquitos, Calopsitas e Cacatuas). In: CUBAS, Z. S.; SILVA, J. R. C.; CATÃO-DIAS, J. R. *Tratado de Animais Selvagens*. 2nd ed. São Paulo: Editora Roca; 2014. p. 550-589.
- GROFF, T. C.; LORENZ, T. J.; CRESPO, R.; IEZHOVA, T.; VALKIŪNAS, G.; SEHGAL, R. N. M. Haemoproteosis lethality in a woodpecker, with molecular and morphological characterization of *Haemoproteus velans* (Haemosporida, Haemoproteidae). *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, v. 10, p. 93-100, 2019.
- GUPTA, P.; VISHNUDAS, C. K.; ROBIN, V. V.; DHARMARAJAN, G. Host phylogeny matters: examining sources of variation in infection risk by blood parasites across a tropical montane bird community in India. *Parasites & Vectors*, v. 13, p. 536, 2020.
- HAMILTON, W. D.; ZUK, M. Heritable true fitness and bright birds: a role for parasites? *Science*, v. 218, p. 384-387, 1982.
- HAMMERS, M.; KOMDEUR, J.; KINGMA, S. A.; HUTCHINGS, K.; FAIRFIELD, E. A.; GILROY, D. L.; RICHARDSON, D. S. Age-specific haemosporidian infection dynamics and survival in Seychelles warblers. *Scientific Reports*, v. 6, p. 29720, 2016.
- HANEL, J.; DOLEŽALOVÁ, J.; STEHLÍKOVÁ, Š.; MODRÝ, D.; CHUDOBA, J.; SYNEK, P.; VOTÝPKA, J. Blood parasites in northern goshawk (*Accipiter gentilis*) with an emphasis to *Leucocytozoon toddi*. *Parasitology Research*, v. 115, p. 263-270, 2016.
- HARL, J.; HIMMEL, T.; VALKIŪNAS, G.; ILGŪNAS, M.; NEDOROST, N.; MATT, J.; KÜBBER-HEISS, A.; ALIC, A.; KONICEK, C.; WEISSENBOCK, H. Avian haemosporidian parasites of accipitriform raptors. *Malaria Journal*, v. 21, n. 14, 2022.
- HASIK, A. Z.; SIEPIELSKI, A. M. Parasitism shapes selection by drastically reducing host fitness and increasing host fitness variation. *Biology Letters*, v. 18, n. 11, p. 20220323, 2022.

HATCHER, M. J.; DICK, J. T. A.; DUNN, A. M. Diverse effects of parasites in ecosystems: linking interdependent processes. *Frontiers in Ecology and the Environment*, v. 10, p. 186–194, 2012.

HELLGREN, O.; PÉREZ-TRIS, J.; BENSCH, S. A jack-of-all-trades and still a master of some: prevalence and host range in avian malaria and related blood parasites. *Ecology*, v. 90, p. 2840-2849, 2009.

HELLGREN, O.; WALDENSTRÖM, J.; BENSCH, S. A new PCR assay for simultaneous studies of *Leucocytozoon*, *Plasmodium*, and *Haemoproteus* from avian blood. *The Journal of Parasitology*, v. 90, p. 797–802, 2004.

HENNIG, M. M. Hemosporídeos em aves atendidas no Hospital Veterinário da Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT. 2024. Dissertação (Mestrado em Ciências Veterinárias) – Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, 2024.

HENNIG, M. M.; ALVES, L. G. M.; BARROS SILVA, V. L.; SANTOS FERRAZ, R. H.; MORGADO, T. O.; BRAGA, É. M.; CAMPOS PACHECO, R. Molecular detection of *Plasmodium huffi* (Apicomplexa: Haemosporida) in birds from Mato Grosso state, midwestern Brazil with new host data. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, v. 56, p. 101118, 2024.

HENNIG, M. M.; ALVES, L. G. M.; ROCHA, M. N. A.; SILVA, V. L. B.; ROSA, B. M.; FERRAZ, R. H. D. S.; CORRÊA, S. H. R.; BRAGA, É. M.; PACHECO, R. C. Unraveling the diversity of haemosporidians in Brazilian non-passerine birds: insights from Midwestern Brazil. *Pathogens*, v. 14, n. 12, p. 1286, 2025.

HENNING, L.; FELGER, I.; BECK, H. P. Rapid DNA extraction for molecular epidemiological studies of malaria. *Acta Tropica*, v. 72, p. 149-155, 1999.

HERNÁNDEZ-LARA, C.; CARBÓ-RAMÍREZ, P.; SANTIAGO-ALARCON, D. Effects of land use change (rural-urban) on the diversity and epizootiological parameters of avian Haemosporida in a widespread neotropical bird. *Acta Tropica*, v. 209, 105542, 2020.

HIMMEL, T.; HARL, J.; PFANNER, S.; et al. Haemosporidiosis in wild Eurasian blackbirds (*Turdus merula*) and song thrushes (*T. philomelos*): an in situ hybridization study with emphasis on exo-erythrocytic parasite burden. *Malaria Journal*, v. 19, p. 69, 2020.

HOFFMANN, E. J.; MILLER, J. R. Reassessment of the role and utility of wind in suppression of mosquito (Diptera: Culicidae) host finding: stimulus dilution supported over flight limitation. *Journal of Medical Entomology*, v. 40, n. 5, p. 607-614, 2003.

HUCHZERMEYER, F. W. Avian pulmonary hypertension syndrome. IV. Increased right ventricular mass in turkeys experimentally infected with *Plasmodium durae*. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, v. 55, p. 107–108, 1988.

ILGUNAS, M.; BUKAUSKAITE, D.; PALINAUSKAS, V.; IEZHOVA, T. A.; DINHOPL, N.; NEDOROST, N. Mortality and pathology in birds due to *Plasmodium* (Giovannolaia) *homocircumflexum* infection, with emphasis on the exoerythrocytic development of avian malaria parasites. *Malaria Journal*, v. 15, n. 1, e256, 2016.

ILGŪNAS, M.; HIMMEL, T.; HARL, J.; DAGYS, M.; VALKIŪNAS, G.; WEISSENBOCK, H. Exo-erythrocytic development of avian haemosporidian parasites in European owls. *Animals*, v. 12, p. 2212, 2022.

INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS - IBAMA. Centros de Triagem de Animais Silvestres (CETAS). [S. l.], 2021.

INUMARU, M.; KIMURA, R.; SUZUKI, N.; SUZUKI, H.; HORIKOSHI, K.; NISHIUMI, I.; KAWAKAMI, K.; TSUDA, Y.; MURATA, K.; SATO, Y. Prevalence and transmission cycle of avian pathogens in the isolated oceanic islands of Japan. *Ecology and Evolution*, v. 14, n. 12, e70737, 2024.

ISAKSSON, C.; SEPIL, I.; BARAMIDZE, V.; SHELDON, B. C. Explaining variance of avian malaria infection in the wild: the importance of host density, habitat, individual life-history and oxidative stress. *BMC Ecology*, v. 13, p. 1–11, 2013.

ISHTIAQ, F.; BEADELL, J. S.; WARREN, B. H.; FLEISCHER, R. C. Diversity and distribution of avian haematozoan parasites in the western Indian Ocean region: a molecular survey. *Parasitology*, v. 139, n. 2, p. 221–231, 2012.

JARVI, S. I.; SCHULTZ, J. J.; ATKINSON, C. T. PCR diagnostics underestimate the prevalence of avian malaria (*Plasmodium relictum*) in experimentally-infected passerines. *Journal of Parasitology*, v. 88, n. 1, p. 153–158, 2002.

JIN, K.; et al. Occurrence of leucocytozoonosis in southern part of Hokkaido. *Keibyokenkyukaiho* (Journal of the Japanese Society on Poultry Diseases), v. 12, p. 93–96, 1976.

KATOH, K.; ROZEWICKI, J.; YAMADA, K.D. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics*, p. 1–7, 2019.

KARADJIAN, G.; PUECH, M. P.; DUVAL, L.; CHAVATTE, J. M.; SNOUNOU, G.; LANDAU, I. *Haemoproteus syrnii* in *Strix aluco* from France: morphology, stages of sporogony in a hippoboscid fly, molecular characterization and discussion on the identification of *Haemoproteus* species. *Parasite*, v. 20, n. 32, p. 1–11, 2013.

KAYTEE. Education reference guide. 1. ed. Chilton: Kaytee Products, 2008. Disponível em: <http://www.kaytee.com>.

KHAN, J. S.; PROVENCHER, J. F.; FORBES, M. R.; MALLORY, M. L.; LEBARBENCHON, C.; MCCOY, K. D. Parasites of seabirds: a survey of effects and ecological implications. *Advances in Marine Biology*, v. 82, p. 1, 2019.

KIRKPATRICK, C. E.; LAUER, D. M. Hematozoa of raptors from southern New Jersey and adjacent areas. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 21, p. 1–6, 1985.

KOLOKOTRONI, M.; GIRIDHARAN, R. Urban heat island intensity in London: An investigation of the impact of physical characteristics on changes in outdoor air temperature during summer. *Solar Energy*, v. 82, n. 11, p. 986–998, 2008.

KOLTZ, A. M.; CIVITELLO, D. J.; BECKER, D. J.; et al. Sublethal effects of parasitism on ruminants can have cascading consequences for ecosystems. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 119, n. 20, p. e2117381119, 2022.

KOCAN, A. A.; SNELLING, J.; GREINER, E. C. Some infectious and parasitic diseases in Oklahoma raptors. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 13, n. 3, p. 304–306, 1977.

KRAMS, I. A.; SURAKA, V.; RANTALA, M. J.; SEPP, T.; MIERAUSKAS, P.; VRUBLEVSKA, J.; KRAMA, T. Acute infection of avian malaria impairs concentration of haemoglobin and survival in juvenile altricial birds. *Journal of Zoology*, v. 291, p. 34–41, 2013.

KRIZANAUSKIENE, A.; IEZHOVA, T.A.; SEHGAL, R.N.M.; CARLSON, J.S.; PALINAUSKAS, V.; BENSCH, S.; VALKIŪNAS, G. Molecular characterization of *Haemoproteus sacharovi* (Haemosporida, Haemoproteidae), a common parasite of columbiform birds, with remarks on classification of haemoproteids of doves and pigeons. *Zootaxa*, v. 3613, n. 1, p. 85–94, 2013.

KVASAGER, D. Prevalence, statistical trends and phylogenetics of blood parasites (haemosporidia: *Haemoproteus*, *Plasmodium* and *Leucocytozoon*) in songbird passerines from grasslands of northwest Minnesota. 2015. Dissertação (Mestrado) – University of Dakota, Dakota, 2015.

KWASNOSKI, Laura. Prevalence and diversity of avian haemosporidian parasites in North American raptors. Dissertação (Mestrado) — University of Delaware, 2025.

LACHISH, S.; KNOWLES, S. C. L.; ALVES, R.; WOOD, M. J.; SHELDON, B. C. Infection dynamics of endemic malaria in a wild bird population: parasite species-dependent drivers of spatial and temporal variation in transmission rates. *Journal of Animal Ecology*, v. 80, p. 1207–1216, 2011.

LACORTE, G. A.; FÉLIX, G. M. F.; PINHEIRO, R. R. B.; CHAVES, A. V.; NETO, G. A.; NEVES, F. S.; LEITE, L. O.; SANTOS, F. R.; BRAGA, E. M. Exploring the diversity and distribution of Neotropical avian malaria parasites – A molecular survey from Southeast Brazil. *PLoS ONE*, v. 8, n. 3, e57770, 2013.

LAPOINTE D.A.; ATKINSON, C.T.; SAMUEL, M.D. Ecology and conservation biology of avian malaria. *Annals of the new york academy of sciences*, v. 1249, p. 211–226, 2012.

LANDIS, J. R.; KOCH, G. G. The measurement of observer agreement for categorical data. *Biometrics*, v. 33, p. 159–174, 1977.

LEHANE, M. J. The biology of blood-sucking in insects. New York: Cambridge University Press, 2005.

LOISEAU, C.; IEZHOVA, T.; VALKIŪNAS, G.; CHASAR, A.; HUTCHINSON, A.; BUERMANN, W.; SMITH, T. B.; SEHGAL, R. N. M. Spatial variation of haemosporidian parasite infection in African rainforest bird species. *Journal of Parasitology*, v. 96, p. 21–29, 2010.

LOPES, V. L.; COSTA, F. V.; RODRIGUES, R. A.; BRAGA, É. M.; PICHORIM, M.; MOREIRA, P. A. High fidelity defines the temporal consistency of host-parasite interactions in a tropical coastal ecosystem. *Scientific Reports*, v. 10, n. 1, e16839, 2020.

LOPES, P. C. When is it socially acceptable to feel sick? *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 281, p. 20140218, 2014.

LOTTA, I. A.; VALKIŪNAS, G.; PACHECO, M. A.; ESCALANTE, A. A.; HERNÁNDEZ, S. R.; MATTA, N. E. Disentangling *Leucocytozoon* parasite diversity in the Neotropics: descriptions of two new species and shortcomings of molecular diagnostics for leucocytozoids. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, v. 9, p. 159–173, 2019.

LOTTA-ARÉVALO, I. A.; GONZÁLEZ, A. D.; GAMBOA-SUÁREZ, B. A.; PACHECO, M. A.; ESCALANTE, A. A.; MORENO, C.; RODRÍGUEZ-FANDIÑO, O.; CUERVO, A.; MATTA, N. E. Haemosporidians in non-passerine birds of Colombia: an overview of the last 20 years of research. *Diversity*, v. 15, p. 57, 2023.

LÜDTKE, B.; MOSER, I.; SANTIAGO-ALARCÓN, D.; FISCHER, M.; KALKO, E. K. V.; SCHAEFER, H. M.; SUAREZ-RUBIO, M.; TSCHAPKA, M.; RENNER, S. C. Associations of forest type, parasitism and body condition of two European passerines, *Fringilla coelebs* and *Sylvia atricapilla*. *PLOS ONE*, v. 8, p. e81395, 2013.

MACGREGOR-FORS, I.; CARBÓ-RAMÍREZ, P.; BONILLA-MOHENO, M. An introduction to landscape and urban ecology: an avian Haemosporida perspective. In: SANTIAGO-ALARCON, D.; MARZAL, A. (Ed.). *Avian malaria and related parasites in the tropics*. Cham: Springer, 2020.

MANTILLA, J. S.; GONZÁLEZ, A. D.; VALKIŪNAS, G.; MONCADA, L. I.; MATTA, N. E. Description and molecular characterization of *Plasmodium (Novyella) unalis* sp. nov. from the Great Thrush (*Turdus fuscater*) in highland of Colombia. *Parasitology Research*, v. 112, n. 12, p. 4193-4204, 2013.

MARQUES, M. V. R.; JUNIOR, F. C. F.; ANDERY, D. A.; FERNANDES, A. A.; ARAÚJO, A. V.; RESENDE, J. S.; MARTINS, N. R. S. Serologic, parasitic, and bacteriologic assessment of captive cracids (Aves: Galliformes: Cracidae) in Brazil. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, v. 44, n. 1, p. 27-34, 2013.

MARTÍN-MALDONADO, B.; MENCÍA-GUTIÉRREZ, A.; ANDREU-VÁZQUEZ, C.; FERNÁNDEZ, R.; PASTOR-TIBURÓN, N.; ALVARADO, A.; CARRERO, A.; FERNÁNDEZ-NOVO, A.; ESPERÓN, F.; GONZÁLEZ, F. A four-year survey of hemoparasites from nocturnal raptors (Strigiformes) confirms a relation between *Leucocytozoon* and low hematocrit and body condition scores of parasitized birds. *Veterinary Sciences*, v. 10, n. 1, p. 54, 2023.

MARTINEZ-BAKKER, M.; HELM, B. The influence of biological rhythms on host-parasite interactions. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 30, n. 6, p. 314–326, 2015.

MARTÍNEZ-DE LA PUENTE, J.; MERINO, S.; TOMÁS, G.; MORENO, J.; MORALES, J.; LOBATO, E.; GARCÍA-FRAILE, S.; BELDA, E. J. Effects of malaria double infection in birds: one plus one is not two. *Journal of Evolutionary Biology*, v. 21, p. 979–987, 2008.

MARZAL, A.; BENSCH, S.; REVIRIEGO, M.; BALBONTÍN, J.; DE LOPE, F. Effects of malaria double infection in birds: one plus one is not two. *Journal of Evolutionary Biology*, v. 21, p. 979–987, 2008.

MARZAL, A.; RICKLEFS, R. E.; VALKIŪNAS, G.; ALBAYRAK, T.; ARRIERO, E.; BONNEAUD, C. Diversity, loss and gain of malaria parasites in a globally invasive bird. *PLoS ONE*, v. 6, e21905, 2011.

MARZAL, A.; ASGHAR, M.; RODRÍGUEZ, L.; REVIRIEGO, M.; HERMOSOELL, I. G.; BALBONTÍN, J.; GARCÍA-LONGORIA, L.; LOPE, F.; BENSCH, S. Co-infections by malaria parasites decrease feather growth but not feather quality in house martin. *Journal of Avian Biology*, v. 44, p. 437–444, 2013.

MATOSO, R.; CEDROLA, F.; BARINO, G.; DIAS, R.; ROSSI, M.; D'AGOSTO, M.. New morphological and molecular data for *Haemoproteus (H.) paramultipigmentatus* in the Atlantic Forest of Brazil. *Parasitology international*, v. 84, p. 102375, 2021.

MICHEL, K.; KAFATOS, F. C. Mosquito immunity against *Plasmodium*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, v. 35, p. 677-689, 2005.

MINH, B. Q.; SCHMIDT, H. A.; CHERNOMOR, O.; SCHREMPF, D.; WOODHAMS, M. D.; VON HAESELER, A.; LANFEAR, R. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, v. 37, n. 5, p. 1530–1534, 2020.

MOREL, A. P.; WEBSTER A.; PRUSH F.; ANICET M.; MARSICANO G.; TRAININI G.; STOKER J.; GIANI J.; BANDARRA P. M.; ROCHA M. I. S.; ZITELLI L. C.; UMENO K. A.; SOUZA U. A.; DALL'AGNOL B.; RECK J. Molecular detection and phylogenetic relationship of Haemosporida parasites in free-ranging wild raptors from Brazil. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, v. 23, p. 100521, 2021.

MOTTA, R. O. C.; ROMERO MARQUES, M. V.; FERREIRA JUNIOR, F. C.; ANDERY, D. A.; HORTA, R. S.; PEIXOTO, R. B.; LACORTE, G. A.; MOREIRA, P. A.; PAES LEME, F. O.; MELO, M. M.; MARTINS, N. R. D. S.; BRAGA, É. M. Does haemosporidian infection affect hematological and biochemical profiles of the endangered Black-fronted piping-guan (*Aburria jacutinga*)? *PeerJ*, v. 1, e45, 2013.

MUSA, S. Mitochondrial genome amplification of avian haemosporidian parasites from single-infected wildlife samples using a novel nested PCR approach. *Parasitology Research*, v. 122, p. 2967-2975, 2023.

MUKHIN, A.; PALINAUSKAS, V.; PLATONOVA, E.; KOBYLKOV, D.; VAKOLIUK, I. et al. The strategy to survive primary malaria infection: an experimental study on behavioural changes in parasitized birds. *PLoS ONE*, v. 11, n. 7, e0159216, 2016.

OLIAS, P.; WEGELIN, M.; ZENKER, W.; FRETER, S.; GRUBER, A. D.; KLOPFLEISCH, R. Avian malaria deaths in parrots. *Europe Emerging Infectious Diseases*, v. 17, n. 5, p. 950-952, 2011.

OLIAS, P.; WEGELIN, M.; ZENKER, W.; FRETER, S.; GRUBER, A. D.; KLOPFLEISCH, R. Avian malaria deaths in parrots. *Journal of Infectious Diseases*, p. S9-S15, 2009.

OLIVEIRA, L.; DIAS, R. J. P.; ROSSI, M. F.; et al. Molecular diversity and coalescent species delimitation of avian haemosporidian parasites in an endemic bird species of South America. *Parasitology Research*, v. 119, p. 4033-4047, 2020.

OLIVEIRA, L.; CEDROLA, F.; SENRA, M.V.X.; SCOPEL, K.K.G.; MARTINELE, I.; TOSTES, R.; DIAS, R.J.P.; D'AGOSTO, M. Polymorphism evidence in *Plasmodium (Haemamoeba) lutzi* Lucena, 1939 (Apicomplexa, Haemosporida) isolated from Brazilian wild birds. *Parasitology International*, v. 70, p. 70-76, 2019.

OMAR, A. R.; LIM, S. Y. Experimental *Plasmodium gallinaceum* infection in chickens of indigenous Malayan breed. *Journal of the Malayan Veterinary Medical Association*, v. 3, p. 81–104, 1962.

ORTIZ-CATEDRAL, L.; BRUNTON, D.; STIDWORTHY, M. F.; ELSHEIKHA, H. M.; PENNYCOTT, T.; SCHULZE, C.; BRAUN, M.; WINK, M.; GERLACH, H.; PENDL, H.; GRUBER, A. D.; EWEN, J.; PÉREZ-TRIS, J.; VALKIŪNAS, G.; OLIAS, P. *Haemoproteus minutus* is highly virulent for Australasian and South American parrots. *Parasites & Vectors*, v. 12, n. 1, e40, 2019.

O'CONNOR, E. A.; STRANDH, M.; HASSELQUIST, D.; NILSSON, J.-Å.; WESTERDAHL, H. The evolution of highly variable immunity genes across a passerine bird radiation. *Molecular Ecology*, v. 25, n. 4, p. 977–989, 2016.

OLSEN, G.; GAUNT, S. Effect of hemoprotozoal infections on rehabilitation of wild raptors. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, v. 187, p. 1–4, 1985.

PACHECO, M. A.; MATTA, N. E.; VALKIŪNAS, G.; PARKER, P. G.; MELLO, B.; STANLEY, C. E. Jr.; LENTINO, M.; GARCIA-AMADO, M. A.; CRANFIELD, M.; KOSAKOVSKY POND, S. L.; ESCALANTE, A. A. Mode and rate of evolution of haemosporidian mitochondrial genomes: timing the radiation of avian parasites. *Molecular Biology and Evolution*, v. 35, n. 2, p. 383-403, 2018.

PACHECO, M. A.; ESCALANTE, A. A. Origin and diversity of malaria parasites and other Haemosporida. *Trends in Parasitology*, 2023.

PACHECO, M. A.; FERREIRA, F. C.; LOGAN, C. J.; McCUNE, K. B.; MACPHERSON, M. P.; ALBINO MIRANDA, S.; SANTIAGO-ALARCON, D.; ESCALANTE, A. A. Great-tailed grackles (*Quiscalus mexicanus*) as a tolerant host of avian malaria parasites. *PLoS ONE*, v. 17, e0268161, 2022.

PALINAUSKAS, V.; KOSAREV, V.; SHAPOVAL, A.; BENSCH, S.; VALKIŪNAS, G. Comparison of mitochondrial cytochrome b lineages and morphospecies of two avian malaria parasites of the subgenera *Haemamoeba* and *Giovannolaia* (Haemosporida: Plasmodiidae). *Zootaxa*, v. 1626, p. 39–50, 2007.

PALINAUSKAS, V.; VALKIŪNAS, G.; BOLSHAKOV, C. V.; BENSCH, S. *Plasmodium relictum* (lineage P-SGS1): effects on experimentally infected passerine birds. *Experimental Parasitology*, v. 120, p. 372–380, 2008.

PALINAUSKAS, V.; VALKIŪNAS, G.; BOLSHAKOV, C. V.; BENSCH, S. *Plasmodium relictum* (lineage SGS1) and *Plasmodium ashfordi* (lineage GRW2): the effects of the co-infection on experimentally infected passerine birds. *Experimental Parasitology*, v. 127, p. 527–533, 2011.

PALINAUSKAS, V.; ZIEGYTE, R.; ILGŪNAS, M.; IEZHOVA, T. A.; BERNOTIENE, R.; BOLSHAKOV, C.; VALKIŪNAS, G. Description of the first cryptic avian malaria parasite, *Plasmodium homocircumflexum* n. sp., with experimental data on its virulence and development in avian hosts and mosquitoes. *International Journal for Parasitology*, v. 45, n. 1, p. 51-62, 2015.

PANAYOTOVA-PENCHEVA, M. S. Parasites in captive animals: a review of studies in some European zoos. *Der Zoologische Garten*, v. 82, n. 1-2, p. 60-71, 2013.

PAUL, R. E.; ARIEY, F.; ROBERT, V. The evolutionary ecology of *Plasmodium*. *Ecology Letters*, v. 6, n. 9, p. 866-880, 2003.

PENHA, V. A. S.; DOMINGOS, F. M. C. B.; FECCHIO, A.; BELL, J. A.; WECKSTEIN, J. D.; RICKLEFS, R. E.; et al. Host life-history traits predict haemosporidian parasite prevalence in tanagers (Aves: Thraupidae). *Parasitology*, v. 150, n. 1, p. 32-41, 2023.

PERKINS, S. L. Species concepts and malaria parasites: Detecting a cryptic species of *Plasmodium*. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, v. 267, p. 2345–2350, 2000.

POULIN, R. The rise of ecological parasitology: twelve landmark advances that changed its history. *International Journal for Parasitology*, v. 51, n. 13-14, p. 1073-1084, 2021.

PORNPANOM, P.; KASORNDORKBUA, C.; LERTWATCHARASARAKUL, P.; SALAKIJ, C. Prevalence and genetic diversity of *Haemoproteus* and *Plasmodium* in raptors from Thailand: Data from rehabilitation center. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, v. 16, p. 75-82, 2021.

RAIDA, S. R.; JAENSCH, S. M. Central nervous disease and blindness in Nankeen kestrels (*Falco cenchroides*) due to a novel *Leucocytozoon*-like infection. *Avian Pathology*, v. 29, p. 51-56, 2000.

RÅBERG, L.; GRAHAM, A. L.; READ, A. F. Decomposing health: tolerance and resistance to parasites in animals. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, v. 364, n. 1513, p. 37–49, 2009.

REMPLE, J. D. Intracellular Hematozoa of Raptors: A Review and Update. *Journal of Avian Medicine and Surgery*, [s. l.], v. 18, n. 2, p. 75-88, 2004.

RIBEIRO, S. F.; SEBAIO, F.; BRANQUINHO, F. C. S.; MARINE, M. Â.; VAGO, A. R.; BRAGA, E. M. Avian malaria in Brazilian passerine birds: parasitism detected by

nested PCR using DNA from stained blood smears. *Parasitology*, [s. l.], v. 130, p. 261-267, 2005.

RIBEIRO, P. V. A.; BAESSE, C. Q.; TOLENTINO, V. C. de M.; OLIVEIRA, M. M. de; CUNHA, M. J. R. da; MELO, C.; CURY, M. C. Haemosporidian parasites prevalence associated with physical conditioning of avian species from the Brazilian Cerrado. *Ciência e Natura*, v. 42, 2020.

RICKLEFS, R. E.; FALLON, S. Diversification and host switching in avian malaria parasites. *Proceedings of the Royal Society of London B*. [s. l.], v. 269, p.885-892, 2002.

RODRIGUES, R. A.; FELIX, G. M. F.; PICHORIM, M.; MOREIRA, P. A.; BRAGA, É. M. Host migration and environmental temperature influence avian haemosporidians prevalence: a molecular survey in a Brazilian Atlantic rainforest. *PeerJ*, v. 9, e11555, 2021.

RODRIGUES, R. A.; MASSARA, R. L.; BAILEY, L. L.; PICHORIM, M.; MOREIRA, P. A.; BRAGA, É. M. Using a multistate occupancy approach to determine molecular diagnostic accuracy and factors affecting avian haemosporidian infections. *Scientific Reports*, v. 10, n. 1, p. 8480, 2020.

SACCHI, A. B. V.; ANDRÉ, M. R.; CALCHI, A. C.; DE SANTI, M.; GUIMARÃES, A.; PIRES, J. R.; BALDANI, C. D.; WERTHER, K.; MACHADO, R. Z. Molecular and serological detection of arthropod-borne pathogens in carnivorous birds from Brazil. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, v. 23, p. 100539, 2021.

SANGER, Fred; COULSON, Alan R. A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase. *Journal of molecular biology*, v. 94, n. 3, p. 441-448, 1975.

SAINSBURY, A. W.; VAUGHAN-HIGGINS, R. J. Analyzing disease risks associated with translocations. *Conservation Biology*, v. 26, p. 442–452, 2012.

SANTOS, C. C.; MARTINS, N. S.; SILVA, N. F.; LIGNON, J. S.; MARTINS, K. R.; DADA, O. A.; et al. Molecular detection of *Haemoproteus columbae* Kruse, 1890 (Haemospororida: Haemoproteidae) in *Columba livia* Gmelin, 1789 (Columbiformes: Columbidae) in southern Brazil. *Brazilian Journal of Veterinary Parasitology*, v. 34, n. 2, e018524, 2025.

SGARIONI, A. Z.; SERAFINI, P.; PEREIRA, A.; EMMERICH, T.; PONTES, T. P.; MACHADO, D. C.; RIBEIRO, P. R.; AMORIM, D. B.; KLAFKE, G.; RECK, J. Molecular survey of haemosporidian parasites in Procellariiformes sampled in Southern Brazil, 2013–2022. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 60, n. 2, p. 413–420, 2024.

SHELDON, B. C.; VERHULST, S. Ecological immunology: costly parasite defences and trade-offs in evolutionary ecology. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 11, p. 317–321, 1996.

SEBAIO, F.; BRAGA, E. M.; BRANQUINHO, F.; FECCHIO, A.; MARINI, M. Â. Blood parasites in passerine birds from the Brazilian Atlantic Forest. *Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária*, v. 21, n. 1, p. 7–15, 2012.

SCHMID, S.; FACHET, K.; DINKEL, A. et al. Carrion crows (*Corvus corone*) of southwest Germany: important hosts for haemosporidian parasites. *Malaria Journal*, v. 16, p. 369, 2017.

SCHOENER, E.; TOMPKINS, D.; PARKER, K.; HOWE, L.; CASTRO, I. Presence and diversity of mixed avian *Plasmodium* spp. infections in introduced birds whose distribution overlapped with threatened New Zealand endemic birds. *New Zealand Veterinary Journal*, v. 68, n. 2, p. 101–106, 2020.

SCHUMM, Y. R.; WECKER, C.; MAREK, C.; WASSMUTH, M.; BENTELE, A.; WILLEMS, H.; et al. Blood parasites in Passeriformes in central Germany: prevalence and lineage diversity of Haemosporida (*Haemoproteus*, *Plasmodium* and *Leucocytozoon*) in six common songbirds. *PeerJ*, v. 6, e6259, 2019.

SICK, H. *Birds in Brazil: a natural history*. Princeton: Princeton University Press, 1993.

SILVA-PEREIRA, I. Amplificação de DNA por PCR. In: AZEVEDO, O.; FELIPE, M.S.S.; BRÍGIDO, M.M.; MARANHÃO, A.Q.; DE-SOUZA, M.T. *Técnicas básicas em Biologia Molecular*. Brasília: Ed. Universidade de Brasília, Brasília, 2003. p. 99-100.

SILVA, C. P.; SEPÚLVEDA, R. D.; BARBOSA, O. Nonrandom filtering effect on birds: species and guilds response to urbanization. *Ecology and Evolution*, v. 6, p. 3711–3720, 2016.

SIJBRANDA, D.; GARTRELL, B.; GRANGE, Z.; HOWE, L. Use of a real-time PCR to explore the intensity of *Plasmodium* spp. infections in native, endemic and introduced New Zealand birds. *Parasitology*, v. 144, n. 13, p. 1743–1751, 2017.

SORCI, G. Immunity, resistance and tolerance in bird–parasite interactions. *Parasite Immunology*, v. 35, n. 11, p. 350–361, 2013.

SOARES, L.; ELLIS, V. A.; RICKLEFS, R. E. Co-infections of haemosporidian and trypanosome parasites in a North American songbird. *Parasitology*, v. 143, n. 14, p. 1900–1908, 2016.

SOL, D.; BARTOMEUS, I.; GONZÁLEZ-LAGOS, C.; PAVOINE, S. Urbanisation and the loss of phylogenetic diversity in birds. *Ecology Letters*, v. 20, p. 721–729, 2017.

SOULSBURY, C. D.; WHITE, P. C. L. Human-wildlife interactions in urban areas: a review of conflicts, benefits and opportunities. *Wildlife Research*, v. 42, n. 7, p. 541–553, 2015.

SORTE, F. A. L.; LEPCZYK, C. A.; ARONSON, M. F. J.; GODDARD, M. A.; HEDBLUM, M.; KATTI, M.; MACGREGOR-FORS, I.; MÖRTBERG, U.; NILSON, C. H.; WARREN, P. S.; WILLIAMS, N. S. G.; YANG, J. The phylogenetic and functional diversity of regional breeding bird assemblages is reduced and constricted through urbanization. *Diversity and Distributions*, v. 24, p. 928–938, 2018.

SUPRIHATI, E.; SUPRANIANONDO, K.; TRIAKOSO, N.; YUNIARTI, W. M. Histopathological studies on *Leucocytozoon caulleryi* infection on broiler in endemic area of Indonesia. *Systematic Reviews in Pharmacy*, v. 11, n. 11, p. 1219-1223, 2020.

TALAVERA, G.; CASTRESANA, J. Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments. *Systematic Biology*. v. 56, p. 564-577, 2007.

TATTONI, D. J.; LA BARBERA, K. A simple method to estimate capture height biases at landbird banding stations: opportunities and limitations. *Journal of Field Ornithology*, v. 94, n. 4, p. 6, 2023.

TAYLOR, C. H.; FRIBERG, I. M.; JACKSON, J. A.; et al. Living with chronic infection: persistent immunomodulation during avirulent haemoparasitic infection in a wild rodent. *Molecular Ecology*, v. 32, n. 5, p. 1197–1210, 2023.

TOSCANI-FIELD, J.; WEINBERG, J.; BENSCH, S.; et al. Delineation of the genera *Haemoproteus* and *Plasmodium* using RNA-Seq and multi-gene phylogenetics. *Journal of Molecular Evolution*, v. 86, n. 9, p. 646-654, 2018.

TOSTES, R.; DIAS, R. J.; DAEMON, E. P.; D'AGOSTO, M. Malária em aves silvestres da Mata Atlântica de Minas Gerais mantidas em cativeiro: diagnóstico parasitológico e molecular, e caracterização bioquímica e histopatológica. *Revista Brasileira Parasitologia Veterinária, Seropédica*. v. 25, p. 7-15, 2015.

TOSTES, R.; DIAS, R.J.P.; OLIVEIRA, L.; SENRA, M.V.; MASSARD, C.L.; D'AGOSTO, M. Molecular and morphological characterization of a brazilian lineage of *Plasmodium* (*Novyella*) *unalis* in *Turdus* spp. (Passeriformes) of the Atlantic Forest, with remarks on new hosts and high genetic variation. *The Journal of Parasitology*, v. 104, n. 1, p. 70–78, 2017.

TOSTES, R.; DIAS, R.J.P.; OLIVEIRA, L.; SENRA, M.V.; MASSARD, C.L.; D'AGOSTO, M. Molecular and morphological characterization of a brazilian lineage of *Plasmodium* (*Novyella*) *unalis* in *Turdus* spp. (Passeriformes) of the Atlantic Forest, with remarks on new hosts and high genetic variation. *The Journal of Parasitology*, v. 104(1), p. 70–78, 2018.

TURCOTTE, A.; BÉLISLE, M.; PELLETIER, F.; GARANT, D. Environmental determinants of haemosporidian parasite prevalence in a declining population of tree swallows. *Parasitology*, v. 145, p. 961–970, 2017.

VALKIŪNAS, G. Avian malaria parasites and other Haemosporidia. Boca Raton: CRC Press, 2005. 946 p.

VALKIŪNAS, G.; ATKINSON, C. T. Introduction to Life Cycles, Taxonomy, Distribution, and Basic Research Techniques. In: SANTIAGO-ALARCON, D.; MARZAL, A. (orgs.). *Avian Malaria and Related Parasites in the Tropics*. Cham: Springer International Publishing, 2020. p. 45–80.

VALKIŪNAS, G.; BENSCH, S.; IEZHOVA, T. A.; KRIZANAUSKIENĖ, A.; HELLGREN, O.; BOLSHAKOV, C. V. Nested cytochrome b polymerase chain reaction diagnostics underestimate mixed infections of avian blood haemosporidian parasites: microscopy is still essential. *Journal of Parasitology*, v. 92, n. 2, p. 418–422, 2006a.

VALKIŪNAS, G.; ZICKUS, T.; SHAPOVAL, A. P.; IEZHOVA, T. A. Effect of *Haemoproteus belopolskyi* (Haemosporida: Haemoproteidae) on body mass of the blackcap *Sylvia atricapilla*. Journal of Parasitology, v. 92, p. 1123–1125, 2006b.

VALKIŪNAS, G.; IEZHOVA, T. A. Exo-erythrocytic development of avian malaria and related haemosporidian parasites. Malaria Journal, [s. l.], v. 16, n. 1, p. 101-125, 2017.

VALKIŪNAS, G.; IEZHOVA, T. A. Keys to the avian *Haemoproteus* parasites (Haemosporida, Haemoproteidae). Malarian Journal, v. 21, p. 269, 2022.

VALKIŪNAS, G.; IEZHOVA, T. A. Insights into the biology of *Leucocytozoon* species (Haemosporida: Leucocytozoidae): why is there slow research progress on agents of leucocytozoonosis? Microorganisms, v. 11, n. 5, p. 1251, 2023.

VALKIŪNAS, G.; IEZHOVA, T. A.; KRIZANAUSKIENĖ, A.; PALINAUSKAS, V.; SEHGAL, R. N. M.; BENSCH, S. A comparative analysis of microscopy and pcr-based detection methods for blood parasites. Journal of Parasitology, [s. l.], v. 94, n. 6, p. 1395-1401, 2008.

VALKIŪNAS, G.; IEZHOVA, T.A. Keys to the avian malaria parasites. Malaria Journal, [s. l.], v.17, p.212, 2018.

VALKIŪNAS, G.; PALINAUSKAS, V.; ILGŪNAS, M.; BUKAUSKAITĖ, D.; DIMITROV, D.; BERNOTIENĖ, R.; ZEHTINDJIEV, P.; ILIEVA, M.; IEZHOVA, T. A. Molecular characterization of five widespread avian haemosporidian parasites (Haemosporida), with perspectives on the PCR-based detection of haemosporidians in wildlife. Parasitology Research. [s. l.], v.113, n.6, p.2251-2263, 2014.

VALKIŪNAS, G.; PALINAUSKAS, V.; KRIŽANAUSKIENĖ, A.; BERNOTIENĖ, R.; KAZLAUSKIENĖ, R.; IEZHOVA, T.A. Further observations on in vitro hybridization of hemosporidian parasites: patterns of ookinete development in *Haemoproteus* spp. The Journal of Parasitology, v. 99, n. 1, p. 124–136, 2013.

VAN HEMERT, C.; MEIXELL, B. W.; SMITH, M. M.; HANDEL, C. M. Prevalence and diversity of avian blood parasites in a resident northern passerine. Parasites & Vectors, v. 12, n. 1, p. 292, 2019.

VAN RIPER III, C.; VAN RIPER, S. G.; GOFF, M. L.; LAIRD M. The epizootiology and ecological significance of malaria in Hawaiian USA land birds. Ecological Monographs, v. 56, n. 4, p. 327-344, 1986.

VANSTREELS, R. E. T.; PARSONS, N. J. Malária aviária e outros hemosporídeos aviários. Em: SILVA, J.C.R.; CATÃO-DIAS, J.L. Tratado de animais selvagens. 2. ed. Sao Paulo (Brasil): Editora Roca, 2014.

VANSTREELS, R. E.; KOLESNIKOVAS, C. K.; SANDRI, S.; SILVEIRA, P.; BELO, N. O.; FERREIRA-JUNIOR, F.C.; EPIPHANIO, S.; STEINDEL, M.; BRAGA, E. M.; CATÃO DIAS, J. L. Outbreak of avian malaria associated to multiple species of *Plasmodium* in Magellanic penguins undergoing rehabilitation in southern Brazil. PLoS ONE, v. 9, e94994, 2014.

VANSTREELS, R. E. T.; ANJOS, C. C.; LEANDRO, H. J.; CARVALHO, A. de M.; SANTOS, A. P.; EGERT, L.; HURTADO, R.; CARVALHO, E. C.; BRAGA, É. M.; KIRCHGATTER, K. A new haemosporidian parasite from the red-legged seriema (*Cariama cristata*) (Cariamiformes, Cariamidae). *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, v. 18, p. 12-19, 2022.

VANSTREELS, R. E. T.; DA SILVA-FILHO, R. P.; KOLESNIKOVAS, C. K. M.; BHERING, R. C. C.; RUOPPOLO, V.; EPIPHANIO, S.; AMAKU, M.; FERREIRA JUNIOR, F. C. F.; BRAGA, É. M.; CATÃO-DIAS, J. Epidemiology and pathology of avian malaria in penguins undergoing rehabilitation in Brazil. *Veterinary Research*, v. 46, p. 30, 2015.

VIEIRA, L. M. de C.; PEREIRA, P. H. O.; VILELA, D. A. da R.; LANDAU, I.; PACHECO, M. A.; ESCALANTE, A. A.; FERREIRA, F. C.; BRAGA, É. M. *Leucocytozoon cariamae* n. sp. and *Haemoproteus pulcher* coinfection in *Cariama cristata* (Aves: Cariamiformes): first mitochondrial genome analysis and morphological description of a leucocytozoid in Brazil. *Parasitology*, v. 150, p. 1296-1306, 2023.

VIEIRA, L. M. C.; EPIPHANIO, S.; FERNANDES, N. C. C. de A.; GUERRA, J. M.; CATÃO-DIAS, J. L.; PACHECO, M. A.; ESCALANTE, A. A.; BRAGA, É. M. Unraveling the host range of *Plasmodium huffi*: morphological, histopathological and molecular characterization in red-legged seriemas from Brazil. *Parasitology*, v. 152, p. 156-171, 2025a.

WALDENSTRÖM, J.; BENSCH, S.; HASSELQUIST, D.; OSTMAN, O. A new nested polymerase chain reaction method very efficient in detecting *Plasmodium* and *Haemoproteus* infections from avian blood. *Journal of Parasitology*, v. 90, n. 1, p. 191-194, 2004.

WARNER, R. E. The role of introduced diseases in the extinction of the endemic Hawaiian avifauna. *Condor*, v. 70, p. 101-120, 1968.

WELICKY, R. L.; SIKKEL, P. C. Decreased movement related to parasite infection in a diel migratory coral reef fish. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, v. 69, p. 1437–1446, 2015.

WILLIAMS, R. B. Avian malaria: clinical and chemical pathology of *Plasmodium gallinaceum* in the domesticated fowl *Gallus gallus*. *Avian Pathology*, v. 34, n. 1, p. 29-47, 2005.

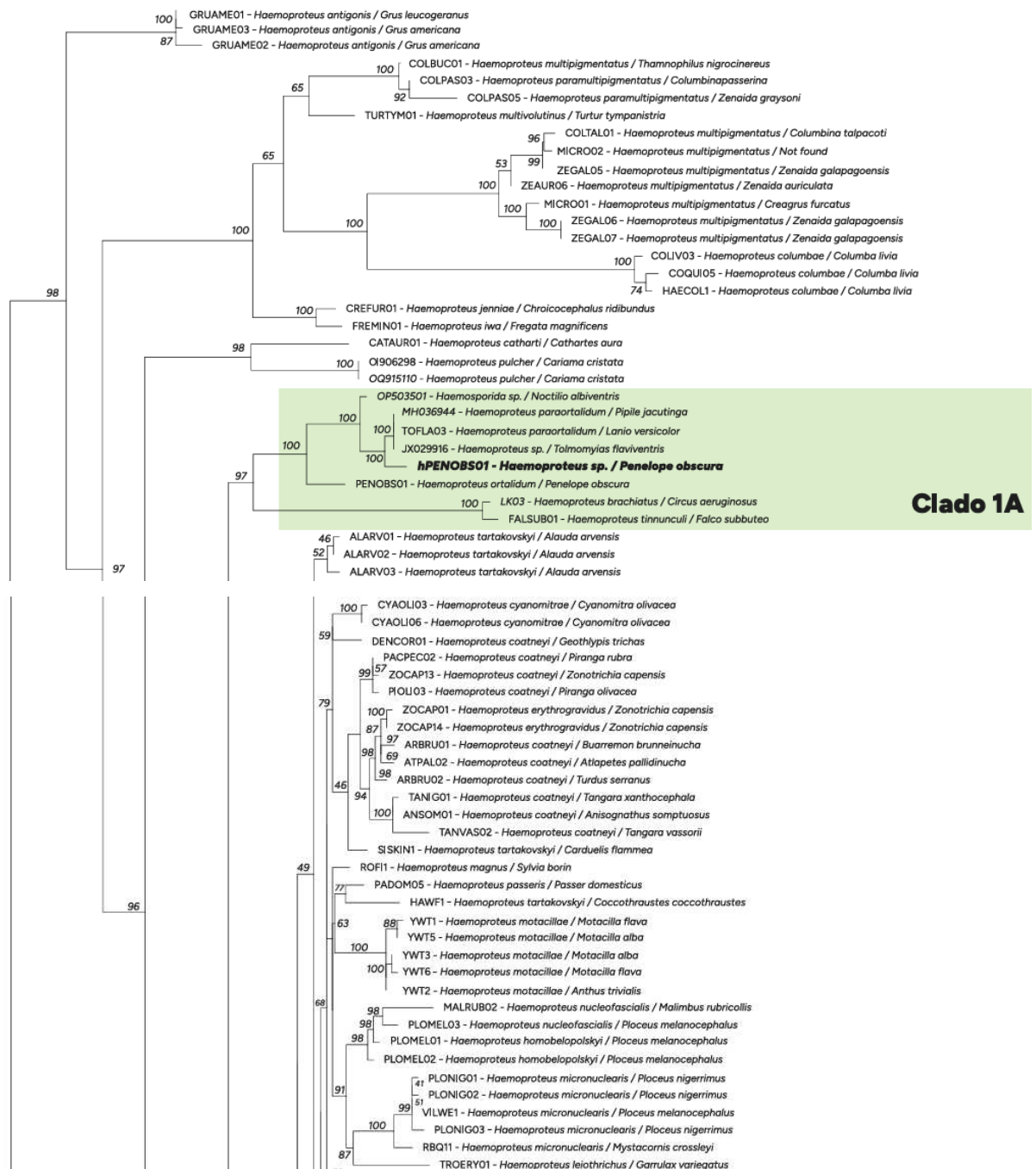
YAMADA, K. A.; SHERMAN, I. W. Purine metabolism by the avian malarial parasite *Plasmodium lophurae*. *Molecular and Biochemical Parasitology*, v. 3, n. 4, p. 253-264, 1981.

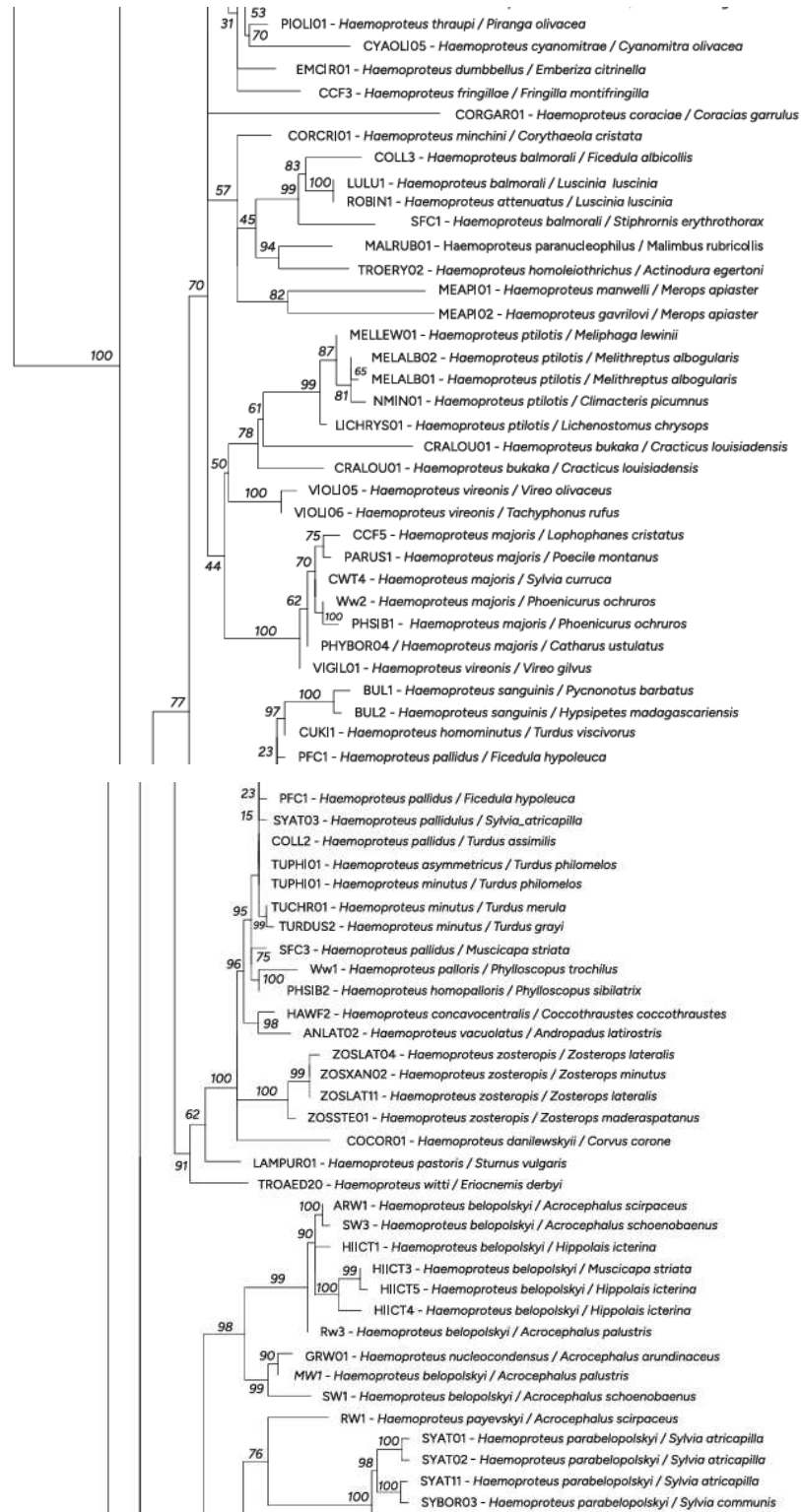
YOSHIMOTO, M.; OZAWA, K.; KONDO, H.; ECHIGOYA, Y.; SHIBUYA, H.; SATO, Y.; SEHGAL, R. A fatal case of a captive snowy owl (*Bubo scandiacus*) with *Haemoproteus* infection in Japan. *Parasitology Research*, v. 120, p. 1-12, 2021.

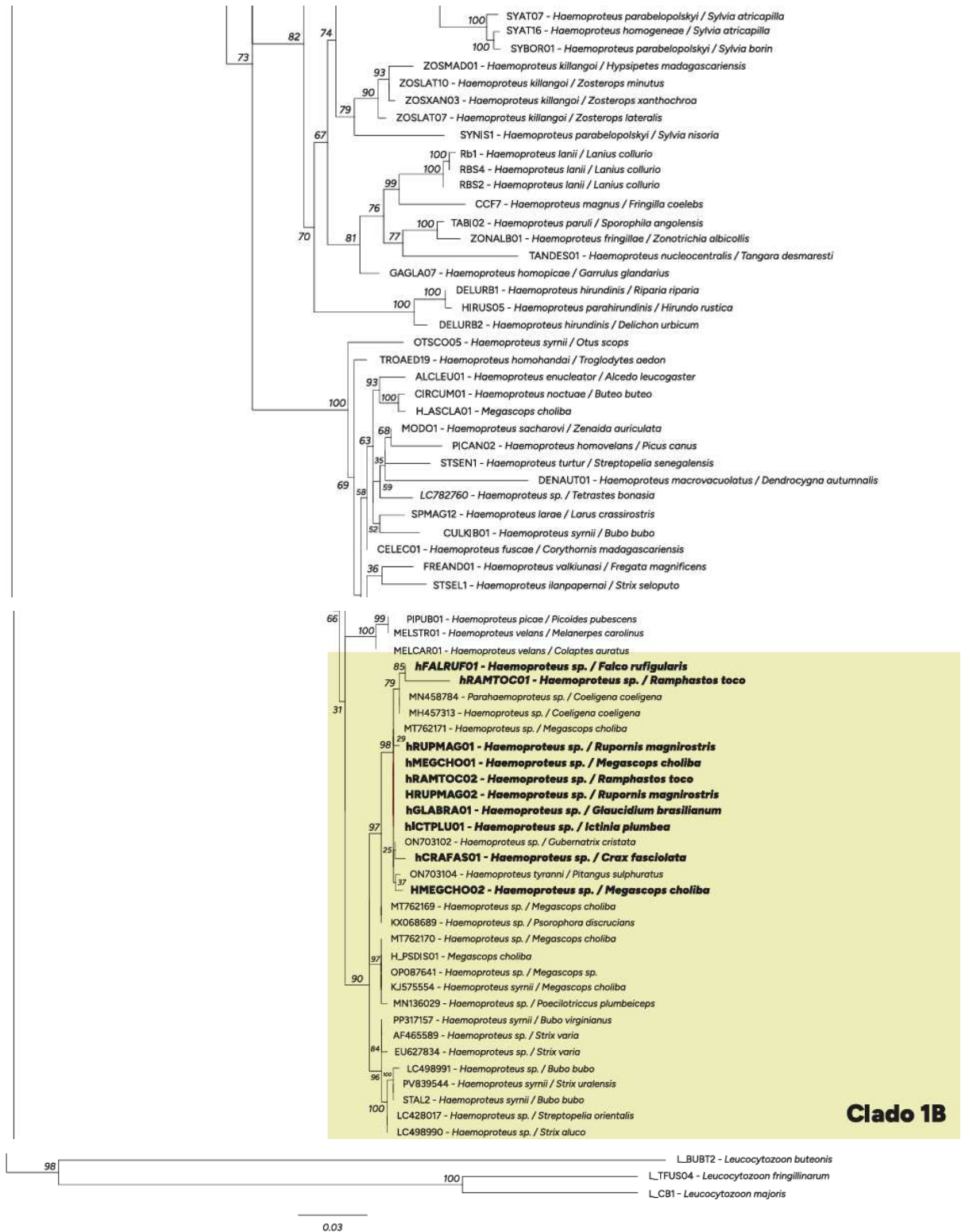
ZEHTINDJIEV, P.; KRIŽANAUSKIENĖ, A.; BENSCH, S.; PALINAUSKAS, V.; ASGHAR, M.; DIMITROV, D.; SCEBBA, S.; VALKIŪNAS, G. A new morphologically distinct avian malaria parasite that fails detection by established polymerase chain

reaction-based protocols for amplification of the cytochrome b gene. *The Journal of Parasitology*, v. 98, p. 657–665, 2012.

ANEXO A - Árvore filogenética obtida por Máxima Verossimilhança a partir de sequências do gene *cytb* do gênero *Haemoproteus*. A filogenia de Máxima Verossimilhança foi baseada em sequências do gene *cytb*, utilizando como grupo externo cinco linhagens de *Leucocytozoon* spp. Sequências obtidas no presente estudo estão indicadas em negrito, enquanto a caixa destacada delimita o clado que reúne as sequências geradas neste estudo juntamente com outras linhagens identificadas. Antes de cada sequência, consta o código seguido pelo nome obtido do GenBank ou MalAvi e após, a espécie de hospedeiro aviário.

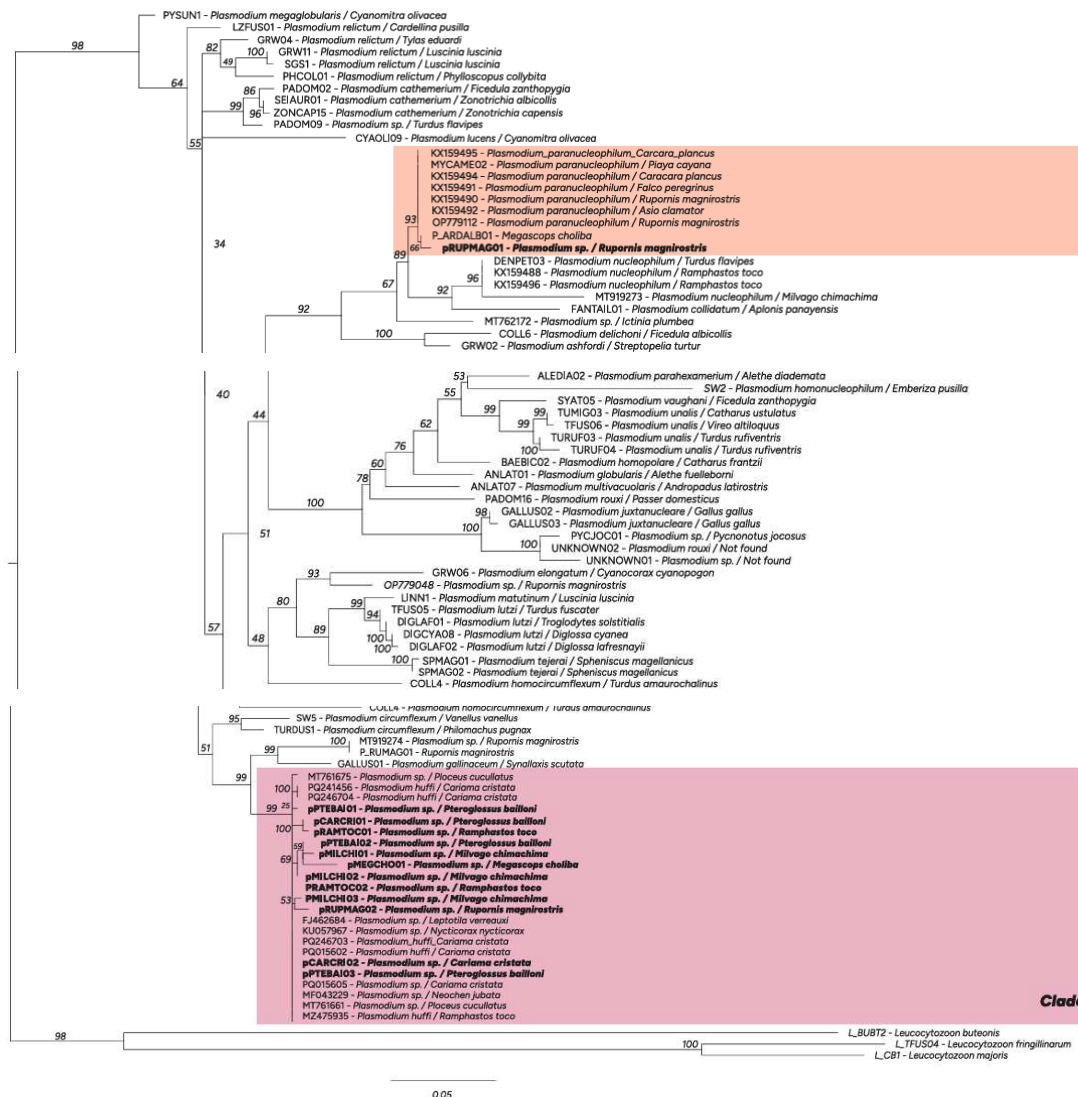






Fonte: Elaborada pela autora (2025).

ANEXO B - Árvore filogenética obtida por Máxima Verossimilhança a partir de sequências do gene *cytb* do gênero *Plasmodium*. A filogenia de Máxima Verossimilhança foi baseada em sequências do gene *cytb*, utilizando como grupo externo cinco linhagens de *Leucocytozoon* spp. Sequências obtidas no presente estudo estão indicadas em negrito, enquanto a caixa destacada delimita o clado que reúne as sequências geradas neste estudo juntamente com outras linhagens identificadas. Antes de cada sequência, consta o código seguido pelo nome obtido do GenBank ou MalAvi e após, a espécie de hospedeiro aviário.



Fonte: Elaborada pela autora (2025).