

AGRÁRTUDOMÁNYI KUTATÓKÖZPONT ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI INTÉZET

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

Tel: 467-4060, Fax: 467-4076

e-mail: magyar.tibor@agr.ar.mta.hu, honlap: www.vMRI.hu

I. A kutatóhely fő feladatai 2014-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*, *Francisella*, *Brucella*) 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 felmérése, kórtani szempontból fontos halparaziták gazdára gyakorolt hatásának megismerése, valamint a nyálkaspórák élősködők és coccidiumok fejlődésének, kórtanának és változatosságának kísérletes és molekuláris vizsgálata.

II. A 2014-ben elért kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

II/a Kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

Virológiai kutatások

Adenovírus

Állati adenovírusokon alapuló génkifejező vektorok előállítására céljából összehasonlították több, korábban szerotipizált, nem-emberszabású majom-AdV növekedési képességét különböző állati és humán sejtvonalakon. Számos majom-AdV teljes genomját új generációs szekvenálással és átfogó bioinformatikai elemzéssel vizsgálták. A világon először ismertek fel olyan AdV-t, melyben három fiber-gén is található. Részt vettek a bécsi állatorvosi egyetemen új generációs szekvenálással nyert tyúk-, galamb- és barbari kacsá-adenovírusok genomjának

értelmezésében (annotálásában), a még hiányzó részek azonosításában és a filogenetikai eredmények értelmezésében. Újabb galamb-adenovírusokat találtak és részlegesen szekvenáltak. Spanyol együttműködésben meghatározták több állati adenovírus receptorkötő fehérjéjének térszerkezetét bakteriális rendszerben előállított fiberek röntgenkrisztallográfias vizsgálatával. Állati AdV-ok további génjeit fejezték ki bakteriális rendszerben, és kanadai együttműködésben a sejtfehérjékhez való kötődésüket vizsgálták. Eddig ismeretlen AdV-okat mutattak ki és jellemeztek részlegesen hulló, madár, rágcsáló, denevér, jegesmedve és majom eredetű mintákban.

Különféle hal-, kétéltű- és hullóvírusok

A tudomány számára új herpesz- és cirkovírusokat mutattak ki és jellemeztek több halfajból, kétéltűekből és hullókból. Egy hal-herpeszvírus és több cirkovírus genomjának teljes szekvenciáját meghatározták és elemezték.

Vírusfertőzések molekuláris epidemiológiai vizsgálata és új vírusok felfedezése

Hasmenéses nyulak bélsármintáinak vizsgálatakor új bocaparovírust azonosítottak. Kutya bélsárból kimutatott rotavírus szerkezeti fehérjéinek szekvencia elemzésekor új rotavírus jelenlétére bukkantak. A species-meghatározásra használt VP6 fehérje 46% vagy az alatti hasonlósági értéket mutatott más rotavírus fajok reprezentatív törzseinek VP6 génjével. A rotavírus fajok elkülönítésére használt VP6 szekvencia határérték 53%; ez alapján javasolták a rotavírusok nemzetségén belül egy új vírusfaj (*Rotavirus I*) elkülönítését. Nemzetközi együttműködésben vizsgálták a calicivírusok közé sorolt szarvasmarha eredetű Kirklareli vírus ~7,5 kb hosszúságú genomját. A vírus a VP1 gén mentén <60% nt és <43% aa azonosságot mutatott más bovin calicivírusokkal. Folytatták megfigyeléseiket a humán rotavírus törzsek hazai előfordulására vonatkozóan és száznál több, nemzetközi együttműködésben gyűjtött rotavírus törzs genomszekvenciáját határozták meg.

Parvo- és Nidovírus kutatások

Immunofluorescens vizsgálatok feltárták, hogy a sertésparovírus (PPV) Kresse törzsnél a SAT fehérje deléciója „lassú terjedéshez” vezet szövettényezetben, amelynek közvetlen oka a fertőzőképes vírus titerének csökkenése. Kvantitatív PCR analízis bizonyította, hogy a titer csökkenésért a vírus DNS szöveti felülúszóban való alacsonyabb kópiaszáma felelős. A propidium jodidos és LDH mérések alapján a vírus kópiaszámának csökkenése kapcsolt a SAT fehérje hiánya miatt későbbre tolódó apoptózis és sejtlyzises folyamatokkal, amelyeket a SAT valószínűleg ER stressz kiváltásán keresztül indukál. Az AAV2 teljesen más genomszerveződést és más szaporodási stratégiát mutat, mint a PPV, mivel replikációjához helper vírus jelenlétét igényli – annak hiányában a gazdagenomba integrálódik, illetve episzómálisan perzisztál. Ennek ellenére az AAV2 virionba pakolódott DNS-e hasonló hipometilált mintázatot mutat, csakúgy, mint a PPV genomja. Ezzel ellentétben az integrálódott AAV2 genom hipermetilált. Transzfekciós kísérletek alapján, az *in vitro* metilálással létrehozott hipermetilációnak – ugyanúgy, mint a PPV esetében – csak mérsékelt hatása van az AAV2 szaporodási képességére. Ezek a kísérletek arra utalnak, hogy a gazdagenomba integrálódott AAV2 transzkripcióját és a vírus genom kivágódását a metiláció nagy valószínűséggel nem befolyásolja.

Immunológiai vizsgálatok feltárták, hogy a sertés reprodukciós és légzőszervi szindrómáját okozó vírus (PRRSV) ORF7 alternatív leolvasási keretéről leíró peptid (ORF7ap) képes az IgG-t kötni, a fő kötőhely az ellenanyag Fc fragmentjén található. ORF7ap komplement

fixációs tesztben a vörösvértest lízisét gátolja. Ez arra utal, hogy a fehérje az IgG (Fc) fragment CH2 doménjéhez kötődik, amit a komplement és az IgG közötti kölcsönhatás krisztallográfiás vizsgálata is alátámasztott. Immunizációs kísérletekben a fehérje önmagában nem bizonyult immunogénnek, azonban autoimmun antinukleáris ellenanyagokat indukált mind egérben, mind sertésben. A vizsgálatok alapján ORF7ap fontos szerepet játszhat a PRRSV immunszuppressziójában és a perzisztens fertőzés fenntartásában.

Reverz genetikai rendszerrel létrehozott vírus párral állatkísérletekben először sikerült igazolni, hogy a macskák fertőző hashártyagyulladását okozó FIPV vírus szövetspecifitásának megváltozásában a 3abc régió kulcsszerepet játszik.

Bakteriológiai kutatások

Salmonella kutatások

A humán salmonellosisért elsősorban felelős *Salmonella* Enteritidis (SE147 és SE11) virulens vad törzsei által kiváltott citokin válaszokat tanulmányozták *in vitro* (csirke embrió fibroblaszt = CEF és csirke makrofág =HD11) és *in vivo* (SPF napos csibe vakbél és lép) rendszerekben, különös tekintettel a természetes immunitásban szerepet játszó, eddig még nem vizsgált baromfi génekre. A fertőzött CEF sejtek génexpressziós változásait Agilent custom 8 x 15K microarray-en mérték le (>13000 gén). A szignifikánsan megnövekedett génexpressziókat real-time PCR-el ellenőrizve, eddig ismert immun gének (CSF3, IL-1 β , IL-8) mellett a fenti rendszerekben öt nem-immun gén is jelentős expressziót mutatott. Ezek közül a G0S2 (mitochondriális lipid metabolizmus) gén lehet, hogy a *S. Enteritidis* fertőzés hatására, mind a professzionális, mind a non-professzionális fagocitózist befolyásolhatja. A *Salmonella* virulencia plazmid (*spV*) és flagellin (*fliD*), patogenitásban betöltött szerepét a SE 11 jelű szülő törzs *spVA* ill. *fliDA* (plazmid és/vagy flagellin-mentes) mutánsaival CEF sejtek inváziója és génexpressziós mintázata révén mérték. A *fliD* gén deléciója a CEF inváziós készség csökkenését okozta, melyet az *spV* deléció tovább gyengített. A real-time PCR-el megerősített eredmények a mutánsokban két metabolizmus gén, az ENO2 és G0S2 fokozott indukcióját jelezték. Adataik alapján feltételezhető, hogy *Salmonella* fertőzés esetén az *spV* plazmid és a *fliD* flagellin a *Salmonella* inváziós készségének növelése mellett a megtámadott csirkesejtek egyes metabolikus folyamatait gátolják, fagocitotikus készségüket pedig növelik.

Pathogén *Escherichia coli* kutatások

Shiga toxint (Stx) kódoló konvertáló bakteriofágok: az EHEC O157:H7 Sakai prototípus törzsből, izoláltak, szekvenáltak és funkcionálisan annotáltak egy Stx1-termelés kódoló új rekombináns fágot. Megállapították, hogy a *Podoviridae* morfológiájú, 61,138 bp méretű konvertáló Stx1 fág géneinek zöme Stx2-termelést kódoló Sp5 (Sakai profág) eredetű. Egy multirezisztens (MDR) *Shigella sonnei* törzsből izoláltak egy 60,875 bp méretű Stx1-termelést kódoló *Myoviridae* morfológiájú új konvertáló fágot. Megállapították, hogy az *stx1* gének összetétele megegyezik az elsőként *S. dysenteriae*-ben azonosított *stx* gének összetételével. Az a tény, hogy az *stx* operon archetípusa jelen van egy eddig nem ismert *S. sonnei* által hordozott konvertáló fágban új Stx- termelő törzsek felbukkanását valószínűsíti.

Citoletális duzzasztó toxin (Cdt)-V alegység fehérjéinek jellemzése: a CdtB alegységnek elsősorban DNáz aktivitással összefüggő mitózisgátló hatása jól jellemzett, azonban a CdtA és CdtC alegység fehérjék additív szerepe számos nyitott kérdést vet fel. A CdtA és CdtC alegység fehérjék funkcionális jelentőségének vizsgálatára Cdt alegység fehérjéket kódoló

expressziós klónokat alakítottak ki, és klónok fenotípusos hatását sejt kultúrában vizsgálva megállapították, hogy a sejtciklus leállításához és a jellegzetes morfológiai változások kialakításához szükség van mind három Cdt alegység fehérjére.

Egy EU FP7-es élelmiszerbiztonsági téma keretében az EU-n kívülről, illegálisan behozott, >1700 állati eredetű élelmiszermintából kommenzalista MDR *E. coli* és verotoxikus *E. coli* (VTEC) törzseket izoláltak és részletesen jellemeztek, különös tekintettel az Európában ismeretlen, de potenciális veszélyforrást képező új virulencia és/vagy rezisztencia génekre. A nemzetközi együttműködés eredményeként, egy MDR enteropathogén *E. coli* (EPEC) és 15 VTEC törzset azonosítottak. Közülük három VTEC törzset, az eddig ismertektől eltérő új szekvencia típusú (ST4505, -4506, -4507) törzsként határoztak meg és az *E. coli* MLST bankban deponáltak.

Pasteurella kutatások

Egy eddig hazánkban nem tapasztalt megbetegedést állapítottak meg háztáji sertésekben. Három *P. multocida* ssp. *multocida*-ként azonosított, B buroktípusú, 2-es szomatikus szerotípusú, 3-as biotípusú törzset izoláltak. Az M13 PCR három genetikai profilt különített el. A B:2 szerotípusú törzsek esetében egyező mintázatot kaptak. A filogenetikai viszonyokat a háztartási gének szekvencia analízisén alapuló multi-lókuszos szekvencia tipizálással (MLST) térképezték fel, melynek során egy új szekvenciatípust (ST61) írtak le. Az *aroA* (558 bp) génszakasz elemzése során pedig egy új allélt azonosítottak. A filogenetikai vizsgálatok során az MLST adatbázisban fellelhető izolátumok szekvencia adataival való összevetés során a B:2 szerotípusú, haemorrhagiás szeptikémiát okozó törzsek egy jól elkülönülő klasztert alkottak. Megállapították, hogy a szeptikémiát okozó izolátumok fenó- és genotípusos diverzitása rendkívül alacsony, az izolátumok egy jól elkülönülő klonális komplexet alkotnak.

Bordetella kutatások

Sertés torzító orrgyulladásos esetekből származó *B. bronchiseptica* törzseket hagyományos és molekuláris genetikai módszerekkel vizsgáltak, különös tekintettel arra, hogyan befolyásolja az eltelt idő és az adott telepen alkalmazott antimikrobiális terápia a törzsek tulajdonságait. A három különböző génszakaszon (*cyaA*, *flaA* és *fimA*) végzett molekuláris genetikai (PCR-RFLP és szekvencia) elemzések a sertés eredetű törzsek homogenitását tárták fel. Az antibiotikum érzékenységi vizsgálatokban, Kirby-Bauer korongdiffúziós módszert alkalmazva, kimutatták, hogy a törzsek rezisztensek penicillinre, ceftiofurra, vankomicinre és linkomicinre, de érzékenyek kolisztinre, neomicinre, valamint az alkalmazott quinolonokra. Feltárták, hogy a vizsgált törzsek egyharmada szulfonamid-rezisztens és egy ezek közül egy még tetraciklin rezisztenciával is rendelkezik. A sertés eredetű *B. bronchiseptica* törzseknél tapasztalt antibiotikum rezisztencia genetikai hátterét plazmid profil vizsgálatokkal is kiegészítették, és csak a szulfonamid-rezisztens törzsek esetében izoláltak plazmidokat, három különböző méretben. Feltételezik, hogy az állattartó telepeken alkalmazott antibiotikum terápia befolyásolja a baktériumok antibiotikumokkal szembeni érzékenységének alakulását.

Baromfi légzőszervi bakteriológiai kutatások

Összesen 34 *O. rhinotracheale* és 19 *B. avium* törzs antibiotikum érzékenységét vizsgálták korongdiffúziós módszerrel, majd három antibiotikum esetén meghatározták a MIC (minimális gátló koncentráció) értékeket is. Minden *O. rhinotracheale* törzs érzékeny volt ampicillinre, chloramphenicolra, spectinomycinre és a legtöbb tilmocozinra is, azonban a törzsek nagy része rezisztensnek bizonyult gentamicinnel, nalidixsavval,

sulphomethoxazol/trimethoprimmal, polymixin B-vel és sulfonamidokkal szemben. A vizsgált törzseknek 48, illetve 41%-a volt érzékeny amoxicillinra és az erythromicinre. Az összes *B. avium* izolátum rezisztens volt ceftiofurral és lincomycinnel szemben, és érzékeny doxyciklinre, gentamicinre, polymixin B-re, spectinomycinre and sulfonamidokra. A tilmicosin és a sulphomethoxazol/trimethoprim is hatékonyak bizonyult.

Különböző fajú hazai házi madarak (lúd, kacs, pulyka, tyúk) *Riemerella anatipestifer* fertőzöttségét vizsgálták. 1963 kacs, 2920 lúd, 1063 pulyka és 3676 tyúk mintából 149 lúd és 25 kacs esetében állapították meg anatipestifer betegséget, törzsgyűjteményüket pedig 21 lúd és 4 kacs eredetű törzssel bővítették. A törzsek nagy arányban érzékenyek voltak florfenicolra, penicillinre, sulphonamid+trimethoprimre, spectinomycinre, ampicillinre és amoxicillinre. A törzsek nagy százaléka rezisztens volt flumequinre, erythromycinre és a tetraciklinekre. Az elmúlt években izolált 38 multirezisztens (7-nél több antibiotikumra rezisztens) törzset vizsgálva 36 esetben izoláltak 3-5 kb méretű plazmidokat.

Zoonótikus baktériumok és *Mycoplasma* kutatások

A *Francisella tularensis* és gazdafajai közötti különböző kölcsönhatások vizsgálatát a Kassai Állatorvosi Egyetemmel együttműködésben végezték el. A vizsgálat során gyengített virulenciájú, élő vakcina (LVS) és vad, virulens *F. tularensis* ssp. *holarctica* törzsek *in vitro* érzékenységet vizsgáltak egér (nagyon fogékony), mezei nyúl (mérsékelten fogékony, rezervoár) és szarvasmarha (ellenálló, de szerológiailag áthangolódhat) komplement rendszerével szemben. Együttműködés keretében részt vettek amerikai *F. tularensis* törzsek genetikai tipizálásában is. Elvégezték Magyarország különböző területeiről, különböző fajokból, különböző időpontokban izolált *Brucella suis*, *Borrelia* spp., *Coxiella burnetti* és *Mycoplasma bovis* törzsek összehasonlító genetikai elemzését. Feltárták egyes kevésbé ismert bakteriális kórokozók (*Chlamydiales*, *C. burnetii*, *Brucella* spp.) szerepét a hazai házi és vad kérődző állatok vetéléses kórkepeiben. Elvégezték a hazai *M. bovis* törzsek antibiotikum érzékenységeinek vizsgálatát, a minimális gátló koncentrációk (MIC) meghatározását mikroleves hígítási módszerrel, és eredményeiket más országokban kapott értékekkel vetették össze. Etiópiából származó szarvasmarha és kullancs mintákat vizsgáltak meg különböző vektor-borne kórokozók kimutatása céljából.

Halkórtani és ökológiai kutatások

Kórtani vizsgálatokat végeztek halélősködő nyálkaspórák és mótely paraziták, és tanulmányozták az invazív fajoknak az eredeti, illetve a honos halakra gyakorolt hatását. Részt vettek a balatoni gardapusztulás kórokának vizsgálatában, és két új, gardában élősködő *Myxobolus* fajt mutattak ki a kopoltyú-erekben és a szem retinahártyájában. Dunai paducokból 6 *Myxobolus* fajt izoláltak, melyek közül háromra morfológiai és szekvencia adatokat is gyűjtöttek. Az indiai tenyésztett pontyfélékből általuk korábban kimutatott nyálkaspórák élősködők molekuláris jellemzése eredményeképpen három új *Myxobolus* fajt írtak le. A balatoni halak kopoltyúján intenzív fertőzést találtak egy *Echinocasmus* faj metacerkáriáival. Ez az élősködő vágódurbincson a kopoltyú-lemezek torzfejlődését okozta. A már ismert invazív halfajok mellett tanulmányozták a betelepült amurgéb és törpegéb parazitáit, és azoknak a klímaváltozással lehetséges kapcsolatait. A halak oldalvonalának érzősejtjeiben élősködő két Echinostomatida metacerkária közül egyet a kormorán *Petasiger phalacrocoracis* fajával azonosították. Ehhez kormoránok beléből imágó stádiumú *Petasiger phalacrocoracis*, *P. exaeretus* és *Paryphostomum radiatum* trematodákat gyűjtöttek, és

vizsgálták az ITS régió szekvenciáit. Ugyancsak kormoránból kimutatták a halakat fertőző *Paradilepis scolecina* nevű galandféreg és a *Contracoecum rudolphi* nevű fonálféreg intenzív előfordulását.

Természetes vizeinkből (Balaton, Kis-Balaton, Tisza-tó, Duna), valamint tógazdaságokból és horgásztavakból hal-bakteriológiai felmérő vizsgálatokat végeztek. A *Flavobacterium* fertőzőtség felmérése az uszony- és farok rothadását, továbbá fekélyes bőrelváltozásokat okozó, *F. johnsoniae* faj domináns előfordulását mutatta. A törzsek 16S rRNS gén PCR-RFLP vizsgálata során 2 genotípust azonosítottak. A törzsek antibiotikumok iránti érzékenységének vizsgálata tíz, a haltenyésztésben használatos szerrel szemben nagyfokú rezisztenciát mutatott annak ellenére, hogy többségük gyógykezelés-mentes halakból származott. Az *Aeromonas* törzsek molekuláris tipizálását követően jellegzetes, főként enzimatiszajások kódoló virulencia faktorok jelenlétét vizsgálták. A leggyakrabban előforduló *A. veronii* törzseket virulencia gének és virulencia tesztben mutatott patogénitási képesség alapján osztályozták. Egyéb mezofil *Aeromonas* fajok zoonotikus potenciáljának felmérésére összehasonlító molekuláris vizsgálatokat végeztek hal és klinikai mintákból származó törzseken. Balatoni leső harcsa, angolna és garda halgazdákban cirkovírusokat mutattak ki. Az angolnából származó 6 pozitív mintából 3 esetben sikerült a teljes genomot meghatározni, mely megegyezett egy balatoni angolnából korábban már leírt cirkovírusal. További három mintából részleges eredmények állnak rendelkezésre, ezek közül egy jelentős mértékben különbözött a többi vizsgált cirkovírustól.

Megkezdtek patogén és apatogén nyálkaspórási fajok gazdaspecificitásának összehasonlító vizsgálatát. Céljuk annak felderítése, milyen tényezők felelősek a halak nyálkaspórási parazitákra való fogékonyságának és a paraziták gazdafajlagosságának meglétéért, ami fontos lépése a hatékony parazitaellenes biológiai védekezés kidolgozásának. Megkezdtek a halak betegségekkel szembeni immunológiai védekezésében kulcsfontosságú vér szerepének vizsgálatát. Fertőzési kísérletekkel vizsgálták a pisztrángfélék kergekórját okozó, erősen patogén *Myxobolus cerebralis* és a pontyfélék kórtani tünetekkel nem járó fertőzést okozó *Myxobolus pseudodispar* halon belüli fejlődését és a vér szerepét a két parazita fejlődésében. Cseh-magyar kooperáció keretében folytatták a pontyok úszóhólyag-gyulladását okozó *Sphaerospora dykoveae* és a pontyok kopoltyú-sphaerosporosis-át okozó *Sphaerospora molnari* nyálkaspórási fajok véralakjainak vizsgálatát. Magyarországi halgazdaságok pontyállományaiból vizsgálták a parazita előfordulási gyakoriságát és a klinikai tünetek súlyosságát. Izolálták a parazita véralakokat a parazita laboratóriumi fenntartása céljából, és megkezdtek a véralakok funkcionális genomikai vizsgálatát is. Vizsgálták a csillós egysejtű halparaziták, köztük a darakórt okozó *Ichthyophthirius multifiliis* fertőzőképességét és az ellenük való védekezés lehetőségeit. Az akvakultúra ágazatban súlyos gazdasági károkat okozó parazita ellen nincs hatékony védekezési módszer a hatásos, de egészségre ártalmas szerek étkezési halon való alkalmazásának betiltása óta. Ezért a vizsgálat célja különféle kezelőszerek hatékonyságának tesztelése és egy hatékony és legális kezelési eljárás kidolgozása a darakór ellen. Számos halgazdaságból és akvarisztikai üzletből gyűjtöttek parazita izolátumokat, és vizsgálták azok fertőzőképességét és genetikai diverzitását. Fertőzési kísérletekben hasonlították össze különféle halfajok darakórra való fogékonyságát. Vizsgálták a haltenyésztés során komoly problémát okozó parazitikus gombák elleni védekezés lehetőségeit. A főleg *Saprolegnia* fajok okozta halpenész vagy vízipenész a halszaporítás során a megtermékenyített ikrákon és a kikelt ivadékokon elszaporodva, az állomány tömeges pusztulását idézheti elő. Vizsgálatuk célja a kereskedelmi fogalomban

kapható szerek hatékonyságának kísérletes vizsgálata, és egy hatásos és költséghatékony keltetőházi fertőtlenítő eljárás kidolgozása.

II/b Párbeszéd a tudomány és a társadalom között

Az intézet kutatói gyakran kapnak a lakosság számára érdekesnek vagy éppen fenyegetőnek tartott kórokozókval kapcsolatos kérdéseket. Sokszor csupán a sajtóban vagy más médiumokban nem egyértelműen megfogalmazott állítások tisztázására van szükség. A kutatók mindig készségesen állnak rendelkezésre a megfelelő információk biztosításával, vagy ha a téma kompetenciájukon kívül esik, az illetékesekhez való irányítással. Diákok számára négy napos ismeretterjesztő tábort szerveztek az Aggteleki Nemzeti Park területén, ahol főként a denevérek vírusait mutatták be (beleértve az Ebola vírust is), valamint más állati vírusokat, a denevérek kutatását, halak betegségeit, molekuláris technikákat, természetvédelmet oktattak. Az előadásokat denevér-befogás és barlangtúra színesítette. Más alkalommal középiskolai biológiai szakkör számára tartottak ismeretterjesztő előadást vírusokról, génekről, molekuláris biológiáról. Az intézet két kutatója a jósvafői érdeklődő polgárok számára is tartott a Tengerszem Szalon ismeretterjesztő előadás sorozatban egy színes ismertetést a hungarikumnak számító adenovírus-kutatásról és egyéb fontos vírusokról. Az intézet fiatal kutatói három szakmai „rádiós” interjút is készítettek ismert adenovírus vektor szakértőkkel ismeretterjesztő céllal, melyek az interneten hallgathatók meg. A Magyar Országos Állatorvos Egyesület, mint civil szakmai szervezet egyik legaktívabb társasága a Baromfi-egészségügyi Társaság, melynek munkájában egy intézeti munkatárs is aktívan vesz részt, és amely a társadalom baromfityénységben érdekelt széles rétegeivel tart szakmai kapcsolatot. Az Intézet Halkórtani és Parazitológia témacsoportja által művelt ökológiai jellegű kutatások során elért eredmények, és ezek nyomán született közlemények közérdeklődésre tarthatnak számot, ugyanis a természetes vizekben, így legnagyobb vizünkben, a Balatonban előforduló halpusztulások, kagylópusztulások a lakosság számára is szembeötlőnek. A kutatók közül többen is részt vesznek diagnosztikai munkában, melynek során az állattartók hasznos ismereteket szerezhetnek az állományukat veszélyeztető betegségekről, illetve a megelőzés lehetőségeiről.

III. A kutatóhely hazai és nemzetközi kapcsolatai 2014-ben

Az állati adenovírusok referencia központjának számító *molekuláris és összehasonlító virológiai laboratórium* együttműködik amerikai, brazil, francia, holland, kanadai, német, orosz, osztrák, spanyol és svéd kutatókkal. FP7-es konzorciumi program keretében négy fiatal kutató féléves vagy hosszabb ösztöndíjjal skóciai, svéd és holland laboratóriumokba látogatott. A magyar laboratórium egy holland és két horvát fiatal kutatót fogadott három hónapos, illetve 2 és 3 éves tartózkodással. A *funkcionális virológiai csoport* közös kutatást folytatott a Svéd Nemzeti Állategészségügyi Intézettel (SVA), a Svéd Mezőgazdasági Egyetem Állatorvosi Karával (Uppsala) Nidovírus konstrukciók fejlesztésére, továbbá FIPV és PRRSV kutatásokban. A INRS-Institut Armand Frappier-el (Laval, Canada) parvovírusok molekuláris biológiáját tanulmányozták. A német ProBioGen AG-val, (Berlin, Németország) víziszárnyasok vírusainak tenyésztésére, kimutatására irányuló kutatások folytak, valamint vakcinafejlesztést végeztek. A Charité Medical School, Institute of Virology-val, (Berlin, Németország) adeno asszociált vírus metilációját kutatták. Az *enterális virológiával* foglalkozó kutatók 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. A *légzőszervi bakteriológiai csoport* a sertés légzőszervi komplex jobb megismerését célzó hosszú távú közös kutatásokat végez a Kaposvári Egyetemen. A *zoonotikus bakteriológia és mycoplasmatológia csoport* hivatalos tudományos megállapodást kötött tudományos együttműködésre a University of Veterinary Medicine and Pharmacy (Kassa, Szlovákia)-val és a Swedish Defence Research Agency (Umea, Svédország)-vel. A kutatócsoport egyik munkatársa 3 hónapot töltött el, mint vendégkutató, a University of Veterinary Medicine and Pharmacy (Kassa, Szlovákia)-n, valamint 1 hetet töltött el mint vendégkutató a Swedish Defence Research Agency-ben. Vállalati kutatás-fejlesztési kapcsolata van a kutatócsoportnak a Centre Européen d'Etudes pour la Santé Animale (Brüsszel, Belgium)-val és az Emirates Industry for Camel Milk & Products (Dubai, Egyesült Arab Emírátsok)-val. A *halkórtan és parazitológia csoport* több mint 10 éve működik együtt az University Malaysia Terengganu-val, melynek során 2014-ben egy maláj ösztöndíjas nyert PhD fokozatot intézetünkben. Egy ösztöndíjas kolléga öt hónapon át dolgozott a témacsoportban az indiai Ch. C. Singh University Zoológiai Tanszékéről (Meerut, Uttar Pradesh Állam). Az University Porto-val folytatódott az együttműködés (IDASS Myx: Infection dynamic of Aquacultured Seabass and Seabream by Myxozoa), melynek keretében egy portugál kutató 5 héten át vett részt a témacsoport munkájában. A kínai Wuhan Egyetem és Hidrobiológia Intézet munkatársaival folyamatos az együttműködésünk nyálkaspórák témakörben. A témacsoport egy kutatója 3 hónapos AQUAEXCEL-ösztöndíjat nyert az Institute of Aquaculture-be (Stirling, Skócia) halvirologiai témában. A témacsoport egy Horizon2020 pályázat keretében (ParaFishControl) 13 európai ország 30, halkórtannal foglalkozó intézményével adott be sikeres pályázatot. A *halparazitológia témacsoport* munkatársai együttműködnek a Ceske Budejovice-i Parazitológiai Intézet munkatársaival a pontyok úszóhólyag-gyulladását okozó Sphaerospora dykoveae parazita genetikai változékonyságának vizsgálatában. A sebes pisztrángok beltenyésztettségét és parazitás betegségekre való fogékonyságát vizsgálják a Lillafüredi Pisztrángtelep és az Aufsess-i pisztrángos gazdaság (Németország) munkatársainak bevonásával.

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. Állati adenovírusokon alapuló vírusvektor fejlesztések folynak a hollandiai Leidenben lévő Crucell/Johnson & Johnson, valamint a Batavia Bioservices biotechnológiai vállalkozásokkal együttműködésben.

Felsőoktatási kapcsolatok: 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, SE Orvosi Mikrobiológiai Intézet, SE Egészségtudományi Kar, Epidemiológiai Intézet). A Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Karán megszervezték a posztgraduális képzés keretében a Bakteriális Zoonózisok Magyarországon című tanfolyamot. Kilenc kutató vezetett összesen 23 doktorandust (SZIE, Pannon Egyetem, Kaposvári Egyetem). Két kutató tagja a SZIE ÁOTK Doktori és Habilitációs Tanácsának. Doktori iskolákban akkreditált törzstagok (4 fő) SZIE.

További jelentős együttműködő intézmények: SZIE Állatorvos-tudományi Kar; SZIE

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar; Debreceni Egyetem; NÉBIH ÁDI; Országos Epidemiológiai Központ; Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont; Semmelweis Egyetem; Budapesti Műszaki Egyetem; Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar; OEK Bakteriológia I, Szegedi Tudományegyetem Orvosi Biológiai Intézet; Szent László Kórház; Magyar Természettudományi Múzeum; ELTE TTK; Pannon Egyetem, Georgikon Kar; MTA ÖK Balatoni Limnológiai Intézet, Halászati és Öntözési Kutatóintézet (HAKI), és Magyar Akvakultúra Szövetség (MASZ), Szarvas, Aggteleki Nemzeti Park, Jósfa. *Ausztria*: Univ. Vet. Med., Bécs, *Brazília*: Univ. Sao Paulo; *Franciaország*: Univ. Toulouse; AFSSA, Ploufragan; *Csehország*: Inst. of Parasitology, Ceske Budejovice, Veterinary Research Institute, Brno; *Hollandia*: Univ. Leiden; *Kanada*: McGill University, Montreal; *Nagy-Britannia*: Univ. Nottingham; *Németország*: Univ. Hohenheim, Stuttgart; *Olaszország*: Univ. Ferrara; *Spanyolország*: Centro Nacional de Biotecnología; *Svájc*: Univ. Zürich; *USA*: USDA Beltsville Agricultural Research Center, MD; Oregon State University; Univ. South Dakota.

Bizottsági / szervezeti munka

Szerkesztőbizottságok: Acta Veterinaria Hungarica (főszerkesztő, 2 szerkesztő-bizottsági tag), Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica, Diseases of Aquatic Organisms, Infection, Genetics and Evolution, Halászat, International Journal of Molecular Epidemiology and Genetics, Iranian Journal of Fisheries, Magyar Állatorvosok Lapja, Medicine, Slovenian Veterinary Research, The Scientific World Journal, Veterinary Medicine (Csehország), Veterinary Microbiology, World Journal of Virology, Virology Discovery.

Hazai bizottságok: Magyar Mikrobiológiai Társaság (2 vezetőségi tag); MTA bizottságok: Állatorvos-tudományi Bizottság (titkár és 4 tag), Zoonózis albizottság (elnök), Állatkísérleti Tudományos Bizottság (tag), Mikrobiológiai Bizottság, Környezettudományi Elnöki Bizottság (KÖTEB), Élelmiszerbiztonsági Albizottsága, Bioinformatikai Állandó Osztályközi Bizottság (alelnök); Magyar Bioinformatikai Társaság (elnökhelyettes), MOÁE Baromfi-egészségügyi Társaság (elnökségi tag), Magyar Parazitológusok Társasága (2 elnökségi tag, főtítkár), Magyar Országos Állatorvos Egyesület (elnökségi tag), Országos Állatvédelmi és Állatjóléti Tanács (tag), Magyar Felsőoktatási Akkreditációs Bizottság Agrártudományi Bizottsága (tag); Földművelésügyi Minisztérium, Géntechnológiai Eljárásokat Véleményező Bizottság (tag).

Nemzetközi bizottságok: Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV, az Állati DNS Vírusok és Retrovírusok Albizottság elnöke, az Adenoviridae Munkacsoport elnöke, valamint nemzeti képviselő), Rotavírus Klasszifikációs Munkacsoport (RCWG, tag), Európai Rotavírusfigyelő Hálózat (EuroRotaNet, tag), GenBank Referencia Szekvenciák Részlege (társ-szaktanácsadó), EASAC Antimikrobiális Rezisztencia és Zoonózis Munkacsoport, ERA-NET InfectERA (humán kórokozó mikroorganizmusok európai genomkutatásának koordinálása), a Program Network Irányító Tanács tagja és MedVetNet-Association (igazgató tanácsi tag), European Association of Fish Pathologists, (magyar tagozatképviselője)

IV. A 2014-ben elnyert fontosabb hazai és nemzetközi pályázatok rövid bemutatása

Egy új OTKA pályázatot nyertek, 13 MFt összértékben. HORIZON 2020, Call identifier: H2020-SFS-2014-2, Work programme topics: SFS-10-2014/2015. Grant Agreement number:

634429 — ParaFishControl — H2020-SFS-2014-2015. (2015-2020, 220.000 EUR összérték). Az MTA INFRA-2014 pályázaton elnyerték nagy kapacitású újgenerációs DNS szekvenáló berendezés, amely a ma ismert legmodernebb technikai hátteret biztosítja majd a genomika és annak társtudományai területén a hazai agrárkutatásokban (71,8 M HUF).

V. A 2014-ben megjelent jelentősebb tudományos publikációk

- 1) Bálint Á, Farsang A, Zádori Z, Belák S. (2014): Comparative *in vivo* analysis of recombinant type II feline coronaviruses with truncated and completed ORF3 region. PLoS ONE 9(2): e88758. WoS: 000331714700029
<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0088758>
- 2) Bányai K, Potgieter C, Gellért Á, Ganesh B, Tempesta M, Lorusso E, Buonavoglia C, Martella V. (2014): Genome sequencing identifies genetic and antigenic divergence of porcine picobirnaviruses. Journal of General Virology, 95(10): 2233-2239. WoS: 000344911900014, <http://real.mtak.hu/15423>
- 3) Holzer AS, Hartigan A, Patra S, Pecková H, Eszterbauer E. (2014): Molecular fingerprinting of the myxozoan community in common carp suffering Swim Bladder Inflammation (SBI) identifies multiple etiological agents. Parasites & Vectors, 7:398. WoS: 000338177700016, <http://www.parasitesandvectors.com/content/7/1/398>
- 4) Khayer B, Magyar T, Wehmann E. (2014): Flagellin typing of *Bordetella bronchiseptica* strains originating from different host species. Veterinary Microbiology, 173:270–278. WoS: 000344202900010, <http://real.mtak.hu/13984>
- 5) Kreizinger Zs, Foster JT, Rónai Zs, Sulyok KM, Wehmann E, Jánosi Sz, Gyuranecz M. (2014): Genetic relatedness of *Brucella suis* biovar 2 isolates from hares, wild boars and domestic pigs. Veterinary Microbiology, 172: 492-498. WoS: 000340692900019, <http://real.mtak.hu/13360>
- 6) Pénzes J, Menéndez-Conejero R, Condezo G, Ball I, Papp T, Doszpoly A, Paradelá A, Pérez-Berná A, López-Sanz M, Nguyen T, van Raaij M, Marschang R, Harrach B, Benkő M, San Martín C (2014) Molecular characterization of a lizard adenovirus reveals the first atadenovirus with two fiber genes, and the first adenovirus with either one short or three long fibers per penton. Journal of Virology 88:11304-11314. WoS: 000341872700027, <http://jvi.asm.org/content/early/2014/07/17/JVI.00306-14.long>
- 7) Székely Cs, Borkhanuddin MH, Cech G, Kelemen O, Molnár K. (2014): Life cycles of three *Myxobolus* spp. from cyprinid fishes of Lake Balaton, Hungary involve triactinomyxon-type actinospores. Parasitology Research, 113: 2817-2825. WoS: 000339965300006, <http://real.mtak.hu/17040>
- 8) Videnska P, Rahman MM, Faldynova M, Babak V, Matulova ME, Prukner-Radovic E, Krizek I, Smole-Mozina S, Kovac J, Szmolka A, Nagy B, Sedlar K, Cejkova D, Rychlik I. (2014): Characterization of egg laying hen and broiler fecal microbiota in poultry farms in Croatia, Czech Republic, Hungary and Slovenia. PLoS ONE 9: e110076. WoS: 000343210800053,
<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0110076>