

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 2005. évi tudományos tevékenységről

A Kutatóintézet fő feladatai a beszámolási évben

Virologiai kutatások

Adenovírusok összehasonlító genetikai vizsgálata

Számos gyakorlati mintán tesztelték a korábban kidolgozott, meglehetősen érzékeny, kettős (nested) PCR módszert, ami használható az összes adenovírus kimutatására, így alkalmas minden adenovírus nemzetség (pl. emlősök vagy baromfi kórokozóinak) detektálására. Hazai izolálású liba- és pulyka-adenovírus genom DNS-szekvenálását végezték. Egy angliai ragadozó madár elhullásból származó adenovírust PCR és szekvenálás segítségével vizsgáltak. Ez az új vírus, amelynek izolálása mindeddig nem járt sikerrel, azért tart számot megkülönböztetett figyelemre, mert a csoport kutatóinak javaslatára nemrégiben kialakított egyik új nemzetség, a *Siadenovirus* tagjának bizonyult, és ez a vírus genus eddig mindössze két tagot számlált. A főemlősök adenovírusainak genom-analízis alapján felderíthető rokonsági (genetikai és filogenetikai) kapcsolatait vizsgálták, és ebből következtek az emberben napjainkban előforduló hat adenovírus faj többségének majom-eredetére illetve feltételezhető evolúciós útjára. (A szintén majmoktól származó rettegött HIV-1 és HIV-2 vírusok, továbbá a SARS felbukkanása óta különös érdeklődés övezi az állatokról emberre átváltó, és ott általában sokkal erősebben kórokozó vírusokat.) Eredményeiről előadásokat tartottak a XIII. Nemzetközi Virologiai Kongresszuson (San Francisco, 2005. július 23-28), valamint a Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV) 2005 júliusában megjelent Nyolcadik jelentésében is a csoport kutatói írták az *Adenoviridae* fejezetet. A csoport egyik tagjának lejárt az ICTV Adenoviridae Munkacsoportjának vezetésére (legfeljebb hat évre) szóló megbízatása a második ciklus befejeztével. A következő 3 évre a témacsoport másik tagját nevezték ki új vezetőnek, ezzel is megerősítve a rendszeren megújításában végzett eddigi munkájuk elismerését. A vezető kutatók eredményeikért megosztott Akadémiai Díjat kaptak. Hat fő munkája, ebből 5 intézeti dolgozó; kb. 6 MFt ráfordítás (mind pályázati támogatás: OTKA, FVM, MEH). A kutatási eredmények alapján (a különböző adenovírusokra jellemző megismert □molekuláris markerek□, azaz DNS-szekvencia szakaszok alapján) pl. az Országos Állategészségügyi Intézet képes típus szinten azonosítani a megbetegedésekben feltehetően szerepet játszó adenovírusokat.

Embrió elhalás vizsgálata szarvasmarhákban

78 tejelő tehén ellés utáni 150 napon át tartó, PCR módszerrel végzett, vizsgálatával meghatározták az 1-es és 4-es szerotípusú szarvasmarha-herpeszvírusok (BoHV-1 és 4) jelenlétét a fehérvérsejtekben, és a vírusok aktiválódását mutatták ki. Ezen adatokat összevetették a vemhesség meglétével, illetve az embrió felszívódásával. BoHV-1 esetében aktiválódást nem tudtak kimutatni, BoHV-4 esetén azonban igen. A szaporodási zavarokat mutató tehenekben (üres, embrióvesztés) jelentősen magasabb vírusszinteket találtak, mint az egészségesen szaporodókban. Valószínűleg nem közvetlenül a vírus okozza a szaporodási zavarokat, de a kórok által kiváltott stressznek pontos

jele, így a BoHV-4 aktiválódás akár diagnosztikai eszköznek is tekinthető a szaporodási zavarok előrejelzésére. (Két intézeti dolgozó, kb. 3 MFT pályázati /NKFP/ támogatással.)

Marek-betegség vírus (MBV) onkogének vizsgálata

Egy a közelmúltban izolált, fokozott virulenciájú (vv+) Marek-vírus *meq* onkogénjének szekvencia elemzése alapján megállapították, hogy a hazai izolátum *meq* génjén olyan pontmutációk vannak, amelyek alapján ez a vírus az európai vv+MBV izolátumok csoportjába sorolható és megkülönböztethető az USA-ban izolált vv+MBV törzsektől. A vírus fokozott virulenciáját 2005-ben állatoltási kísérlettel igazolták. A csoport által a korábbi évtizedekben izolált három MBV izolátum *meq* génjét kódoló szakaszt TOPO TA pCR2.1 plazmidba klónozták. Összehasonlító szekvencia elemzése folyamatban van a Delawari Egyetemen. A *meq* gén szekvencia elemzése lehetővé teszi az MBV virulencia változásának vizsgálatát és hatékonyabb védekezési módszer kidolgozását. A svájci Institut für Viruskrankheiten und Immunoprophylaxe rendelkezésére bocsátott hazai MBV izolátumok felhasználásával PCR módszert fejlesztettek ki a baromfivakcinák MBV-vel való fertőzöttségének az ellenőrzésére. A kutatás jelentősen hozzájárult egy svájci Ph.D. dolgozat elkészítéséhez (Kristina Lang: Detection of Marek's disease virus contamination in poultry vaccines using PCR. Institut für Viruskrankheiten und Immunoprophylaxe, 2005). A kutatást 2 intézeti munkatárs végezte svájci kutatókkal közösen; kb. 3 MFT-ből (ipari együttműködés).

Bakteriológiai és mycoplasmatológiai kutatások

***Mycoplasma gallisepticum* törzsek molekuláris biológiai összehasonlítása**

A *M. gallisepticum* fertőzöttség járványtani vizsgálata egyre nehezebbé vált. Ennek egyik oka a különböző variáns törzsek megjelenése, amelyeket nehezebben lehet tenyészteni, és amelyeknek az antigén szerkezete is megváltozott. Másrészt tért hódít a különféle csökkentett virulenciájú élő vakcinák alkalmazása, amely szükségessé teszi ezek elkülönítését a vad törzsektől. Ezért elkezdtek különböző eredetű és virulenciájú *M. gallisepticum* törzsek nukleinsav szerkezetének összehasonlítását. Az elmúlt év során 13 különböző biológiai tulajdonságú törzs DNS-ét vizsgálták. A törzsek teljes genomját RAPD módszerrel hasonlították össze. Ezen túlmenően öt citadhezint, egy hemagglutinint és egy lipoproteint kódoló gén 2-6 különböző szakaszát tanulmányozták PCR-rel, részben irodalomban közölt primerek, részben saját tervezésű primerek segítségével. A kapott amplikonokat 2-3 különböző restrikciós enzimmel hasították és RFLP-ben vizsgálták. Az eredmények nemzetközi szinten is figyelemre méltóak, mivel ezek alapján közel száz paraméter segítségével biztonságosan el lehet különíteni az egyes *M. gallisepticum* törzseket. Külön kiemelendő az F és TS-11 vakcina törzsek és a *M. gallisepticum*-hoz közelálló *M. imitans* elkülönítése, ami gyakorlati körülmények között nagyon fontos.

***M. hyopneumoniae* elleni vakcinázás immunológiai vizsgálata**

Az enzoóciás pneumónia elleni védekezés egyik lehetősége a *M. hyopneumoniae* elleni vakcinázás. A gyakorlati kérdés azonban az, hogy mikor ajánlatos a vakcina alkalmazása. Nyilvánvaló akkor, mielőtt a malacok megfertőződnenek. Korábbi adataink szerint a fertőződés már 2-3 hetes korban bekövetkezik. Tehát egyik ajánlás szerint a vakcinázás 1 és 3 hetes korban javasolt. Felvetődik azonban, hogy ilyenkor az anyai eredetű ellenanyagok befolyásolják-e az immunitást. Felméréseink szerint a hazai sertésállományokban egyhetes korban a malacok kb. 20%-ában található anyai ellenanyag. Így a legtöbb esetben, a gyakorlatban a maternális ellenanyagok nem zavarják az immunitás kialakulását. Ha azonban a kocákat immunizálják, bennük és értelemszerűen az egyhetes

malacokban ellenanyagok jelennek meg, emiatt ebben az esetben az 1-3 hetes korban való immunizálás nem javasolt, ugyanis az eredmények szerények lesznek. Ehelyett a 3-5 hetes korban való immunizálás lényegesen jobban csökkenti a tüdőben jelentkező elváltozásokat, és hatékonyabban növeli a testtömeg-gyarapodást.

Az eredményeket a Mycoplasma témacsoport 5 intézeti fővel érte el, kb. 15 MFt-ból.

A sertések torzító orrgyulladása

Számítógépes tomográfia (CT) alkalmazásával a vakcinás védelem és a kórfolyamat alakulása közötti összefüggéseket tanulmányozták. Különböző összetételű vakcinákkal immunizált kocák utódaiban nyomon követték az orrüregben kialakuló elváltozásokat. A különféle védőhatásúnak tekintett antigének közül a *Pasteurella multocida* toxin (PMT) tűnik a legfontosabbnak a betegség megelőzése, illetve a kórfolyamat kedvező alakulásának szempontjából. A PMT alapú vakcinázás bizonyult a leghatékonyabbnak az orrüreg struktúrájának regenerációs folyamatainak elősegítésében. A kutatásokat 5 fő (4 az intézetből) végezte, 3 MFt (pályázati) ráfordítással.

Pasteurella kutatások

Kutatásaik során részletes, összehasonlító vizsgálatnak vetettek alá 131 *P. multocida* izolátumot, amelyek közül 21 sertésből, 31 nyúlból, 22 kacsából, 37 libából és 21 egyéb madaraktól (tyúk, fácán, pulyka) származott. Ezen kívül további mintegy 300 *P. multocida* törzset azonosítottak az alapvető biokémiai vizsgálatok elvégzésével és PCR technikák segítségével. A hagyományos biokémiai fermentációs teszt mellett kipróbálták a BSS (buffered single substrate) tesztet, amely a *Riemerella anatipestifer* esetén a kétes eredményt adó szénhidrát bontások előfordulásakor is a törzsek jelentős részében (akár 90%-ában) egyértelművé teszi az adott szénhidrát bontását. A burok típusok enzimátikus meghatározása mellett beállítottak és mindennapi használatra alkalmassá tettek egy burok specifikus PCR eljárást, illetve egy, a *P. multocida* faj meghatározására alkalmas PCR-t. Jelentős számú (200) törzs esetében elvégezték az ERIC (enterobacterial repetitive intergenic consensus) PCR-t, a törzsek mélyebb szerkezetének összehasonlítása céljából.

A fermentációs sajátosságok vizsgálata során a törzsek 10-15%-a nem felelt meg tökéletesen a *P. multocida*-ra leírt jellemzőknek. A részletes vizsgálatnak alávetett 131 *P. multocida* törzs közül 17 db kétes vagy negatív indol-reakciót adott, melyekből 12 db nyúl-törzs volt. A nitrát reakcióban 9 db volt kétes vagy negatív, és ezek közül 5 db F buroktípusúnak bizonyult. A laktózbontási reakcióban nagyobb számú, mintegy 31 db törzs adott kétes vagy pozitív eredményt és közülük 13 db sertés, 7 db pedig nyúl-eredetű izolátum volt. A glükózbontási tesztben találtak egy nyúl-törzset, amely negatív glükózbontási eredményt adott, annak ellenére, hogy mind a *P. multocida* specifikus PCR-ben, mind a buroktípus meghatározására használt PCR-ben *P. multocida*-nak bizonyult. Ez a törzs feltétlenül további vizsgálatokat igényel, hisz a glükózbontás a faj leírásában egyértelmű kritériumként szerepel.

P. multocida buroktípusának meghatározása során hagyományos enzimátikus módszerrel csak a törzsek 40%-át tudták azonosítani, mivel a burokat vesztett törzseken ez az eljárás nem alkalmazható. Ezzel szemben a PCR eljárással a törzsek 97%-a egyértelmű eredményt adott. Döntően A buroktípus jellemzi a magyarországi izolátumokat, de a sertés-törzsek fele D, a nyúl-törzsek 1/3-a pedig F típusúnak bizonyult. B és E buroktípusú törzset nem találtak. Területi elkülönülés nem volt megfigyelhető, a ritkábban előforduló törzsek földrajzilag távoli helyekről is kimutathatók voltak. 19 baromfibtól és nyúlbtól származó törzs esetén nem tudták meghatározni a buroktípust. Ez felveti újabb buroktípusok megjelenésének a lehetőségét.

A DNS-alapú rokonsági (ERIC-PCR) vizsgálatok során az első eredmények alapján úgy tűnik, hogy bizonyos buroktípusok egyértelműen felismerhetők a PCR kép alapján.

A kutatásokat 4 fő (3 az intézetből) végezte, 3 MFT (pályázati) ráfordítással.

Salmonella kutatások

Legfőbb cél egy megfelelő genetikai-, és fenotípusos markerrel rendelkező, *S. Enteritidis* (tojást termelő és tenyészállatok védelmét szolgáló) vakcina-jelölt törzs előállítás és jellemzése. Ennek keretében a *S. Typhimurium FjA*-t tartalmazó represszor fehérjével fuzionált IS30 transzpozázból álló irányított mutagenézis rendszer alkalmazásával (MBK együttműködés) két *S. Enteritidis* törzsből non-motilis (H-) mutánsokat állítottak elő. A tárgyévben az így előállított, flagellint nem termelő (megfelelő markerrel ellátott) mutánsok virulenciájának csökkentését (*Salmonella* virulencia plazmid eliminációját) szolgáló munka sikeréről számolhatnak be. Ehhez egy új, kétlépéses, transzpozon alapú eliminációs rendszert dolgoztak ki. Előbb egy replikáció deficiens plazmid segítségével egymáshoz kapcsolódó IS30 végeket és *Km^r* gént vittek a megcélzott plazmid replikonba, majd egy másik plazmidon bevitt IS30 transzpozázzal a reaktív kapcsolt IS30 végeket aktiválva a teljes plazmid eliminációjához vezető deléciókat indukáltak. Az itt kidolgozott rendszer egyéb kórokozó baktériumok (enterotoxikus *E. coli*) nagy (90 kb) plazmidjának eliminációjára is alkalmasnak bizonyult. Az előállított mutánsok napos csibe modellben kellően csökkent virulenciájúak voltak, s a vakcina előállítás további lépéseire rendelkezésre állnak.

A fentiek mellett, a húscsirke állományok *Salmonella* fertőzöttségének gyors felmérésére, s ennek függvényében a megfelelő feldolgozó döntések meghozatalára, valamint ezen élelmiszerlánc folyamatos és hatékonyabb ellenőrzésére, diagnosztikai PCR és real-time PCR rendszert dolgoztak ki és bocsátanak az ellenőrző laboratóriumok rendelkezésére.

Ráfordítás kb. 4 MFT; 2 fő MTA, 1 fő EU-szerződés.

Pathogen *Escherichia coli*

A sertés- és nyúl enteropathogen *E. coli* (EPEC) törzsek *in vitro* adhéziós rendszere mellett kidolgozták az *in vivo* adhéziós rendszert is, és elvégezték a sertés- és nyúl EPEC törzsek *in vivo* és *in vitro* adhéziójának összehasonlítását. Ennek eredményei röviden úgy összegezhetők, hogy a két rendszer □ néhány kivételtől eltekintve □ jó összhangban van, s így a további molekuláris patogenetikai kutatásokra megfelelő modellek állnak rendelkezésre. A nyúl EPEC törzsek közül máris több olyan törzsre (O153, O157) mutattak rá, melyek adhéziós virulencia tulajdonságai mindkét rendszerben jelentősek és specifikusak (AE lézió). Ugyanakkor, úgy tűnik, hogy ezek eddig nem ismert, új fimbriális adhezinek hordozhatnak. (Ráfordítás kb. 2,5 MFT, 3 fő /intézeti/.)

Antibiotikum rezisztencia

Az antibiotikum rezisztencia terjedésének kulcs elemét képező horizontális génátviteli lehetőségek egyes példáit az antibiotikum terhelésnek leginkább kitett két állatfajból (baromfiból és sertésből) származó *E. coli* és *Salmonella* törzseken vizsgálták. A baromfi eredetű intestinális (kommenzalista) és extraintestinalis (kórokozó) *E. coli* törzseket a Tn21 transzpozonok, ill. az ún. 1-es típusú integronok szempontjából □ OEK együttműködésben □ vizsgálva megállapították, hogy a nagyüzemi körülmények

között a pulyka és csirke eredetű \square ártalmatlan \square béllakó, kommenzalista *E. coli* törzsek sok tekintetben hasonló antibiotikum rezisztencia génnel és génátviteli mechanizmussal rendelkeznek, mint a kórokozóvá vált vonalak (pathogen klónok). Adataik azt jelzik, hogy a béllakó *E. coli* törzsek a multirezisztens extraintestinalis kórokozók genetikai rezervoárjai, melyekből virulencia és antibiotikum rezisztencia gének (pl. integronokkal) más baktériumokba együtt is átjuthatnak.

A tetraciklin rezisztencia széles körű elterjedésének genetikai hátterét (*tet* gének ill. transzpozonok) e két állatfaj kórokozó *E. coli* (közép-európai és USA eredetű), valamint hazai *Salmonella* törzseiben külön is vizsgálták, s megállapították, hogy e gének bizonyos földrajzi megoszlást mutatnak: a *tetB* az USA eredetű *E. coli* törzseket, míg a *tetA* a hazai és közép-európai régióból származókat (pathotípustól függetlenül) jellemezte, a hazai, baromfi eredetű *S. Hadar* törzsekkel egyetemben. Ugyankor a multirezisztens *S. Typhimurium* törzsek *tetG*-vel rendelkeztek, mely az ún. SGI-1 pathogenitási sziget jelenlétével volt magyarázható. (Ráfordítás kb. 2 MFt, 2 fő /intézeti/.)

Halkórtani és ökológiai vizsgálatok

Kórszövettani és molekuláris biológiai vizsgálatokat végeztek több, nyálkaspórások okozta halbetegséget illetően. Dunai domolykókról 8, különféle szerveket fertőző, nyálkaspórást különítettek el, és közülük egy új fajt írtak le. Ugyancsak a téma keretében készült el a halakban élő, világon eddig ismert *Myxobolus*-fajokról készült synopsis. A témában 4 fő dolgozott, s azt OTKA pályázat keretéből finanszírozták (1,7 MFt).

A Balatonban, ill. vízrendszerében végzett vizsgálataik során folytatták a fejlődését tekintve érdekesebb és molekuláris biológiai szempontból fontos élősködő fajok tanulmányozását. Foglalkoztak a balatoni halak vérmételykórját okozó *Sanguinicola* mótelyek halak szemében való előfordulásával. A témán 3 fő dolgozott, OTKA pályázat keretében (700 eFt).

Ugyanezen témában felmérő vizsgálatokat kezdeményeztek a Balatonon a legfontosabb halélősködők, különösen az újonnan elszaporodott halfajok parazitás fertőzöttségének kimutatására. Új *Myxobolus* és *Goussia*-fajokat találtak. A munkát 2 fő végzi FVM támogatással (1,4 MFt).

Magánkezdeményű külföldi kooperációban elvégezték a *Henneguya* fajok DNS-szintű összehasonlító azonosítását. Új actinospóra típust írtak le Hungactinomyxon néven. A munkát 3 fő végezte OTKA támogatással (600 eFt).

Tanulmányozták az utóbbi években a Dunában megjelent 3 géb-faj parazitás fertőzöttségét, és 10 élősködő fajt, köztük egy új kokciidium-fajt írtak le azokból. A témák kidolgozása FVM támogatással történt (600 eFt, 2 fő).

Bár az angolna fonálférgesség EU-project keretében végzett vizsgálata befejeződött, a kapott adatok összegzése és az eredmények könyv formájában való megjelentetésének előkészülete folytatódott. Egy utólag elvégzett röntgen-diagnosztikai vizsgálatot a projekt anyagilag is támogatott. A témát 6 fő (5 intézeti) dolgozta ki (800 eFt).

A Malajziában és Szíriában gyűjtött élősködők szövettani és molekuláris vizsgálatra kerültek, az eredményekből készült 3 közlemény megjelenés alatt. (TÉT támogatás.)

Hazai és nemzetközi kapcsolatok

Felsőoktatási kapcsolatok

Az Intézetben 13 **szakdolgozó** végzett kutatásokat a Szent István Egyetem **Állatorvos-tudományi Karáról** és az **ELTE** TTK-ról, köztük egy hazánkban tanuló norvég és egy svájci állatorvostan-hallgató. A diákok közül 5 sikerrel meg is védte diploma dolgozatát. Egy TDK diák országos TDK kongresszuson nyert II. helyezést. Az Intézet két kutatója zsűri elnök, egy további pedig zsűritag volt az országos TDK kongresszus biológiai és agrár szekcióiban.

Az Intézet kutatói egyetemi előadásokat tartottak, és 9 kutató 21 doktoranduszt vezetett a SZIE Állatorvos-tud. Kara, az ELTE és a Kaposvári Egyetem **doktori iskolájában**. Számos esetben vettek rész doktori cselekmények bírálatában. Az intézeti akadémikusok tagjai a SZIE Doktori és Habilitációs Bizottságának és a SZIE Állatorvos-tudományi Kar Doktori és Habilitációs Tanácsának.

A George Mason University (USA) számára professzori kinevezéshez nyújtottak véleményt. Továbbképzés a fejlődő világ számára: workshop-vezetés (5th International Symposium on Surgeon, Workshop on diseases and parasites in sturgeon species, Ramsar, Irán).

TÉT együttműködés keretében a **Würzburgi** Egyetemmel közösen tanulmányozták az *E. coli* toxicitásáért felelős géneket, az élelmiszerbiztonság növelése és a coli okozta megbetegedések megelőzése érdekében. Együttműködjük a **Magyar tudomány Ünnepe** rendezvénysorozat keretében nagy sikerű előadást tartott az MTA Székházban **Pathogenomika és élelmiszerbiztonság** címmel (az MTA Agrártudományok Osztálya, az Orvostudományi Osztály és a Biológiai Osztály közös rendezvénye).

A szíriai TÉT kapcsolatban az **Al-Baath** University, Hama kutatóival közös munkát végeztek szíriai halak kopoltyúférgességére és protozoon fertőzöttségeire vonatkozóan. Ez a munka 2005 márciusában befejeződött, de külső magyar együttműködő bevonásával egy éves hosszabbításra került sor.

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.

Külföldi intézmények: **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:** Osaka Univ., Medical School; 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; **Szíria:** Al-Baath University, Faculty of Veterinary Medicine, Hama; **Spanyolország:** SYVA Laboratories; **Svájc:** Institut für Viruskrankheiten und Immunoprophylaxe; **USA:** Avian Diseases and Oncology Laboratory, East

Lansing, MI; Avian Molecular Virology, Dept. of Animal and Food Science, Univ. Delaware; Pfizer Global; Animal Parasitic Diseases Laboratory, Henry A. Wallace Beltsville Agricultural Research Center, Beltsville, MD.

Az Acta Veterinaria Hungarica főszerkesztője, szerkesztő-asszisztense és két szerkesztő-bizottsági tagja intézeti kutató volt 2005-ben, 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 vezetőségi tagja intézeti kutató volt. Fontos szerepet töltek be az MTA különböző **bizottságaiban**: Doktori Tanács, Akadémiai Kutatóhelyek Tanácsa, Élettudományi Kuratórium, Állatorvos-tudományi Bizottság (alelnök, Oltóanyag és Diagnosztikum, valamint Salmonella albizottság elnökök), Mezőgazdasági Biotechnológiai Bizottság, Állatkísérleti Tudományos Bizottság, Bólyai 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 Agrár 2 szakzsűri; Magyar Országos Állatorvos Egyesület Baromfi-egészségügyi Társaság.

Nemzetközi bizottságokban/szervezetekben végzett munka: Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV, Magyarország képviselője), ICTV Adenoviridae Munkacsoport (elnök); World Veterinary Poultry Association (tisztelt elnök); GenBank Referencia Szekvenciák Részleg (társ-szaktanácsadó), 4th International Workshop on the Molecular Pathogenesis of Marek's Disease Virus, University of Delaware (szervezőbizottsági tag), European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) madárinfluenza elleni védekezési munkacsoportja, ERA-NET PathoGenoMics (a humán kórokozó mikroorganizmusok európai genomkutatásának koordinálása, segítése), valamint egyéb EU munkacsoportokban vezetőségi és tagsági megbízások.

Média kapcsolatok

Ebben az évben az Intézet vezető virológusai sok felkérést kaptak, hogy nyilatkozzanak a különböző TV és rádió (hagyományos és internetes) műsoroknak és a sajtónak az egyre közelebbi H5N1 okozta **madár-influenza** kapcsán. A feladatnak igyekeztek mindig higgadtan és magas szakmai színvonalon eleget tenni, mind a pánik, mind pedig a felelőtlen nemtörődömség elkerülését elősegítve. Részben a nyilatkozataik, ismeretterjesztő írásaik, internetes oldalak szerkesztésében végzett közreműködésük hatásaként fogható fel, hogy a sajtó kezdeti, szakmai hibákkal zsúfolt megnyilatkozásai mára kellő szakmai színvonalra emelkedtek.

Ismeretterjesztő TV-film készült az Intézet egyik vezető kutatójáról, intézeti kutatói pályájáról és az általa művelt halparazitológiáról. A két részes filmet többször is sugározták.

Fontosabb elnyert hazai és nemzetközi pályázatok

Az Intézet kutatói 2005-ben EU-6, OTKA, GAK, MEH és FVM pályázatokat nyertek. Ezek a korábban elnyert pályázatokkal hatékony kutatásokat biztosítottak, nagyban segítették a vállalt felsőoktatási kötelezettségek kivitelezését, a hazai és külföldi partnereinkkel való együttműködéseket 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 tudás-átadásra (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 önállósulásához.