

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI KUTATÓINTÉZETE

1581 Budapest, Postafiók 18

Tel: 467-4060 Fax: 467-4076

E-mail: harrach@vmri.hu

Honlap: www.vmri.hu

Beszámoló a 2006. évi tudományos tevékenységről

I. A Kutatóintézet fő feladatai a beszámolási évben

Az intézet a hazai állatorvos-tudomány egyetlen főhivatású kutatóhelye és e terület molekuláris mikrobiológiai kutatási bázisa. Legfőbb feladata alap kutatások végzése az állategészségügyi szempontból jelentős kórokozók (vírusok, baktériumok, mycoplasmák, paraziták) jobb megismerésére. További feladat az eredmények gyakorlatban való hasznosításának előkészítése, korszerű és hatékony diagnosztikai módszerek, vakcinák és védekezési eljárások kidolgozása. A kutatás és fejlesztés mellett a kutatók jelentős szerepet vállalnak az agrár- és természettudományi felsőoktatásban, főleg a posztgraduális (PhD) képzésben, valamint állatorvosok továbbképzésében is. A *virológiai témacsoportok* fő kutatási területe a háziállatok néhány jelentősebb vírusos fertőzöttsége. A kórokozó vírusok immunológiai tulajdonságainak és genomjuk molekuláris szintű elemzése megteremti az alapjait új típusú diagnosztikai módszerek és vakcinák kidolgozásának, molekuláris járványtani vizsgálatoknak, illetve a filogenetikai viszonyokat hűen tükröző rendszertan kialakításának. A *bakteriológiai és mycoplasmatológiai témacsoportok* feladata az egyes, közegészségügyi és állategészségügyi, valamint összehasonlító kórtani szempontból fontos baktériumok (*Salmonella*, *E. coli*, *Bordetella*, *Pasteurella*) és mycoplasmák virulenciájának és a virulencia genetikai hátterének vizsgálata, valamint ezen ismereteknek a védekezésben és a diagnosztikában való hasznosítása, különös tekintettel az élelmiszerbiztonságra és az állatról emberre terjedő betegségek megelőzésére. A *halkórtani témacsoport* feladata a természetes vizekben élő halak, elsősorban a Balaton és vízrendszere, a Duna, valamint tógazdaságok ivadék-korosztályú halainak rendszeres vizsgálata a paraziták által okozott károsodások felmérésére, valamint a nyálkaspórák élősködők fejlődésének, kórtanának és változatosságának kísérletes és molekuláris vizsgálata. A témacsoport feladata a halélősködő kokcidiumok előfordulására, fejlődésére, kórtanára és gazda-fajlagosságára vonatkozóan kutatás, valamint halélősködők vízből és köztigazda szervezetekből való gyors kimutatására szolgáló gyorsdiagnosztikai módszer kifejlesztése.

II. Az év folyamán elért kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények, azok gazdasági-társadalmi haszna

Virologiai kutatások

Eddig ismeretlen emberi és állati adenovírusok azonosítása és genetikai vizsgálata

A madárinfluenza-veszély kapcsán ismételt felmerült a vadállatokból emberre vagy háziállatokra átterjedő vírusok veszélyességének kérdése. E vírusok körét csak most kezdik felismerni, konkrét gazdasági vagy közegészségügyi jelentőségük vitatott, és a legtöbb esetben nincs a kimutatásukra alkalmas módszer. Ugyanakkor könnyen belátható, hogy a környezetünkben élő vadállatokban esetleg nagy gyakorisággal előforduló vírusok valamilyen véletlen kapcsán gazdát válthatnak, és váratlanul erős kórokozó képességgel jelentkezhetnek emberben vagy gazdasági állatainkban. Az intézet kutatói nagyszabású felmérést kezdtek annak megállapítására, hogy a vadállatokban, elsősorban a vadmadarakban milyen gyakori az adenovírusok előfordulása, és különböznek-e a háziállatokban találtaktól. Több száz, magyar, osztrák és svájci mintát vizsgáltak a korábban általuk leközölt, meglehetősen érzékeny, két-körös (nested) PCR módszerrel, ami használható az összes adenovírus kimutatására, azaz halaktól az emberig minden gerinces adenovírusának felfedezésére. Meglepően nagy számú eddig ismeretlen madár adenovírust találtak. Ezeket a PCR során felsokszorozott, jellegzetes genomszakasz nukleotid sorrendjének meghatározásával jellemezték. A csoport kutatóinak javaslatára nemrégiben kialakított egyik új nemzetség, a *Siadenovirus* korábban mindössze két tagot számlált. Most ez a szám megnégyszereződött. Különösen érdekesnek bizonyult, hogy fekete rigókban három különböző adenovírus nemzetségbe tartozó, új adenovírusokat is találtak. Ausztriából származó mintákból 8 esetben sikerült gyakorlatilag ugyanazt a rigó-adenovírust kimutatni, ami már aktív járványra utal. (Esetleg ennek is köze lehet ahhoz, hogy Ausztriában számottevően megcsappant a rigó-állomány.) Ugyanezt a vírust eddig nem találták meg magyar és svájci rigókban, melyekben más

nemzetséghez tartozó adenovírusokat tudtak kimutatni. Néhány fokozottan védett madár (pl. nagyköcsag, karvaly, cserregő nádiposzáta, jégmadár, zöldike, széncinege, vörösbegy, csonttollú, stb.) elhullott egyedekből is mutattak ki adenovírust. A detektált vírusok túlnyomó többsége új típusúhoz, illetve vírusfajhoz tartozónak bizonyult, tehát nem csak a házi baromfiban előforduló, ismert típusok cirkulálnak a természetben. Gyakorlati szempontból az eredményeknek környezetvédelmi és állategészségügyi vonatkozásai lehetnek. Elméleti szempontból jelentős adatokat nyertek az adenovírusok sokszínűségéről, molekuláris eltéréseik lehetséges mértékéről. A kutatócsoport tagjai bekapcsolódtak egy olyan emberi adenovírus vizsgálatába is, melyet hasmenéses betegekben izoláltak az Amerikai Egyesült Államokban, az Amerikai Légierő egyik laboratóriumában. Genom szekvenciája alapján ez az új humán vírus nagyon hasonlít az intézet kutatói által nemrég jellemzett, 1-es szerotípusú majom-adenovírushoz. Elvégezték a két vírus összehasonlító molekuláris elemzését és evolúciójuk vizsgálatát. A teljes vírus-genom DNS szekvenciájának megállapítása és alapos elemzése alapján feltételezhető, hogy a vírus óvilági majmokból került emberre, de a hasonló humán vírusoktól oly mértékben különbözik, hogy nem csupán egy új adenovírus típus (humán adenovírus 52) hanem valószínűleg új vírusfajt is kell létesíteni a számára (*Human adenovirus G*). Hat fő munkája, ebből 5 intézeti dolgozó; kb. 6 Mft ráfordítás (mind pályázati támogatás: OTKA, FVM, MEH). A kutatási eredmények (a különböző adenovírusokra jellemző DNS-szekvencia szakaszok) alapján az állategészségügyi intézetek és humán diagnosztikai laboratóriumok képesek felismerni az új illetve típus szinten azonosítani a már ismert adenovírusokat. Számos vizsgálati minta érkezett már azonosításra külföldi laboratóriumokból is.

Hal-herpeszvírus genomszekvenálása

Fehér tokból izolált hal-herpeszvírus genomjának DNS-szekvenálásával részlegesen jellemeztek egy újabb olyan vírust, mely egy másik hal- és két béka herpeszvírusához hasonlóan valójában nem sorolható a herpeszvírusok családjába. Vizsgálataik alapján ezek számára külön víruscsalád kialakítását javasolják. Szekvencia adataik alapján új diagnosztikai PCR módszereket dolgoznak ki. A herpeszvírusok általános kimutatására jelenleg rendelkezésre álló PCR (konszenzus primerekkel) ugyanis a hal- és kételtű- herpeszvírusok kimutatására nem alkalmas. Sikeresült elhullott viszont két állatkerti mintában (kiskarmú vidra és kései denevér) eddig ismeretlen herpeszvírusokat detektálni. Ezek további jellemzése folyamatban van. (Négy fő, ebből három intézeti dolgozó; OTKA, kb. 1 millió Ft.) Az eredmények alapján megkezdhető nagy mintaszámokon is az új herpeszvírusok keresése, azonosítása és jellemzése. Mindez lehetővé teszi olyan herpeszvírusok előfordulásának illetve elterjedtségének felmérését, amelyek általában nem izolálhatók és hagyományos szövettenyészetekben nem szaporíthatók.

Baromfipestis vakcina-fejlesztés reverz-genetikai módszerrel

Előállították a baromfipestis vírus (NDV) *LaSota*-jelű, vakcina-törzsének cDNS-klónját expressziós plazmidba építve. Elkészítették ugyanennek *Ascl* restrikciós vágási hellyel markerezett változatát. A *LaSota* cDNS-be beépítették a madárinfluenza H5 génjét, későbbi génexpressziós és immunizálási kísérletekhez. Tervezik a T7-fág RNS-polimeráz génjének cDNS-be építését is a vírus-mentési kísérletek hatékonyságának növelésére. Jelenleg vírus-mentési kísérleteket végeznek az NDV-6 és a *LaSota* cDNS-ek felhasználásával. Elkészítették egy modern járványvírus (a koreai KR-5/98) F génjének *avirulens* törzsekre jellemző, természetben nem létező változatát, azzal a céllal, hogy a mutáns gént beépítsék egy régi vakcinatörzs, az NDV-6 cDNS-ébe, ezzel hatékonyabb vakcinatörzset állítsanak elő. A munkát 4 fő (3 az intézetből) végezte, 2,5 Mft ráfordítással.

Influenzavírusok filogenetikai analízise

Megkezdtek egy régi (1969 és 1986 között gyűjtött) magyar madárinfluenza törzsgyűjtemény vírusainak filogenetikai elemzését, a madárinfluenza járványtani sajátosságainak megismerésére. Kettő fő munkája, ebből 1 intézeti dolgozó; kb. 0,5 Mft ráfordítás.

Szarvasmarha-herpeszvírusok

Egy konzorcium tagjaiként két kísérleti csoportban 50 szarvasmarhát vizsgáltak: az egyik kísérleti csoporttal egy a szaporodási mutatókat és a tejtermelést javító gyógytakarmányt etettek. Feladatuk a BoHV-1 és 4 kimutatása volt a két állatcsoportban, a négyes szerotípust nested PCR-el, a BoHV-1-est vírusneutralizációval vizsgálták. A vérmintákban a vírusfertőzés egyik herpeszvírus esetében sem mutatott szignifikáns különbséget a két csoport között, így a vizsgált gyógytakarmánynak nincs kimutatható közvetlen hatása a vírusfertőzöttség mértékére. (Két intézeti kutató, 1,4 Mft pályázati /NKFP/ támogatással.)

Kullancsok vírusfertőzöttségének vizsgálata

Kérdésként merült fel, hogy az általános felmelegedés mennyiben változtatja meg a hazánkban található kullancs-fajok elterjedését, és hogy ez miként befolyásolja a kullancsokkal terjedő különböző kórokozók veszélyességét. Az ország 6 előzőleg meghatározott helyéről 9 hónapon át havonta egyszer kullancsmintákat gyűjtöttek, hőmérsékleti adatokat rögzítettek. Összesen 236 felnőtt példány, 1597 nimfát és 368 lárvát gyűjtöttek. Meghatározták a faji összetételt, szezonális görbét vettek fel minden helyen. A kullancsokban található kórokozókra irányuló PCR vizsgálatok a nemzetközi konzorcium többi tagjával egyeztetett azonos diagnosztikai módszerrel fog történni (Két intézeti kutató, 300 eFt, EU EDEN projekt).

Négy állatkísérletben igazoltuk hogy a molekuláris virológiai módszerrel fokozott virulenciájúnak bizonyult hazai izolátum képes a jelenleg leghatékonyabb MB vakcinák hatékonyságát is csökkenteni. Az elmúlt évben a University of Delawar egyetemmel folytattuk a Magyarországon korábban(1972-82) között izolált Marek-betegség vírusok (MBV) gL és EcoRI szakaszának szekvencia elemzését. Jelenleg e szakaszokon lehetnek azon szekvenciák amelyek a vírus virulencia váltásáért felelősek. Három kísérletet végeztünk a Marek-betegség elleni vakcinázási programok ellenőrzésére Cobb-Vantress Inc. Baromfitenyésztő cég kutatási programjaként.

Bakteriológiai és mycoplasmatológiai kutatások

A *M. gallisepticum* és a gazdaszervezet kapcsolatának vizsgálata

Az elmúlt években számos adat került napvilágra arra vonatkozóan, hogy a *M. gallisepticum* fertőzés kimenetelét jelentősen mértékben befolyásolni lehet, ha a csirkéket olyan poliszacharid részecskékkel itatják, amelyekre Mycoplasma fehérjét és Toll-like receptor agonistákat kötnek. Saját kísérletekben poliszacharid részecskékre affinitás kromatográfiával tisztított Mycoplasma fehérjét és különböző kombinációkban PLR agonistákat (lipopoliszacharidot, bakteriális DNS-t, pedidoglikánt, stb.) kötöttek. Ezekkel a részecskékkel 3-5 napos, Mycoplasma fertőzéstől mentes csirkéket szájon át kezeltek, majd két hét múlva az állatokat virulens *M. gallisepticum* tenyészt aerosoljával fertőzték. Ezt követően rendszeresen vizsgálták az állatokon megjelenő klinikai tünetek alakulását. Két hét múlva az állatokat kiirtották, majd azokat kórbonctani, szerológiai és mikrobiológiai vizsgálatnak vetették alá. A kísérletek eredménye szerint a kezeletlen, nem fertőzött állatok egészségesek maradtak, bennük klinikai tünetek, illetve kórbonctani elváltozások nem fejlődtek ki. A kezeletlen, de fertőzött csirkékben a fertőzést követően egy hét múlva mycoplasmosisra jellemző légzőszervi tünetek alakultak ki. Kiirtásukkor súlyos légcsőgyulladás, valamint savós-fibrines légzsák- és hashártyagyulladást lehetett észlelni. A kórbonctani pontszám kb. 80-as értéket ért el. A belső szervek (tüdő, máj, lép, szív, légzsák és légcső) mintáiból 60-70%-ban sikerült Mycoplasma-t visszaizolálni. Ezzel szemben a kezelt csoportokban lényegesen alacsonyabb arányban alakultak ki klinikai tünetek és kórbonctani elváltozások. Az utóbbiak pontszámai a kezeletlen, de fertőzött kontrollhoz képest 5-10%-ra csökkent. Ezen túlmenően jelentősen csökkent a belső szervekből történő Mycoplasma visszaizolálás aránya is. Meglepő volt, hogy bizonyos csoportokban a szegényes kórbonctani kép mellett valamennyi állat minden szerve mentes volt a mycoplasma-tól. Az ilyen csoportok testtömeg-gyarapodása is lényegesebben kedvezőbb volt a kontrollhoz viszonyítva. A kezelt, de nem fertőzött állatokban szerológiai válasz nem alakult ki. A kezelt és fertőzött állatok tárgylemez agglutinációban és indirekt ELISA-ban szeropozitívvá váltak. Komplementum-kötési próbában és a komplementum jelenlétében végzett anyagcsere-gátló próbában az ellenanyag titerek a kezelt állatok esetében magasabbak voltak, mint a kontrollok esetében. (6 fő, ebből 5 intézeti; kb. 4 MFt, együttműködés ipari partnerekkel).

A sertés légzőszervi komplex vizsgálata

A sertés légzőszervi komplex egy újabban bevezetett fogalom, amely azt hivatott hangsúlyozni, hogy a légzőszervi megbetegedések hátterében általában több kórokozó (vírusok, baktériumok és mycoplasma) együttes hatása áll. Az MTA Elnöki Keret támogatásával a csoport a kérdéskör vizsgálatára alkalmas modelleket állított be, melyekben a legfontosabb légzőszervi patogének különböző kombinációinak hatását vizsgálták. A támogatás elsősorban az ipari kapcsolatok erősítését szolgálta, de közben értékes kutatási eredmények is születtek. Több kórokozó esetében is megfigyelték, hogy együttes alkalmazásuk sokkal markánsabb elváltozásokat idéz elő, mint amikor külön-külön történik a fertőzés. Az is nyilvánvalónak tűnik, hogy nem egyszerű additív hatásról van szó. (Öt fő munkája, ebből 4 intézeti dolgozó; kb. 10 MFt ráfordítás.)

A sertések torzító orrgyulladása

A korábbi évek tapasztalatait szélesebb körű diagnosztikai tevékenység keretében hasznosították. Ennek során különböző sertésállományok torzító orrgyulladás státuszát vizsgálták, különös tekintettel a tartós immunizálás *Bordetella bronchiseptica* és toxikus *Pasteurella multocida* fertőzöttségre gyakorolt hatására. A régebb óta használt eljárásokat (klasszikus bakteriológiai módszerek, ELISA) molekuláris technikákkal (PCR alapú fajazonosítás és a dermonekrotikus toxin kimutatás) egészítették ki. Megállapították, hogy a megfelelő antitoxikus immunitást adó vakcina alkalmazása elvezethet a betegségtől való mentesség eléréséhez. A diagnosztikai munka a gyakorlat segítségével kívül lehetővé tette a meglévő *B. bronchiseptica* törzsgyűjtemény bővítését, amely filogenetikai kutatások alapjául szolgálhat. A munkát 5 fő (4 az intézetből) végezte, 2 MFT ráfordítással.

Pasteurella kutatások

Az elmúlt évben befejezték a törzsgyűjteményükben található *Pasteurella multocida* törzsek jellemzését és folytatták az Országos Állategészségügyi Intézet által rendelkezésükre bocsátott 125 törzs részletes vizsgálatát.

Munkájuk során a magyarországi sertésállományokból korábban izolált 146 *P. multocida* törzs hagyományos biokémiai és molekuláris biológiai elemzésére került sor. Ennek során a törzsek 83 %-a *P. multocida* ssp. *multocida*-nak bizonyult. Ezen törzsek 98 %-a 3-as biotípusú vagy kisebb arányban ennek trehalóz és laktóz bontó, ill. ODC negatív változata. A minták 13 %-át kitevő *P. multocida* ssp. *septica* törzsek 68 %-a a szorbit negatív 5, 6 és 7-es biotípusba tartozik, a fennmaradók pedig egy kivételével ezek laktóz bontó változatai. A 3 %-ban előforduló *P. multocida* ssp. *gallicida* törzsek háromnegyede a 8-as biotípusba, a 3-as biotípus dulcít bontó változatába tartozik. A buroktípust vizsgálva a törzsek 60 %-a D, 38 %-a A, 1 törzs pedig F típusú burokkal rendelkezik. Az irodalmi adatokkal ellentétben a D buroktípusú törzseknek mindössze 3 %-a, míg az A buroktípussal rendelkező törzsek 41 %-a hordozta a *toxA* gént, átlagosan a törzsek 19 %-a. Érdekes területi eloszlás volt megfigyelhető a *toxA* gént hordozó törzsek eredetét tekintve, azok 2 kivételével a Dunántúlról származtak.

Ezzel párhuzamosan folytatták a különféle baromfifajokból származó, eltérő tulajdonságokkal rendelkező, reprezentatív *P. multocida* izolátumok jellemzését. A törzsek rokonsági viszonyainak vizsgálata érdekében valamennyi izolátumot megvizsgálták ERIC-PCR-el. A kapott eredmények alapján gazdafaj adaptáció volt kimutatható, amely során a barbarie, a vízibaromfi és két, egyéb madárfajokból származó izolátumcsoport 75%-os hasonlósági szinten elkülönült egymástól. Ezen csoportokon belül további 10-25%-os eltérés mellett területi elkülönülés volt kimutatható.

A kutatásokat 3 fő végezte, 3 MFT (pályázati) ráfordítással.

Salmonella kutatások

A *Salmonella* kutatások a tárgyévben elsősorban, a korábbi quorum sensing vizsgálatokban keresztgátlást mutató *S. Hadar-18* (hazai baromfi eredetű,) un. non-typhoid törzsükre koncentráltak. Angol kutatókkal (Univ. Nottingham és a Sangers Center, Oxford) együttműködésben sikerült elérni, hogy a törzs teljes genom szekvenciáját meghatározták. Ezen törzs 1-es pathogenitási szigetének (SPI-1) funkcióját vizsgálandó, irányított mutagenézissel (un. lambda-red technikával) mutánsokat állítottak elő, melyek *in vitro* inváziós és citokin indukciós készségét Vero, és csirke embrio fibroblaszt sejteken a *S. Enteritidis* és *S. Typhimurium* törzsekkel összehasonlításban tanulmányozták. A kutatások olyan - elsősorban C szerocsoportú - *Salmonella* vakcinajelölt törzsek kifejlesztése irányában folynak, melyek a húscsírke állományok védelmét szolgálhatják. (EU-FP6 SUPASALVAC) (Ráfordítás: Pályázati kb. 4 MFT, 2 fő MTA, 1 fő EU pályázat).

Pathogen Escherichia coli

A Würzburgi-, és a Göttingeni Egyetemi együttműködésben elvégezték a pTC (enterotoxikus és *tetB* antibiotikum rezisztenciagént hordozó) virulencia plazmid (90 kb) teljes szekvenciájának meghatározását és annak csaknem teljes értelmezését (annotációját). A tárgyévben befejezték a választott sertések enterotoxikus *E. coli* (ETEC) fertőzése elleni élő orális vakcina nemzetközi (USA) szabadalmaztatásához szükséges kiegészítő vizsgálatokat. Ennek nem-GMO irányú továbbfejlesztését célozva gödöllői (MBK) együttműködésben - létrehozták a bivalens (K88/F18) nem-GMO vakcina törzshöz szükséges plazmid fúziókat, továbbá egy, az eddiginél reprodukálhatóbb fertőzési modellt dolgoztak ki. Elvégezték továbbá debreceni együttműködésben - a hazai szarvasmarha eredetű O157:H7 típusú enterohaemorrhagiás *E. coli* (EHEC), valamint enteropathogen *E. coli* (EPEC) törzsek genetikai alap-jellemzését és csoportosítását. Nemzetközi együttműködésben a libiai hasmenéses gyermekekből izolált törzsek között számos EPEC és enteroaggregatív *E. coli* (EAEC) törzset határoztak meg, és - az eddigi irodalmi adatokkal ellentétben bizonyították, hogy Észak-Afrika ezen részén

elsősorban ez utóbbi két pathotípus okozhat gyermekekben hasmenést, közöttük nem egy új variánst is képviselve. További nemzetközi (INRA, Toulouse) együttműködésben megállapították, hogy az un. \square citoethetilis distending toxin \square (CDT) gének, korábbról ismert I-es, és az általuk elsőként leirt IV típusa egyaránt bizonyos profágok genomjában foglal helyet, melyek összetételüket és felépítésüket illetően egymással rokonságban állnak. (ERANET-MTA, Bio-2003) (Ráfordítás: Pályázati: kb. 5,5 MFt 3 fő MTA)

Halkórtani és ökológiai vizsgálatok

Kórszövetani és molekuláris biológiai vizsgálatokat végeztek a Dunából és Balatonból gyűjtött halfajokon, domolykóból két új *Myxobolus* fajt mutattak ki. Részletesen tanulmányozták a márna nyálkaspórák fertőzöttségeit. Kórszövetanilag tisztázták, hogy a szívét fertőző *Myxobolus dogieli* kötőszöveti élősködő a bulbus arteriosus mellett a szívkamrában is kóros elváltozásokat okoz balatoni dévérekben. A *Henneguya* fajok DNS szintű összehasonlításához csukáról két fajt gyűjtöttek, s azt külföldről kapott mintákkal is összevetették. A témában 4 fő dolgozott, s azt OTKA pályázat keretéből finanszírozták (1,7 MFt).

A Balatonon és vízrendszerében végzett halparazitológiai monitoring keretében a *Sanguinicola* vérmételeg előfordulását 7 halfajban találták gyakorinak, de intenzív fertőzést csak karikakeszegben észleltek. A halakban való gyakori előfordulás ellenére a parti zónában gyűjtött puhatestűekből nem sikerült hal eredetű parthenogenetikus lávafarmákat kimutatni. Vizsgálták a *Contracoecum*-lárva szerepét a dévérek lesoványodásában. Kimutatták a Balatonból még nem ismert angolna nematodát, a *Paraquimperia tenerrima* fajt. Megállapították, hogy a Balatonban nem őshonos halfajokon (folyami géb, ezüstkárász, naphal, törpeharcsa) jelentős parazitás fertőzöttség nem alakult ki, közülük azonban a folyami géb, mint paratenikus gazda nagymértékben hozzájárul az angolnaállomány anguillicolózisának fenntartásához. A témán 4 fő dolgozott, OTKA pályázat keretében (2 MFt).

Alexander von Humboldt kutatói ösztöndíj keretében egy fő funkcionális genomikai vizsgálatokat végzett a pisztrángok kergekórját okozó *Myxobolus cerebralis* fajon. A müncheni egyetem zoológiai intézetében végzett kutatás célja a gazdafelismerést és a gazdában való megtelepedést szabályozó gének azonosítása, amelyek a későbbiekben kiindulópontját képezhetik egy parazita ellenes kezelési mód kifejlesztésének.

A Dunában talált 3 gébfaj rohamos terjedéséről, és a védett tarkagéb eredeti élőhelyéről való visszaszorulásáról nemzetközi lapban számoltak be, s egyben *Goussia szekelyi* néven új kokcidium fajt írtak le. (előző évi FVM támogatás)

Kísérletesen vizsgálták az intenzív kokcidiózis hatását a pontyivadék növekedésére, és 9 gyógyszert teszteltek, melyek közül négy kiváló védelemet biztosít. Amerikai partnerrel filogenetikai vizsgálatokat végeztek 17 halfajból gyűjtött 250 mintával. Előzetes eredmények arra utalnak, hogy a halkokcidiomok molekuláris szerkezetük alapján az emlősök és madarak cisztaformáló és bélélősködő kokcidium fajai között helyezkednek el. A témát egy újonnan indult OTKA támogatásból fedezik (2 MFt, 3 fő).

A MolCat Bt. biotechnológiai kutató kisvállalkozás vezetésével működő konzorciumban tógazdasági kártevő paraziták vízből, valamint köztigazda-szervezetekből való kimutatására szolgáló diagnosztikumok kifejlesztését végzik. A projekt induló évében elkezdődött a parazita- és azzal rokon szervezetek 18S rNS-ek a feltérképezése a halastavakban, hogy kizárjuk annak a lehetőségét, hogy a kialakítandó DNS teszttel a kórokozón kívül, más DNS-t is észleljünk. A begyűjtött szekvencia adatokat követően kerül megtervezésre a specifikus régiók felhasználásával a diagnosztika alapját képező DNS.

GAK 2005 Rapidfis projekt,(4 fő, 9 MFt.)

Magyar-Szír TÉT (OMFB) együttműködés keretében elsőként mutattak ki szíriai tógazdaságokból és természetes vizekből nyálkaspórák parazita-fajokat. A parazita-anyag molekuláris feldolgozása USA-kooperációban történt. A program keretén belül valósult meg egy szír PhD hallgató rész-képzése. A program folytatásaként magyar haltenyésztő szakemberek Szíriában megvalósuló közös haltenyésztési projekt előkészítésén dolgoznak. OMFB-00460/2005 téma (900 eFt, 3 fő)

Magyar-Portugál TÉT együttműködés keretében nyálkaspórák és kokcidium fajok kimutatását végzik portugál vizekben tenyésztett halfajokból és alternatív gazda-szervezetekből. (2 fő, 300 eFt.)

III. Hazai és nemzetközi kapcsolatok bemutatása

Felsőoktatási kapcsolatok

Az intézet kutatói egyetemi előadásokat tartottak és gyakorlatokat vezettek. Irányították 11 szakdolgozó kutatásait, akik a Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Karáról (zoológus, agrár-

és állatorvostan-hallgatók) és az ELTE TTK-ról (biológus hallgatók) érkeztek, köztük egy hazánkban tanuló külföldi állatorvostan-hallgató. A diákok közül 6 sikerrel meg is védte diploma dolgozatát. Tíz kutató összesen 20 doktoranduszt vezetett a SZIE Állatorvos-tud. Kara, az ELTE TTK, a Kaposvári Egyetem és a Pécsi Egyetem Orvostudomány Karának doktori iskolájában. Számos esetben vettek rész doktori cselekmények bírálatában. Az intézeti akademikusok tagjai a SzIE Doktori és Habilitációs Bizottságának és a SZIE Állatorvos-tudományi Kar Doktori és Habilitációs Tanácsának. Az intézet egy kutatója 2006-tól a Pannon Egyetem (Georgikon Kar, Keszthely) címzetes egyetemi tanára.

Az intézet kutatói továbbképzéseket tartottak az Egyesült Államokban (University of Connecticut; molekuláris vírusdiagnosztikai technikák és bioinformatika) és Szíriában (Tishreen University, Latakia; egy hal-parazitológiával foglalkozó PhD hallgató external supervisor-ként való témavezetése).

A szíriai TÉT kapcsolatban az Al-Baath University, Hama és a Tishreen University, Latakia, kutatóival közös munkát végeztek szíriai halak nyálkaspórák fertőzöttségeire vonatkozóan. A korábban halkórtani együttműködésként indult program kiegészült egy haltenyésztési alprojekttel, mely keretében magyar haltenyésztő szakemberek Szíriában megvalósuló közös halászati projekt előkészítésén dolgoznak. Magyar-portugál TÉT együttműködés keretében nyálkaspórák és coccidium fajokat mutattak ki portugál vizekben tenyésztett halfajokból és alternatív gazda-szervezetekből.

Jelentős együttműködések az alábbi intézményekkel folytak

CEVA-Phylaxia Rt; Johan Béla Országos Epidemiológiai Központ; Kaposvári Egyetem; Országos Állategészségügyi Intézet; Országos Élelmiszervizsgáló Intézet; Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont, Gödöllő; Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar; Szent István Egyetem, Állatorvos-tudományi Kar; Pannon Egyetem Georgikon Kara, Keszthely.

Külföldi intézmények: *Ausztria*: Institute of Bacteriology and Hygiene, Veterinary Univ., Bécs; *Belgium*: Veterinary and Agrochemical Research Centre, Brüsszel; *Franciaország*: INRA Lab. Molecular Microbiol., Toulouse; *Hollandia*: Univ. Leiden, Institute of Evolutionary and Ecological Sciences; *Izrael*: Weizmann Institute of Science, Dept. Genetics., Rehovot; *Japán*: Yamaguchi Univ., Faculty of Agriculture; *Nagy-Britannia*: AFRC Institute for Animal Health, Compton Laboratory; **DANI, Veterinary Sciences Division, Belfast**; Medical Research Council, Virology Unit, Glasgow; *Németország*: Boehringer Ingelheim Vetmedica; Hohenheim University, Stuttgart; Univ. Erlangen, Institute for Zoology I; Univ. Munich, Institute of Zoology, Fish Biology and Fish Diseases; Univ. Würzburg, Institut für Molekulare Infektionsbiologie; *SVÁJC Szíria*: Al-Baath University, Faculty of Veterinary Medicine, Hama; *Spanyolország*: SYVA Laboratories; *USA*: Avian Diseases and Oncology Laboratory, East Lansing, MI; Avian Molecular Virology, Dept. of Animal and Food Science, Univ. Delaware; David Grant US Air Force Medical Center, CA., **Pfizer Global**; Center for Fish Disease Research, Department of Microbiology, Oregon State University, Animal Parasitic Diseases Laboratory, Henry A. Wallace Beltsville Agricultural Research Center, Beltsville, MD; *Malajzia*: Kolej University Sains and Teknologi, (KUSTEM) Kuala Terengganu.

Az Acta Veterinaria Hungarica főszerkesztője és három szerkesztő-bizottsági tagja intézeti kutató volt 2006-ban, a szerkesztőbizottság adminisztrációs háttérét az intézet biztosítja. További szerkesztőbizottsági tagságok a Magyar Állatorvosok Lapja, Diseases of Aquatic Organisms, Acta Protozoologica, Journal of Agricultural Science and Technology (Irán), Slovenian Veterinary Research, Systematic Parasitology, Praxis Veterina, Veterinarski Archiv és a Veterinary Medicine (Csehország) szaklapoknál. Ezen és más lapok számára számos kézirat bírálatát végezték el.

A Magyar Mikrobiológiai Társaság 4 vezetőszéki tagja intézeti kutató volt. Fontos szerepet töltöttek be az MTA különböző bizottságaiban: Doktori Tanács, Akadémiai Kutatóhelyek Tanácsa, Élettudományi Kuratórium, Állatorvos-tudományi Bizottság (alelnök, Oltóanyag és Diagnosztikum, valamint Salmonella albizottság elnökök), Állatkísérleti Tudományos Bizottság, Bolyai Kuratórium Agrártudományi Szakértői Kollégium. Az intézet kutatói többek között a további fontosabb hazai bizottságok munkájában vettek rész: FVM Országos Állategészségügyi Tanács (alelnök); Oktatási Minisztérium Magyar Akkreditációs Bizottság (Agrártudományi albizottság); OTKA Élettudományi Kollégium és Agrár 2 szakzsűri; Magyar Országos Állatorvos Egyesület Baromfi-egészségügyi Társaság, ANTSz Országos Infekciókontroll és Antibiotikum Rezisztencia Kontroll Bizottság, Magyar Élelmiszer-biztonsági Hivatal, Állategészségügy és Állatvédelem tudományos szakbizottság, az MTA Rényi Alfréd Matematikai Kutatóintézete által elnyert Marie Curie Transfer of Knowledge grant Felügyelő Bizottsága.

Nemzetközi bizottságokban/szervezetekben végzett munka: Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV, Magyarország képviselője), ICTV Adenoviridae Munkacsoport (elnök); World Veterinary Poultry Association (tiszteltbeli elnök); GenBank Referencia Szekvenciák Részleg (társ-szaktanácsadó), 4th International Workshop on the Molecular Pathogenesis of Marek's Disease Virus, University of

Delaware (szervezőbizottsági tag), EASAC (Európai Akadémiák Tudományos Tanácsadó Testülete) Antimikrobiális Rezisztencia Munkacsoport (tag), ERA-NET PathoGenoMics (a humán kórokozó mikroorganizmusok európai genomkutatásának koordinálása, segítése; a Program Network Irányító Tanács tagja és a Network of Excellence-ben Magyarország képviselője), MedVetNet Network of Excellence (irányító testület és Koordináló Fórum tagság), **European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) madárinfluenza elleni védekezési munkacsoportja**

Média kapcsolatok

Ebben az évben is az intézet vezető virológusai felkéréseket kaptak, hogy nyilatkozzanak a különböző TV és rádió műsoroknak, valamint a sajtónak a H5N1 okozta madár-influenza kapcsán. A feladatnak igyekeztek higgadtan és magas szakmai színvonalon eleget tenni, mind a pánik, mind pedig a felelőtlen nemtörődomség elkerülését elősegítve. Részben a nyilatkozataik, ismeretterjesztő írásaik, internetes oldalak szerkesztésében végzett közreműködésük hatásaként fogható fel, hogy a sajtó megnyilatkozásai mára kellő szakmai színvonalon vannak, és hogy idén nem volt már akkora pánik, mint tavaly.

A Magyar Tudomány Ünnepe napján tartott Paraziták evolúciója című tudományos ülés alkalmából, melyet 70 éves vezető kutató tiszteletére rendezett az intézet, rövid ismeretterjesztő TV-film készült az ünnepelt halparazitológus és az intézet egyes munkáiról.

IV. Fontosabb elnyert hazai és nemzetközi pályázatok rövid értékelése

Az intézet kutatói 2006-ban OTKA, TÉT, pályázatokat nyertek. Egy utolsó pillanatban elnyert EU FP6 pályázat az egyre növekvő jelentőségű madárinfluenza elleni vakcinázási lehetőségeket fogja vizsgálni, elsősorban kacsák számára használható oltóanyagok kifejlesztésén dolgozva a következő években. Ezek a korábban elnyert pályázatokkal hatékony kutatásokat biztosítottak, nagyban segítették a vállalt felsőoktatási kötelezettségek kivitelezését, a hazai és külföldi partnereinkkel való együttműködések és a szükséges kutató-utánpótlás kinevelését. A több mint 60 MFt-os GAK pályázat az intézet területén dolgozó biotechnológiai kutató kisvállalkozással közös, mely munka jó alap a hazai kis- és középvállalkozásokkal való együttműködések fokozásához, és azok számára történő tudásátadásra (high-tech ipari értékesítésre). Egy fiatal kutató Humboldt ösztöndíjat nyert, mellyel Münchenbe utazhatott legalább egy éves kutatómunkára. Ezen ösztöndíj jellegéből (az ösztöndíjas későbbiekben is folytatódó támogatása miatt) ez a pályázat hosszú távú pozitív hatást is jelent egy fiatal tehetség hazai önállóságához.

V. Az év folyamán megjelent jelentősebb publikációk, szabadalmak és más bemutatható eredmények

1. Czeplédi A, Ujvári D, Somogyi E, Wehmann E, Werner O, Lomniczi B: Third genome size category of avian paramyxovirus serotype 1 (Newcastle disease virus) and evolutionary implications. *Virus Research* 120 (1-2), 36-48 (2006)
2. Malik A, Tóth I, Beutien L, Schmidt H, Taminiu B, Dow MA, et al. (10; Nagy B): Serotypes and intimin types of intestinal and faecal strain of eae (+) *Escherichia coli* from weaned pigs. *Veterinary Microbiology* 114 (1-2), 82-93 (2006)
3. Molnár K: Chapter 6. Phylum Apicomplexa. In: Woo PTK (ed) *Fish Diseases and Disorders*. Vol 1 CAB International pp 181-202 (2006)
4. Molnár K, Marton Sz, Eszterbauer E, Székely Cs: Comparative morphological and molecular studies on *Myxobolus* spp. infecting chub from River Danube, Hungary and description of *M. muellericus* sp.n. *Diseases of Aquatic Organisms* 73, 49-61 (2006)