

ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI KUTATÓINTÉZET

1143 Budapest, Hungária krt. 21., 1581 Budapest, Pf. 18.

Tel: 467-4060, Fax: 467-4076

e-mail: tiber.magyar@vmri.hu, honlap: www.vmri.hu

I. A kutatóhely fő feladatai 2010-ben

Az intézet az állatorvos-tudomány egyetlen hazai főhivatású kutatóhelye, e terület molekuláris mikrobiológiai kutatási bázisa. Legfőbb feladata alapkutatások végzése állategészségügyi szempontból jelentős kórokozók (vírusok, baktériumok, paraziták) jobb megismerésére. További feladat az eredmények gyakorlatban való hasznosításának előkészítése, korszerű és hatékony diagnosztikai módszerek, vakcinák és védekezési eljárások kidolgozása. 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 egyes közegészségügyi és állategészségügyi, valamint összehasonlító kórtani szempontból fontos baktériumok (*Salmonella*, *E. coli*, *Bordetella*, *Pasteurella*) és mycoplasmák virulenciájának, 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 és halparazitológiai témacsoportok* feladata a természetes vizekben élő halak, elsősorban a Balaton és vízrendszere, a Duna, valamint tógazdaságok halainak rendszeres vizsgálata a paraziták által okozott károsodások felmérésére, valamint a nyálkaspórák élőködők és coccidiumok fejlődésének, kórtanának és változatosságának kísérletes és molekuláris vizsgálata.

II. A 2010-ben elért kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

II/a Kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

Virológiai kutatások

Új adenovírusok kimutatása és molekuláris jellemzése

Befejezték a fehér tokhálból izolált adenovírus (AdV) DNS-ének szekvenálását és elemzését. Mérete alapján minden eddig megismert AdV genomnál nagyobbak bizonyult, és szerveződése is jelentős eltéréseket mutat az AdV-okra általánosan jellemzőnek gondolt genetikai összetételhez képest. Így például a fiber gén (több példányban is) a virális genom bal végén található. A hal-AdV genomjának jobb végén számos új, ismeretlen szerepű gént mutattak ki. Német együttműködésben két, különleges gyíkokból izolált AdV genomjának legnagyobb részét szekvenálták. Megállapították, hogy tipikus atadenovírusokról van szó, melyekben néhány specifikus (egyelőre ismeretlen funkciójú) gén található a genom jobb végén. Ezek az eredmények megerősítették a kutatók hipotézisét, miszerint az atadenovírusok

a pikkelyes hüllőkkel (kígyókkal és gyíkokkal) együtt fejlődött leszármazási vonalat képviselik, mely madarakba és kérődzőkbe gazdaváltással kerülhetett. Beteg baromfi-állományokból izolált tyúk-adenovírusok előzetes molekuláris jellemzését végezték el. Egy izolátum az 5-ös szerotípusú tyúk-adenovírusnak bizonyult, melynek előfordulását eddig még nem írták le hazánkban. Németországban elhullott európai (vörös) mókusból származó mintákban ugyanazt az AdV-t mutatták ki, melyet korábban angliai és skóciai vörös mókusokban találtak. A most vizsgált minták olyan mennyiségben tartalmazták a vírust, hogy gyors ütemben tudták a genom hosszabb részeinek a DNS-szekvenciáját megállapítani, annak ellenére, hogy a vírus izolálása sikertelen volt. Valószínű, hogy a vírus a betelepített és agresszíven terjedő, észak-amerikai szürke mókus vírusa. Az eredeti gazdában nem okoz betegséget, de az európai mókust megfertőzi, ami elhullásokhoz is vezethet. Újabb, eddig ismeretlen denevér-, rágcsáló- és vadmadár-adenovírusokat találtak, és ezeket molekulárisan jellemezték. Az AdV-ok egyre több állatfajból történő kimutatása lassan kirajzolja a vírusoknak a gazdáikkal párhuzamosan folyó evolúcióját, illetve a néhány (ritka) esetben történő gazdaváltást. Munkájuk elismerését a Pro Negotio Universitatis oklevél (SZIE) és a Manninger Rezső emlékérem (MMT) elnyerése is jelzi.

Enterális vírusok molekuláris epidemiológiája

Különböző gazdafajokból származó orthoreovírus és rotavírus törzsek genomjának szekvenálását végezték el. Hazai és nemzetközi együttműködésben elsőként azonosítottak rotavírusokat gyümölcsevő denevérből, fecskéből, gólyából, ölyvekből, baglyokból és vércséből. Az európai rotavírus figyelő hálózat tagjaként megfigyeléseket végeztek a humán rotavírusok hazai poszt-vakcinációs előfordulására vonatkozóan, és elvégezték az azonosított törzsek neutralizációs antigénjeinek molekuláris szintű elemzését. Elsőként írták le egy zoonózis eredetű humán G8P[14] törzs genomját. Ezenkívül részt vettek a tudomány számára új humán törzseként azonosított G5P[19] és G3P[25] törzsek leírásában. Az egyik intézeti kutató Bolyai plakettet kapott és a Bolyai Kutatási Ösztöndíj újbóli odaítélésében részesült a 2010-2013-as időszakra.

Kullancsencephalitis

A kullancsencephalitis vírusfertőzés hatását vizsgálták kecskékben. A fertőzés nem járt klinikai tünetekkel, a vírust csak a fertőzés után 2-3 nappal tudták kimutatni a vérben. Tejjel (nagy egyedi különbségekkel) a 2-23. napok között ürült vírus. Az állatok előzetes (inaktivált) vakcinázása kivédte a tejjel való vírusürítést. Fél évvel a kísérlet után vett vérminták vizsgálata bizonyította, hogy a fertőzött kecskék gidái fertőződtek az anyjuk tejjével, és szerológiailag áthangelődtek. Áprilistól októberig havi rendszerességgel ellátogattak Zala megyei kutatási terepükre, ahol kistrágcsálókat fogtak élve-csapdázással, két gyűjtőhelyen 50-50 csapdával, 100 m²-re helyezve egy csapdát. Három rágcsálófajból 239 egyedet fogtak be. A befogott állatokat megjelölték, fontosabb adataikat feljegyezték. Kapilláris módszerrel vért vettek belőlük, és a vérsavókat IF módszerrel vizsgálták kullancsencephalitis vírus elleni ellenanyagok jelenlétére. A kiszállások során kullancsokat is gyűjtöttek a rágcsálócsapdázási területen. Fajukat és fejlődési alakjukat feljegyezték. A gyűjtött kullancsokat tízes csoportokban RT-PCR-rel vizsgálták a vírus jelenlétére. Az egerek 5%-a bizonyult pozitívnak, leginkább az augusztusi-szeptemberi időszakban. Az 1431 kullancsból vírus nem volt kimutatható. Helyi vadászok segítségével nagyvadakról is gyűjtöttek kullancsokat, melyek mindegyike negatívnak bizonyult.

Madárinfluenza-vírusok (AIV)

A házi és vadonélő kacsák fontos szerepet játszanak a madárinfluenza (AI) járványtanában ezért fontos hogy fiatal kacsák immunizálására megfelelő vakcina álljon rendelkezésre. A házityúkban hatékony tyúkhimlő-vírus vektor vakcináról (FP-AI) megállapították, hogy kacsákban is képes immunválaszt kiváltani. Három poxvírus (tyúk-, kanári- és tehénhimlő) alapú, a H5N1 altípus haemagglutininjét (HA5) tartalmazó vakcina megközelítően azonos immunválaszt indukált, ezért a további vizsgálatokhoz a tyúkhimlő alapú vektort használták. Az inaktivált vakcinával kiváltható másodlagos immunválasz mértéke az elsődlegesen használt vakcina dóziséval szoros összefüggést mutatott. Az adjuváns nem befolyásolta jelentősen az elsődlegesen alkalmazott vakcina immunogén hatását. Meglepő módon az ellenanyagok titere a vakcinázást követően rövid időn belül jelentősen csökkent, kimutathatósága nagy egyedi változékonyságot mutatott függetlenül az alkalmazott vakcinázási módszertől.

Marek-féle betegség (MB) vírusa

Egy kereskedelmi forgalomból származó sejtes MB vakcina (HVT) *in ovo* oltás után észlelt csökkent hatékonyságát vizsgálva meghatározták a ráfertőző vírus virulenciáját (pathotípusát), úgy, hogy összehasonlították egy HVT (G2 csoport) és egy bivalens (HVT+Rispen) vakcina (G1 csoport) védési indexét. Napos SPF csibéket vakcináztak (G2 és G1), melyeket 9 napos korban virulens MDV-1 vírussal fertőztek. A HVT-vel vakcinázott csoport (G2) védési indexe (74,4%) alacsonyabb volt az Európai Gyógyszerkönyv által előírt minimális értéknél ($\geq 80\%$), de szignifikánsan nagyobb volt az *in ovo* kísérletben észlelnél (20-30%). Ebből arra lehet következtetni, hogy az *in ovo* vakcinázási kísérletben a HVT ismeretlen ok miatt nem tudott megfelelően elszaporodni. A bivalens vakcina (G1) megfelelő védelmet nyújtott (védési index: 87,2%), ami arra utal, hogy a ráfertőző vírus pathotípusa (virulenciája) mérsékelten magasabb annál a virulenciánál, mint amilyen HVT vakcinák hatékonyságát célszerű vizsgálni. Ennek ellenére megállapítható, hogy a HVT jelentős védelmet nyújtott (védési index: 74,4%), csökkentette a ráfertőző vírusnak a testtömeg gyarapodásra kifejtett kedvezőtlen hatását, a lépduzzanatot, valamint a *bursa Fabricii* sorvadását.

Parvovírus kutatások

Néhány jelentős gazdasági kárt okozó, vízi-szárnyasokat betegítő vírus kimutatását, izolálását és tenyésztését rendkívül nehézkesé és gazdaságtalanná teszi a megfelelő *in vitro* módszerek hiánya. Ezen vírusok közé tartozik a kacsá hepatitis A vírus (DHV), a liba-parvovírus (GPV), és liba-polyomavírus (GHPV). Kidolgoztak egy transzformált sejtvonalakon alapuló módszert, amely lehetővé teszi a DHV, GPV, GHPV *in vitro* izolálását és szaporítását, valamint kifejlesztettek egy immunfluoreszcencián alapuló eljárást, amely szövetenyészetben megkönnyíti e vírusok kimutatását. A CpG metiláció szerepe a parvovírusok transzkripció és replikációs mechanizmusában nem ismert. A folyamatok feltárásához meghatározták a PPV metilációs mintázatát permisszív sejtvonalon (PT), valamint CpG dinukleotidok hely-specifikus bevezetésével CpG mutáns vírusokat készítettek.

Bakteriológiai és mycoplasmatológiai kutatások

Salmonella kutatások

Egy EU pályázati (MedVetNet) együttműködés keretében a hazai és európai viszonylatban elsődleges fontosságú, állati eredetű, invázió (virulens) szerotípusokat (*S. Enteritidis* és *S. Typhimurium*), valamint a kevésbé invázió (*S. Infantis* és *S. Hadar*) szerotípust képviselő 140

hazai törzs virulencia-gén profilját vizsgálták és hasonlították össze különböző EU országok hasonló törzseivel. A tíz virulencia génre (*avrA*, *ssaQ*, *mgtC*, *siiD*, *sopB*, *gipA*, *sodC1*, *sopE1*, *spvC*, *bcfC*) irányuló PCR vizsgálat alapján ezen szerocsoportok virulencia gén mintázata egymástól némileg elkülönült, s a gének jelenléte/hiánya bizonyos gazda adaptációt tükrözött. Ezen eredményeket az EU partnerek microarray vizsgálatai egészítették ki és erősítették meg. A fenti virulencia tipizáló („virulo typing”) és *Salmonella* patogenitási sziget (SPI) kimutató PCR rendszer hazai, gyakorlati hasznosítására az első lépéseket megtették. A továbbiakban a fenti virulencia gének, valamint felületi antigén determinánsok és számos háztartási gén intracelluláris génexpressziójára is rákérdeztek. Angol (University of Nottingham) együttműködésben a fenti 2 + 2 *Salmonella* szerocsoport egy-egy képviselőjének intracelluláris génexpresszióját microarray segítségével követték. Fertőzési modellként madár eredetű makrofág (HD-11) kultúrát használtak. Az amplifikált és jelölt prokarióta RNS-t ezután szerovar-specifikus, teljes genom alapú gén-expressziós microarray-el hibridizáltatták. A makrofágok vakuólumaiban a legjellegzetesebb változások magukban foglalták az oxidatív stressz elleni védelem, a nem specifikus export rendszerek, számos ion-transzport rendszer és egyes SPI-ek virulencia génjeinek jelentős aktivizálódását. A fentiekkel ellentétben a felszínközeli fehérjék és antigének nagy része – így a külső membrán fehérjék, az LPS és a flagellin szintéziséért felelős gének túlnyomó többsége – a makrofágok belsejében, erősen represszált állapotban volt. A *Salmonella* patogenitási szigetek közül a SPI-1 és SPI-4 génjeit az invázió (virulens) szerotípusok (*S. Enteritidis* és *S. Typhimurium*) esetében csökkentett expresszió, míg a kevésbé invázió *S. Infantis* és *S. Hadar* esetében ennek ellenkezője jellemezte.

Pathogén és multirezistens *E. coli*

A korábban szarvasmarha eredetű EHEC/EPEC és atipikus O157-es *E. coli* törzseken alkalmazott „long poláris fimbria” (Lpf) allélt genotipizáló sémával a nemzetközi *E. coli* standard (ECOR) gyűjtemény (n=72) Lpf allél-típusait határoztak meg, mivel az ide tartozó törzsekről ilyen adatok nem álltak rendelkezésre. A 24 Lpf-pozitív törzsből 6 az irodalomban még Lpf-negatívként szerepelt. Nyolc törzs hordozta mindkét (LpfA1 és LpfA2) operont, 5 csak az LpfA1-et, 11 pedig csak az LpfA2-t. Utóbbiak közül 5 hordozta ugyanazon (LpfA2/1) allélt, melyet az általuk korábban jellemzett szarvasmarha eredetű atipikus (*stx* és *eae* negatív) *E. coli* O157 törzseket is jellemezték. Az ECOR törzsek változatos szerotípusa és származási helyét figyelembe véve, az LpfA2/1 allél széleskörű (globális) elterjedtségéről árulkodik. A baromfi pathogén *E. coli* (APEC) törzsekre irányuló kutatások során egy APEC törzs *cdtABC-IV* lókusának stabilitási vizsgálatait végezték el. Irányított mutagenézissel kicserélték a *cdtB* gént a chloramphenicol rezisztenciát (Cm^R) kódoló *cat* génnel. A 37 °C-os, nem szelektív körülmények közötti passzázsokat követően négy marker gén jelenlétét vizsgálva a Cm^S telepek 79,4%-a bizonyult szegregánsnak: elveszítette a teljes *cdt-IV* lókuszt vagy annak egy részét. A szegregánsok számos deléciós mintázatot mutattak, jelezvén a *cdt-IV* mozaik struktúráját. A mai kockázatbecslési módszerek igényelhetik a pathogén *E. coli* törzsek mellett a normál bélflóra tagjaiként számon tartott (kommenzalista) törzsek antimikrobiális rezisztencia (AMR) és virulencia tulajdonságainak megismerését is, mely által fontos háttéradatokat kaphatunk. Az EU-EFSA jelentések szerint gentamicin rezisztens (Gm^R) törzsekkel a kommenzalista *E. coli* populációban is egyre inkább számolni kell. Előzetes vizsgálatok során megállapították, hogy a Gm^R az antibakteriális multirezisztenciának (MDR) jó indikátora. Ezért az AMR és virulencia gének minél szélesebb körű felderítése és a köztük levő asszociációk kimutatása céljából 66 hazai Gm^R, pathogén és kommenzalista (baromfi, sertés, szarvasmarha és humán eredetű) *E. coli* törzs microarray vizsgálatát végezték el. Legfeltűnőbb eredmény az volt, hogy a kommenzalista és pathogén baktériumok rezisztencia

és virulencia determinánsainak gyakorisága szignifikánsan nem különbözött. A leggyakrabban kimutatott AMR gének az állati és a humán törzsekben egyaránt a *bla*_{TEM-1} (63%) *sulI* (56%) és a *tetA* (50%) voltak. Míg az aminoglikozid rezisztencia géneket állatokban a *strA* (33%), *strB* (46%), *aadA1*-like (46%) jellemezték, addig a humán törzsekben *aac(6')-Ib* és *ant(2'')-Ia* géneket is detektáltak. A virulencia gének közül - mindentől függetlenül - a vérpályában való túlélést segítő (*iss*) gént hordozta a törzsek 70%-a. Bizonyos AMR és virulencia gének közötti asszociációkra különösen a humán és a bovin törzsekben derült fény.

Bordetella kutatások

A *B. bronchiseptica* adenilát-cikláz-hemolizin toxint (ACT) kódoló génszakaszát fenó- és genotipizáló rendszerekben elemezték. Kimutatták, hogy az eltérő földrajzi területekről, különböző gazdafajokból származó 80 törzs hemolizáló képessége eltérő. 87,5%-uk β -hemolizist mutatott; a nem hemolizáló törzsek között elsősorban kutya eredetű törzseket találtak, melyeknél az ACT-gének helyére beépülő peptid transzport protein (*ptp*) génszakaszt detektáltak. Az ACT-t kódoló *cyaA* génszakaszt saját tervezésű PCR-RFLP-vel elemezték, és 3 restriktív enzim alapján 4 típust írtak le. A vizsgált törzsek 70%-a azonos mintázatot adott, a gazdafajhoz való adaptálódás nem volt megállapítható; de kiemelő, hogy a humán eredetű törzsek nagy része azonos, a domináns típustól eltérő mintázattal rendelkezett. Fenotipizáló módszerekkel, hagyományos biokémiai próbákban és automatizált rendszerben, jellemezték egy – a standardtól eltérő – urea-negatív *B. bronchiseptica* törzset. Kiemelték, hogy kétes fenotípus esetén a vizsgálatokat fontos kiegészíteni genotipizáló módszerekkel. PCR-rendszerben igazolták a hazai, sertés eredetű törzsek dominánsan jelenlévő PCR-RFLP típusával azonosságot mutató urea-negatív törzs *ureC* génszakaszának jelenlétét csakúgy, mint az ureáz-pozitív törzseknél.

Ornithobacterium rhinotracheale

Hazai házimadarak *O. rhinotracheale*-vel (ORT) való fertőzöttségét vizsgálták. Irodalmi adatok alapján kidolgozták a kórokozó izolálására és az izolált törzsek jellemzésére alkalmas fenó/genotipizáló rendszert. 245 különböző eredetű mintából eddig 12 törzset izoláltak, melyek fenotípusos tulajdonságaikban közel azonosak voltak. A törzsek antibiotikumok iránti érzékenységét korongdiffúziós módszerrel vizsgálták: minden törzs érzékeny volt ampicillinre, de jó hatékonyságúnak bizonyult az amoxicillin és a doxiciklin is. Az izolált ORT-törzseket ERIC-PCR-el háromféle, míg RAPD-PCR-el négy csoportba sorolták, a törzsek 50%-a azonos mintázatot mutatott.

Pasteurella kutatások

Az elmúlt öt évből származó hazai, madár eredetű *P. multocida* törzsek előfordulási gyakoriságát vizsgálták fenó- és genotipizáló módszerekkel. Megállapították egy domináns típus jelenlétét, amely A buroktípussal rendelkezik, az 1-es szomatikus szerotípusba sorolható, az arabinózt képes bontani, A típusú *ptfA* alléltípus jellemzi, és elsősorban vízibaromfiból származik. Felhívták a figyelmet arra, hogy a továbbiakban ez az erősen patogén törzstípus lehet a baromfikolera elleni védekezés elsődleges célpontja. A *P. multocida* subspecies *septica* azonosítására kidolgoztak egy új, a diagnosztikában is alkalmazható, a bakteriális 16S rRNS génen alapuló PCR-RFLP rendszert. Az általuk kidolgozott módszer kiválthatja a korábbi, bizonytalan fermentációs alapú alfaj elkülönítést. Kutya és macska eredetű *Pasteurella sensu stricto* fajok azonosításának lehetőségeit elemezték Biolog (automatikus baktérium meghatározó) rendszerben. Feltárták, hogy a

Biolog rendszer a vizsgált 38 izolátumot két *Pasteurella* fajba (*P. multocida* és *P. dagmatis*) sorolta. Azonban hagyományos biokémiai vizsgálatokkal (ureáz-, ornitin dekarboxiláz aktivitás, maltóz-, mannit fermentáció) és a *sodA* (mangán-függő szuperoxid-diszmutáz enzim) gén szekvencia elemzésével kimutatták, hogy a Biolog-ban *P. dagmatis*-ként azonosított törzsek további fajokba sorolhatók (*P. canis*, *P. dagmatis*-like). Eredményeik szerint a Biolog rendszer a közeli rokonságban álló *Pasteurella* fajok azonosítására csak korlátozottan alkalmas, jóllehet a különböző háziállatokból származó *Pasteurella* fajok zoonotikus jelentősége egyre növekszik.

Mycoplasma

Öt általánosan használt antibiotikum immunstimuláns kezeléssel kombinált hatékonyságát vizsgálták *M. gallisepticum*mal fertőzött csirkékben. Az immunstimulánst (Immunair) az antibiotikum kezelés alatt adagolták 3 napon át. A *Mycoplasma* fertőzés hatására a fertőzött csirkék testtömege 15-20%-kal csökkent a nem fertőzött állatok testtömegéhez viszonyítva, bennük súlyos légzsákgyulladás alakult ki. Antibiotikus kezelés hatására a csirkék testtömege csak kismértékben nőtt, a kórbonctani elváltozások súlyossága is csak enyhén csökkent. Ezzel szemben az antibiotikummal és immunstimulánssal egyidejűleg kezelt állatok testtömege azonos lett a nem fertőzött kontroll állatokéval, a kórbonctani elváltozások súlyossága pedig jelentősen csökkent a csak antibiotikummal kezelt csoport leletéhez viszonyítva.

Halkórtani és ökológiai kutatások

Szezonális boncolásokkal, szövettani vizsgálatokkal és molekuláris módszerekkel követték nyomon a Balatonban és a Kis-Balatonban élő bodorkák, valamint a Dunában élő jászkeszegek kopolyújában megjelenő, már korábban is észlelt parazitásterű képletek fejlődését. A képletek 18S rDNS vizsgálatával megállapították, hogy azok a *Myxobolus intimus*, illetve a *M. elegans* fajok korai fejlődési alakjai, melyekben spórák csak a következő év tavaszán alakulnak ki. Hasonló képletek, a korábban csak porcból ismert, *M. feisti* fejlődési alakjainak bizonyultak. Bizonyították, hogy ezek intercellulárisan a vérerek falán fejlődnek, és spóráikat a porcsejtek csak később növik körül. Az Amerikából behurcolt, és Magyarországon, illetve Portugáliában elterjedt naphalat fertőző *Myxobolus dechtiari* faj molekuláris módszerrel azonosított spórái hasonló úton fertőzik a kopolyülemezek porcsugarait. Vizsgálták a GénBankba lehelyezett *Myxobolus* szekvenciák leírásuk helyességét. Bizonyították, hogy a szekvenciák jelentős részét tévesen azonosították, mivel a különféle szerzők figyelmen kívül hagyták a fajok gazda-fajlagosságát. Vizsgálatokat kezdtek az ún. kis-oligochaeták gazdaszerépét illetően. Megállapították, hogy a gyakran vizsgált *Tubifex* és *Limnodrilus* fajokban a nyálkaspórák halparazitáknak csak egy kisebb hányada fejlődik, és a fajok terjesztésében valószínűleg a nehezen tanulmányozható kisméretű fajoknak is szerepük van. Intenzíven folytatták a halparazita nyálkaspórák oligochaeta alternatív gazdáiban való fejlődésének vizsgálatát a Balatonban – újabb, eddig ismeretlen aktinospóra típusokat mutattak ki, illetve egy faj esetében (*Myxobolus fundamentalis*) azonosítani tudták a myxospóra-aktinospóra párt is. Balatoni csigákból metyelylárvaikat izolálták és eddig 20 morfológiailag elkülöníthető cercária-típust mutattak ki. A Balatonba újabban betelepült halfajok közül a folyami géb-állományban 40-100%-os (átlagosan 53%-os) *Ligula intestinalis* lárva fertőzést észleltek. Ez a gazdaságilag jelentéktelen halfaj jelentős szerepet játszhat a hlevő madarak és közvetve az értékes halállomány fertőződésében. Az előző évben már izolált *Soricimyxum fegati* nyálkaspórák fajt több kisméretű mintában,

Európában másodikként, újra izolálták, genetikailag azonosították. Portugál együttműködésben tengeri polychaeta alternatív gazdában (*Diopatra neapolitana*) fejlődő újabb, egyedi morfológiájú aktinospóra típust (unicapsulactinomyxon) írtak le. Európai együttműködésben összehasonlító vizsgálatot végeztek az európai angolna *Anguillicoloides crassus* fertőzöttsége következtében bekövetkező úszóhólyag-megbetegedés értékelésére két alternatív index használatával. Egy amerikai kutatócsoporttal való együttműködésben (Agricultural Research Center, East, Beltsville, USA) tovább elemezték a halakban élő kokcídium fajok genetikai vonatkozásait. Megállapították, hogy az emlősökben és madarakban élő fajok ősei halakban alakultak ki. Jelentős előrehaladást értek el halélősködő férgek (*Bothriocephalus acheilognathi*) vízből, illetve köztigazda szervezetekből gyorsdiagnosztikai módszerrel (LAMP) való kimutatására.

A halélősködő *Myxobolus pseudodispar* faj fejlődésének kísérletes vizsgálatával kimutatták, hogy a kétgazdás fejlődés menet során, mely egy hal és egy kevéssertéjű féreg gazdában zajlik, a gerinctelen gazda (kevéssertéjű féreg) szelekciós hatást gyakorol a parazitára a féregpopuláció faji összetétele által. Igazolták, hogy a különböző élőhelyeken előforduló féregpopulációk eltérő faji összetételük révén befolyásolják a halakat fertőző ún. aktinospóra fejlődési alakok számát, ami adott élőhelyen hatással lehet a halak fertőzöttségének mértékére. A parazita fejlődésének kísérletes vizsgálatával azt is igazolták, hogy e parazita faj a bélhámokon keresztül fertőzi a kevéssertéjű férget, és a fertőzést követő első héten a féreg immunrendszerének sejtjes elemei aktívan reagálnak a fertőzésre. Az MgSzH Állategészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság munkatársaival együttműködve kimutatták a gümőkórt okozó *Mycobacterium chelonae* jelenlétét laboratóriumi körülmények között tartott fehér busa állományban. A tüneteket mutató halak részletes kórtani és szövettani vizsgálata mellett a fertőzést közvetítő lehetséges ágensek bakteriológiai vizsgálatát is elvégezték. Eredményeik azt mutatják, hogy a kereskedelmi forgalomban kapható mélyhűtött haleleségek közvetítői lehetnek olyan súlyos betegséget és elhullást okozó bakteriális fertőzésnek is, mint a mycobacteriosis. A Benta-patak Százhalombatta környéki szakaszán élő halfaunájának parazitáltságát vizsgálva számos nyálkaspóras halélősködő (Myxozoa) molekuláris vizsgálatát végezték el. Az adott élőhelyen először diagnosztizálták számos, hazánkban előforduló nyálkaspóras parazita jelenlétét. Ezen kívül több, hazánkban eddig nem azonosított fajt sikerült kimutatniuk. Ezek közül kiemelkedő a jászkeszeg epehólyagjában előforduló *Chloromyxum* sp. faj jelenléte, valamint az ezüstkárász vesecsatornáiban intenzív fertőzöttséget produkáló *Sphaerospora carassii* faj előfordulása.

II/b Párbeszéd a tudomány és a társadalom között

Az intézet jól felkészült kutatói gyakran kapnak telefonon vagy elektronikus levélben a lakosság számára érdekesnek vagy fenyegetőnek tartott kórokozókval kapcsolatos témákban kérdéseket. Sokszor csupán a sajtóban vagy más médiumokban nem egyértelműen megfogalmazott állítások tisztázására van szükség. Más esetekben a laikusok nem tudják, kihez kell bizonyos szakmai kérdésekben fordulni, és az Akadémia számára megtisztelő módon, elsőként annak kutatóintézetét keresik meg. A kutatók mindig készségesen állnak rendelkezésre a megfelelő információk biztosításával, vagy ha a téma kompetenciájukon kívül esik, az illetékesekhez való irányítással. Itt lehet megemlíteni a baromfi szalmonellózis elleni védekezést segítő szaktanácsadói (munkacsoporti) tevékenységet is, melyet az EU az intézet egyik tagjától 2010-ben is rendszeresen igényelt (EFSA BIOHAZ „Working Groups on a quantitative estimation of the public health impact of setting new target for the reduction of

Salmonella in breeding flocks, in layers, and in broilers”). Ezen tudományos munkacsoporti véleményeket az EFSA publikálta, illetve EU parlamenti bizottságok és munkacsoportok rendelkezésére bocsátotta. A Magyar Országos Állatorvos Egyesület, mint civil szakmai szervezet egyik legaktívabb társasága a Baromfi-egészségügyi Társaság 2010. évi konferenciája (Derzsy Napok) keretében a „Salmonella fertőzöttség csökkentése” témakörben szakmai ülést és vitadélután szervezett, melynek megállapításait az illetékes minisztériumi döntéshozóknak elküldte. Az ülés megszervezője és szakmai moderátora az intézet illetékes szakembere volt.

A Halkórtani és Parazitológia témacsoport által művelt ökológiai jellegű kutatások több eleme is közérdeklődésre tarthat számot. A balatoni halpusztulások kórtani hátterének vizsgálata, mint a korábban bekövetkezett angolnapusztulások, vagy a napjainkban a Balaton egyes területein jelentkező dévérkeszeg és kagylóelhullások szolgáltatnak erre példát, melyek hátterében parazitológiai vonatkozások voltak megfigyelhetők. A közvéleményt meglepítő eredmény az a vizsgálat is, amely szerint az őshonosnak tekintett ponty valójában egy Ázsiából az ókorban emberi közreműködéssel betelepített faj.

A kutatók közül többen is részt vesznek diagnosztikai munkában, melynek során az állattartók hasznos ismereteket szerezhetnek az állományukat veszélyeztető betegségekről, illetve a megelőzés lehetőségeiről. Az intézet az elmúlt évben is lehetővé tette, hogy biológia iránt érdeklődő középiskolás diákok látogathassák meg, ami a tudományos érdeklődés felkeltését is szolgálhatja ebben a fogékony életkorban.

III. A kutatóhely hazai és nemzetközi kapcsolatai 2010-ben

Az állati adenovírusok referencia központjának számító molekuláris és összehasonlító virológiai laboratórium szorosan együttműködik brit, amerikai, német és spanyol kutatókkal. Legutóbb német állatorvosokkal (Staatliches Veterinäruntersuchungsamt, Arnsberg) állapodtak meg mokus-elhullásokat okozó vírusok közös kutatásában, illetve orosz kutatókkal (Orosz Mezőgazdasági Akadémia, Összoroszországi Állatorvosi Virologiai és Mikrobiológiai Kutatóintézet, Pokrov) közös hal-herpeszvírus DNS-vakcina fejlesztésébe kezdtek.

A funkcionális virológiai csoport közös kutatást indított a National Veterinary Institute (Uppsala, Svédország) virológiai osztályával. Témájuk: új típusú reverz genetikai rendszer fejlesztése nidovírusok tanulmányozásához, macska-koronavírusok elleni vakcina fejlesztése. Az intézet enterális virológiával foglalkozó kutatói rotavírusok molekuláris epidemiológiája és összehasonlító genomvizsgálata témakörben több évre visszanyúló kapcsolatokat ápolnak a belgiumi Katholieke Universiteit (Leuven), az olaszországi Università degli Studi di Bari (Bari) és az USA-beli Centers for Disease Control and Prevention (Atlanta, GA) munkatársaival. Az elmúlt évben tucatszintű rotavírus törzs genomját határozták meg és elemezték közösen.

Enterális bakteriológia és alimentáris zoonózis csoport a következő témákban folytatott sikeres kollaborációt: bakteriális pathogenomika (Univ. Würzburg, Institut für Infektionsbiologie), *E. coli* törzsek antibiotikum-rezisztencia és virulencia microarray vizsgálata (Veterinary Laboratory Agency, Weybridge, UK), plazmidon kódolt quinolon rezisztencia gének jellemzése (Central Public Health Institute, Róma), *Pseudomonas aeruginosa* populáció-genetika (Medizinische Hochschule Hannover).

A légzőszervi bakteriológiai csoport együttműködésbe kezdett a Northern Arizona University (USA) kutatóival kórokozó baktériumok molekuláris járványtana témakörben. A sertés légzőszervi komplex kutatását célzó közös vizsgálatokat végeztek a Kaposvári Egyetemmel.

A halkórtan és parazitológia csoport képviselője részt vett a Brain Gain Malaysia Programban (Kuala Terengganu, Halkórtani Workshop). Az University of Porto munkatársaival együttműködnek tengeri halak nyálkaspórák paraziták fejlődési ciklusai témakörben.

A hal-parazitológiai csoportnál tárgyévától külföldi vendégkutató dolgozik a Humboldt Alapítvány Feodor Lynen posztdoktori ösztöndíjának támogatásával (Németország). Folyamatos szakmai kapcsolatban állnak a bécsi Állatorvos-tudományi Egyetem halegészségügyi részlegével (Ausztria). Újabb együttműködést kezdtek a Tuniszi Egyetemmel, tengeri halfajok nyálkaspórák élősködőinek genetikai jellemzése témában.

Több csoport is rendelkezik vállalati kutatás-fejlesztési kapcsolatokkal (a légzőszervi bakteriológiai csoport kiemelkedő módon). Főbb partnereik: CEVA-Phylaxia Rt, Budapest; CEVA, Libourne, és Merial, Lyon, Franciaország; Boehringer Ingelheim Vetmedica GmbH, Ingelheim, Németország; Laboratorius SYVA, León, Spanyolország; FATRO, Ozzano Emilia, Olaszország, melyektől 2010-ben is jelentős megbízásokat kaptak.

Felsőoktatási kapcsolatok: Egyetemi előadásokat tartottak, gyakorlatokat vezettek, állatorvos és biológus szakdolgozók kutatásait irányították (Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Kar, SZIE Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, ELTE TTK, Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Szegedi Tudományegyetem, Orvosi Kar). Hét kutató vezetett összesen 15 doktorandust (SZIE, ELTE, Pannon Egyetem, Kaposvári Egyetem). Tagjai a SZIE ÁOK Doktori és Habilitációs Tanácsának. Doktori iskolában akkreditált törzstagok (5 fő): SZIE, Pannon Egyetem és Debreceni Egyetem.

További jelentős együttműködő intézmények: SZIE Állatorvos-tudományi Kar; Debreceni Egyetem; MGSZH ÁDI és Takarmány és Élelmiszerlánc Igazgatóság; Országos Epidemiológiai Központ; Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont; Pannon Egyetem Georgikon Kara; Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar, Szent László Kórház; Magyar Természettudományi Múzeum; ELTE TTK; MTA Balatoni Limnológiai Kutatóintézet. *Franciaország:* Univ. Toulouse; AFSSA, Ploufragan; *Hollandia:* Univ. Leiden; *Nagy-Britannia:* University of Nottingham; *Németország:* Univ. Hohenheim, Stuttgart; *Olaszország:* University of Ferrara; *Svájc:* University of Zürich; *USA:* USDA Beltsville Agricultural Research Center, MD; Oregon State University; University of South Dakota.

Bizottsági / szervezeti munka

Szerkesztőbizottságok: Acta Veterinaria Hungarica (főszerkesztő, 2 szerkesztő-bizottsági tag), Diseases of Aquatic Organisms, International Journal of Molecular Epidemiology and Genetics, Iranian Journal of Fisheries, ISRN Veterinary Science, Magyar Állatorvosok Lapja, Slovenian Veterinary Research, Veterinarski Archiv (Slovenia), Veterinary Medicine (Csehország), World Journal of Virology.

Hazai bizottságok: A Magyar Mikrobiológiai Társaság (2 vezetőségi tag); MTA bizottságok: az AKT Élettudományi Szakbizottsága (tag), Állatorvos-tudományi Bizottság (elnök és 3 tag),

Zoonózis albizottság (elnök), Állatkísérleti Tudományos Bizottság (tag), Bolyai János Ösztöndíj Kuratórium Agrártudományi Szakkollégiuma (vezető); OTKA Élettudományi Kollégium és Agrár 2 szakzsűri (tagok), MOÁE Baromfi-egészségügyi Társaság (vezetőségi tag), Magyar Élelmiszer-biztonsági Hivatal, Biológiai Biztonság Szakbizottság (tag), Magyar Ösztöndíj Bizottság Agrártudományi Szakmai Kollégiuma (tag), Magyar Parazitológusok Társasága (elnökségi tag, főtitkár), MTA Hidrobiológiai Bizottság (tag), Magyar Országos Állatorvos Egyesület (elnökségi tag), Állatvédelmi Tanácsadó Testület (tag).

Nemzetközi bizottságok: Európai Állatorvosi Virologiai Társaság (ESVV, elnökségi tag), Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV, Magyarország képviselője), ICTV Adenoviridae Munkacsoport (elnök), Rotavírus Klasszifikációs Munkacsoport (RCWG, tag), Európai Rotavírusfigyelő Hálózat (EuroRotaNet, irányítótestületi tag), GenBank Referencia Szekvenciák Részlege (társ-szaktanácsadó), ResearchGATE scientific network (magyar főtanácsadó), World Veterinary Poultry Association (tiszteletbeli elnök), EASAC Antimikrobiális Rezisztencia és Zoonózis Munkacsoport, ERA-NET PathoGenoMics (humán kórokozó mikroorganizmusok európai genomkutatásának koordinálása, a Program Network Irányító Tanács tagja és a Network of Excellence-Euro-Pathogenomics magyarországi képviselője, MedVetNet-Association (tag), FAO/WHO Codex Alimentarius Antimikrobiális Rezisztencia Munkacsoport és Zoonózis Munkacsoport (tag), European Association of Fish Pathologists, (magyar tagozat képviselője), International Organisation of Mycoplasmatologists, Avian, Cattle and Swine Research Groups (tag).

IV. A 2010-ben elnyert fontosabb hazai és nemzetközi pályázatok rövid bemutatása

Három új OTKA és egy NKTH-OTKA pályázatot nyertek 122 M Ft összértékben. A Rapid Fish GAK program keretében további 4,6 M Ft támogatást kaptak a munka befejezéséhez. Az EU források közül az EU-EPG (11,3 M Ft), a MedVetNet (8 e EUR), az EuroRotaNet (2,9 M Ft) és a Nova-Duck (20 e EUR) programok biztosítottak kutatási támogatásokat. Formálisan is megalakult a „MedVetNet Association” nemzetközi zoonózis kutatási egyesülés. Az intézet ennek tagjaként folytathatja a sikeresen zárt EU FP6-os MedVetNet program kutatásait és az együttműködés bővítését. Az elnyert támogatások hatékony kutatásokat, nemzetközi kapcsolatokat, felsőoktatási lehetőségeket és kutató-utánpótlásnevelést biztosítanak.

V. A 2010-ben megjelent jelentősebb tudományos publikációk

1. Bányai K, Papp H, Dandár E, Molnár P, Mihály I, Van Ranst M et al. (8) (2010) Whole genome sequencing and phylogenetic analysis of a zoonotic human G8P[14] rotavirus strain. *Infect Genet Evol* 10 (7) 1140-1144
2. Kovács ER, Jánoska M, Dán Á, Harrach B, Benkő M (2010) Recognition and partial genome characterization by non-specific DNA amplification and PCR of a new siadenovirus species in a sample originating from *Parus major*, a great tit. *J Virol Methods* 163 (2) 262-268
3. Nógrády N, Imre A, Kostyák A, Tóth A, Nagy B (2010) Molecular and pathogenic characterization of Salmonella enterica serovar Bovismorbificans strains of animal, environmental, food, and human origin in Hungary. *Foodborne Pathog Dis* 7 (5) 507-513
4. Sellyei B, Wehmann E, Makrai L, Magyar T (2010) Characterisation of Pasteurella dagmatis-like isolates recovered from the feline oral cavity. *Vet Microbiol* 145 (3-4) 279-285