

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

Az 2008. év fontosabb kutatási eredményei

I. A kutatóhely fő feladatai a beszámolási évben

Az Intézet a hazai állatorvos-tudomány egyetlen 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 élősködők és coccidiumok fejlődésének, kórtanának és változatosságának kísérletes és molekuláris vizsgálata.

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

Virológiai kutatások

Új adenovírusok azonosítása és molekuláris jellemzése

Állomány-megbetegedések során elhullott tyúkokból, libákból, galambokból, valamint nagyszámú vadmadárból, hüllőkből és majmokból mutattak ki eddig ismeretlen adenovírusokat (AdV) PCR és DNS szekvenálás alkalmazásával. A szekvenciákkal filogenetikai számításokat végezve megállapították az új AdV-ok valószínű rendszertani helyét. Vadmadarakban számos új siadenovírust is találtak, így szignifikánsan növekedett az eddig alul-reprezentált *Siadenovirus* genus tagjainak száma. Megjelent egy kígyó-adenovírus teljes genomját leíró közleményük, valamint további hüllő AdV-ok jellemzésével is bizonyították, hogy az atadenovírusok a hüllőkkel együtt fejlődött AdV leszármazási vonalat képviselik. Vizsgálatuk alapján valószínűnek látszik, hogy minden madárfajnak van saját, végig vele fejlődött aviadenovirusa. Gyors ütemben folyt a 2-es szerotípusú egér-adenovírus genomszekvenálása, amely kitűnő modell lehet egyes emberi betegségek génpótlással való gyógyításának vizsgálatára. Egyre gazdagodó adatbázisuk alapján gyorsan azonosíthatók az új AdV-ok. E vírusok általában jól mutatják a gazda és vírusának közös fejlődését, pl. az ősbibb (újvilági) majmok adenovirusai ősbibb ágakon helyezkednek az adenovírusok evolúciós fáján, mint az óvilági adenovírusok vagy különösen az emberszabásúak (gorilla, orángután) általuk talált AdV-ai. (Az emberszabású majmok AdV-ainak megismerése iránt azok esetleges humángyógyászati, génkifejező eszközként való felhasználása miatt van egyre fokozódó igény, amit német, amerikai és olasz kapcsolatok jeleznek.) Folytatták a fehér tokból izolált AdV elemzését, és ebben sajátos, minden korábbtól eltérő genom-szerveződést tártak fel. E vírus számára új nemzetség felállítását javasolták a Nemzetközi Vírustaxonomiai Bizottságnál. Részt vettek a Németországban izolált és USA-ban szekvenált, járványos kötőhártya-gyulladást okozó, többszörös rekombinánsnak bizonyult (53-as típusnak elnevezett) humán AdV genomjának

bioinformatikai elemzésében. Eközben számos további rekombináns létét is feltárták. (7 intézeti kutató, 8 Mft, OTKA, NKTH-OTKA)

Herpeszvírusok

Tokhal-herpeszvírus genomjából már kb. 65.000 bázispárnyi egybefüggő DNS szakasz nukleotid sorrendjét határozták meg (39 teljes gén, illetve ORF). E szakasz két végén, valamint további véletlenszerűen előállított klónokban 7 gén, illetve ORF részleges szekvenciáját azonosították. Az eddig vizsgált ORF-ek, két kivételtől eltekintve, méretükben, irányultságukban, valamint lokalizációjukat tekintve megegyeznek vagy hasonlóak a foltos csatomaharcsa herpeszvírusának (IcHV-1) megfelelő ORF-jeivel. A vírusok nagyfokú hasonlósága a gazdafajok távolsága miatt meglepő, különösen, ha tekintetbe vesszük, hogy a két ismert béka-herpeszvírus genomja sokkal nagyobb eltérést mutat egymástól. Fekete törpeharcsa Olaszországban izolált HV-ából összesen kb. 10.000 bp szekvenciát határoztak meg. A filogenetikai számítások alapján a fekete törpeharcsa HV a legközelebbi rokona az IcHV-1-nek. Szibériai tokból izolált HV-ok genomjából 3 rövid DNS szakaszt sikerült felerősíteni. Úgy tűnik, hogy ez a vírus nagyon közeli rokonságban áll az észak-amerikai tok-HV izolátummal.

A hal-HV-okra vonatkozóan új taxonómiai javaslatot tettek, hogy a főemlősök HV-ainál most végrehajtott faj-átnevezéseket megelőzzék. Ezért nem a gazdahal család (Ictaluridae), hanem a nemzetség (Ameiurus) alapján javasolják elnevezni az általuk most tanulmányozott új vírust Ameurine herpesvirus 1-nek. Véleményük szerint egységes szabályokon alapuló rendszertan irányába kell törekedni, mivel a hal-vírusokra vonatkozó adatok mennyisége rohamosan nő. Elsőként tettek javaslatot az újonnan létesített *Herpesvirales* renden belül ugyancsak új *Alloherpesviridae* család *Ictalurivirus* nemzetségének benépesítésére. A HV-ok sokszínűségének vizsgálata során rendszeres PCR-es szűrővizsgálatot végeznek elhullott vadállatok mintáin. Idén egy egerészölyv mintájában találtak HV-t. Ez az eddig még ki nem mutatott HV az *Alphaherpesvirinae* alcsalád feltételezhetően új genusába tartozik, és egy korábban hosszúcsőrű keselyűből leírt HV-sal mutat közeli rokonságot. Másik új eredmény egy borz mintájában detektált HV, ami megegyezik a korábban Angliában borzból izolált HV-sal. Nílusi repülőkuttyában gammaherpeszvírust találtak. (4 intézeti kutató, 2,5 Mft, OTKA)

Enterális vírusok molekuláris epidemiológiája

A rotavírusok és enterális calicivírusok nagy gazdasági károkat okoznak a háziállat-állományokban, emellett fontos humán egészségügyi vonatkozásokkal is bírnak. A 16 európai országot magába foglaló EuroRotaNet keretében részt vettek a humán rotavírusok hazai poszt-vakcinációs törzs-előfordulási felmérésében. Multiplex reverz transzkripció-PCR alapú rendszert dolgoztak ki a rotavírusok enterotoxinjának genotipizálására, és azt humán és állati eredetű törzseken tesztelték. Vizsgálataik során számos zoonózis eredetű rotavírus törzset azonosítottak, részt vettek haszonállatok és vadon élő állatfajok (nyúl, juh, szarvasmarha, guanakó, fekete lóantilop, pulyka, fácán) rotavírusainak kimutatásában és molekuláris jellemzésében. Vizsgálataik kiemelendő új eredménye a juhok valószínűsíthető gazdafaj szerepének felismerése egyes ritka emberi rotavírus törzsek esetében, valamint egy eddig ismeretlen rotavírus genotípus azonosítása fácánban. Kutatásaik elismeréseként a témát művelő intézeti kutatót meghívták a nemzetközi Rotavírus Klasszifikációs Munkacsoportba.

A *Caliciviridae* családba két olyan genus tartozik (*Sapovirus* és *Norovirus*), amelynek fontos szerepük van a humán enterális megbetegedésekben. E vírusok genetikai sokfélesége hátterében a pontmutációk halmozódása és genomjuk rekombinációja mellett a heterológ gazdákból származó, fajidegen törzsek gazdaváltása is feltételezhető. Hogy az emberben előforduló törzsek esetleges heterológ gazdafajait azonosítsák, vizsgálták haszonállatok és kedvtelésből tartott állatok enterális calicivírusait. Sertésből a humán sapovírusokkal, kuttyából az egyik ritka emberi norovírussal rokon vírus törzseket írtak le. (1 intézeti kutató)

Kullancsok vírusfertőzöttsége

Az ország 6 pontján havonta gyűjtöttek kullancsokat egy 100 nm²-es területről. A kullancsok számát, fejlődési alakjait, fajösszetételét feljegyezték, és szezonális görbét készítettek. A 2006 során gyűjtött kullancsokat 4 kórokozóra vizsgálták. Az ötösével csoportosított kullancsokból DNS-t és RNS-t vontak ki, a TBE (RNS flavivírus) Real-time (valós idejű) PCR-el, a DNS mintákból Anaplasmat nested PCR-el, Borreliákat és Babéziákat hagyományos PCR-el diagnosztizálták. A Borreliákat és Babéziákat fajsztin DNS hibridizációval határozták meg. A munka az Országos Epidemiológiai Központ és az Országos Állategészségügyi Intézet munkatársaival való kooperációban készült. (2 intézeti kutató, 0,6 Mft, EU FP6 EDEN)

Madárinfluenza-vírusok (AIV)

Három, H5 antigént tartalmazó rekombináns baromfi-, illetve tehénhímlő-vírus vakcina ártalmatlanságát és immunogenitását vizsgálták némakacsákban. Napos kacsák hatékonyabb immunizálására egy rekombináns tyúkhímlő vakcina (rFPV-AI-H5) és egy kereskedelmi forgalomban lévő inaktivált vakcina kombinálásával új vakcinázási programot próbáltak ki. A némakacsákat sikeresen immunizálták napos korban adott rFPV vakcinával és 14 napos korban adott inaktivált vakcinával. A második vakcinázást követő 7. napon jelentős titerű haemagglutináló (anti-H5) és H5N1 vírust neutralizáló (HPAIV) ellenanyagot mutattak ki. Az ellenanyagok titere a 9 hetes kísérleti periódus végére jelentősen csökkent. Ez a módszer a kétszer alkalmazott inaktivált vakcinához hasonló immunitást váltott ki, amelyet eddig 14, illetve 35 napos korban próbáltak ki. Természetes körülmények között tartott kacsák AI elleni vakcinázása fontos eszköz a különösen veszélyes HPAIV (H5N1) elleni védekezésben. Egy másik kísérletben napos korú némakacsákat immunizáltak az előző vizsgálatban hatékony rFPV vakcinával, majd 14 napos korban H5AIV antigént kifejező *lentogen* baromfipestis (NDV) vakcinával. A második vakcinázást követő 7. napon az előző kísérlethez hasonlóan magas titerű haemagglutináló (H5) és H5N1 AIV-t neutralizáló ellenanyagokat lehetett kimutatni. A vakcinázási program hatékonyságát HPAIV-vel végzett ráfertőzési kísérlettel a konzorcium más tagjai alátámasztották (4 fő, 3 intézeti, 13,5 Mft, EU FP6)

Marek-féle betegség (MB) vírusa

A forgalomban lévő MB elleni vakcinák hatékonysága között jelentős eltérést állapítottak meg. PCR módszerrel kimutatták, hogy a kevésbé hatékony vakcinák kisebb mértékben csökkentik a virulens MBV szaporodását és ürítését. A Delawari Egyetemen együttműködve, Magyarországon 1972-1982 között izolált MB vírusok molekuláris biológiai jellemzését végezték el, DNS-ét sikeresen transzfektálták csirke sejtekbe. (5 fő, 3 intézeti, 6,2 Mft, INTERVET)

Bakteriológiai és mycoplasmatológiai kutatások

Salmonella kutatások

A kutatások az EU 2003. évi zoonózis rendelete és a hazai járványtani adatok alapján kiemelt jelentőségű *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* (ún. invazív), valamint a $\square C \square$ szerocsoportba tartozó *S. Hadar*, és *S. Infantis* (ún. nem-invazív) *Salmonella* serovarokra koncentráltak. Elsőként \square nemzetközi együttműködésben \square a *S. Enteritidis* serovar egyik virulens törzséből előállított, különböző *Salmonella* pathogenitási szigeteken (SPI) deletált, továbbá az SPI-1-től SPI-5-ig valamennyi szigettől megszabadított mutánsokat vizsgálták, bélgyulladás és szeptikémia modelleket alkalmazva, csirkékben és egerekben. Az eredmények szerint az egér virulencia leglényegesebb tényezője az SPI-2, míg a csirkében az SPI-1 és SPI-2 képvisel fontos virulencia géncsoportot. A bélbeni megtelepedést illetően viszont egyik pathogenitási szigetnek, sőt azok teljes hiányának sincs túlzott jelentősége. Ezen eredmények arra utalnak, hogy a *Salmonella* pathogenitásának evolúciójában, az SPI-1 és SPI-2 pathogenitási szigetek fölvétele által, a szárnyasok játszhattak lényeges szerepet, és a fokozott pathogenitású törzsek velük terjedhettek el szélesebb körben. (3 intézeti kutató, 3 Mft, EU-SUPASALVAC)

A *S. Enteritidis* pathogenitási szigetek mellett továbbra is nagy figyelmet fordítottak az 1-es *S. Typhimurium* genomi szigetekre (SGI-1). A 2007. évi molekuláris epidemiológiai munkát az EU NoE (MedVetNet) együttműködőkkel folytatva az egyes országokban jellemző, illetve különleges SGI-1 variánsokat azonosítottak, és azok sajátosságait vizsgálták. A magyar együttműködő partner (MBK, Gödöllő) a hazai SGI-1 hordozó törzsek pathogenitási szigetének inszerció helyeit jellemezte, majd pedig stabilitásukról szerzett értékes adatokat. (1 fő, 2,5 Mft, MedVetNet)

A $\square C \square$ csoportú (nem invazív) *Salmonella* serovarok az EU adatok alapján elsősorban a broiler állományokban okoznak magas arányú fertőzöttséget. A hazai broiler állományokban domináns *S. Infantis* törzsek jellegzetességeit (multirezisztencia és humán-csirke kapcsolatot jelző egységes PFGE géncsoport elterjedtsége) közegészségügyi szakemberekkel közösen vizsgálva megállapították, hogy a korábbi és újabb humán és baromfi eredetű *S. Infantis* törzsek ún. *Salmonella* virulencia plazmida nem rendelkeznek, de minden fontos pathogenitási szigetük meg van. Ezzel ellentétben a recens *S. Infantis* izolátumok a 10 évvel korábbi állapotokkal szemben többszörös antibiotikum rezisztenciával és egy nagy (168kb) plazmida jellemezhetők. (1 fő, 2 Mft, MedVetNet)

Elvégezték egy újszerű serovar (*S. Bovis-morbificans*) molekuláris járványtanának feldolgozását, ugyancsak közegészségügyi (ANTSz-OEK) együttműködésben. Megállapították, hogy ez a serovar sokszínű és több forrásból eredhet. Szerencsére humán egészségügyi jelentősége egyelőre nem nagy. (1 fő, 2 Mft, MedVetNet és EuPathoGenoMics)

Pathogen *Escherichia coli*

Az enterohaemorrhagiás *E. coli* (EHEC) O157:H7 Sakai törzs genomjában lévő 18 profág (Sp1-18) közül 12 lambda-szerű profág egy-egy marker génjének az elterjedését vizsgálták különböző pathotípusú intesztinális és extraintesztinális eredetű *E. coli* (ExPEC) törzsekben. A legtöbb fág gén az *E. coli* O157 törzsekben fordult elő, azonban az eltérő pathotípusú (EHEC, enteropathogén (EPEC) és atípusos) O157 törzsek között különböző fág gén mintázatokat figyeltek meg. Kevesebb fág gén jellemezte a nem-O157 szerocsoportú intesztinális eredetű *E. coli* törzseket és ExPEC törzseket. A fág gén reakció eredményét a Farmer-féle tipizáló séma alkalmazásával négyjegyű számmá alakították. Ezen vizsgálatok szerint a patogén *E. coli* törzsek fág gén alapú PCR tipizálása egy új molekuláris epidemiológiai tipizáló módszer lehet, mely az eddigi tipizálási módszereket jól kiegészítheti, és több tekintetben helyettesítheti. (1,5 fő, 2,5 MFT, SEE-ERANET és MedVetNet)

Bordetella kutatások

B. bronchiseptica törzseken molekuláris genetikai módszerekkel vizsgálták a virulencia faktorok esetleges gazdafaj specifikusságát. Különböző állatfajokból (sertés, kutya, macska, nyúl, tengerimalac és egzotikus állatfajok) származó (25 évet reprezentáló) törzseket három génszakaszon (*fim* [fimbria], *fla* [flagellin] és *cyaA* [hemolizin adenilát-cikláz]) PCR-RE segítségével elemezték. A fimbria PCR-RE analízisével a törzsek között nem tudtak különbséget kimutatni. A mintegy 70 törzssel elvégzett flagellin PCR-RE vizsgálattal a meglévő irodalmi adatokhoz képest további öt új variánst mutattak ki: a sertésből származó törzseket 6 típusba, a kutya eredetűeket 4 típusba, a tengerimalacból származókat 1 típusba, a nyúl eredetűeket pedig 3 típusba sorolták. Az egyes típusok és azok gazdafaj specifikussága között összefüggést csak a tengerimalac és pulyka eredetű törzsek esetében kaptak. Az adenilát-cikláz PCR-RE elemzésével eddig 3 típust írtak le, amelyek közül 1 típus csak a pulykából származó izolátumokra volt jellemző. A *cyaA*-génre tervezett primerek segítségével nem minden esetben kaptak PCR-terméket, ami szükségessé teszi a hazai kutya eredetű izolátumok *cyaA* génjének további vizsgálatát. (3 intézeti kutató, 1 MFT, ipari partner)

Pasteurella kutatások

Magyarország különböző régióiból származó 61 baromfi eredetű (liba, kacsa, barbarie kacsa, pulyka, csirke és fácán) *P. multocida* törzsön végzett ERIC-PCR vizsgálatok a törzseket mind gazdafaji, mind földrajzi eredet szempontjából elkülönítette, ezzel lehetőséget adva a törzsek feltételezett gazdafajhoz történő adaptációjának tanulmányozására. A baktérium és a gazdaszervezet közötti kölcsönhatás elsődleges pontjában, a sejtfelszíni molekulákban bekövetkező változások befolyásolhatják a fertőzőképességet és a gazdaadaptációt. A sejtfelszíni struktúrákat kódoló gének (baktériumburok (*hyaD-hyaC*), porinok (*ompH, ompA*), fimbria (*ptfA*), külső membrán fehérje (*oma87*) PCR-RFLP (PCR-restriction fragment length polymorphism) vizsgálatát végezték el. A módszer két lépésben (a célszekvencia megsokszorozása, majd ennek restrikciós enzimmel történő emésztése) azonosítja a kérdéses génszakaszban bekövetkező szekvencia változásokat. Vizsgálataikban az *ompH* génre tervezett PCR-RFLP rendszer bizonyult a leghasznosabbnak a törzsek részletesebb differenciálására. Öt elkülönülő mintázatot azonosítottak (I, II, III, IV, VI). A PCR-RFLP mintázatok megoszlása nagymértékben átfedett az ERIC-PCR használatával kialakított csoportokéval. Az I PCR-RFLP mintázat megjelenése dominánsan a vízibaromfikból származó törzsekre volt jellemző (Duna-Tisza köze és a felső Tisza vidéke). A II PCR-RFLP mintázat egyaránt előfordult egyéb baromfifajokban (Dunántúl és Tiszántúl), valamint liba eredetű izolátumokban (a Tisza középső folyása). A III PCR-RFLP mintázat csak két esetben, egy kacsa és egy liba eredetű törzs esetén fordult elő. A IV és VI PCR-RFLP mintázat csak pulykából származó izolátumokra volt jellemző (Dunántúl).

Az *ompH* gén szekvenciájában meglévő változatosság kapcsolatba hozható a *P. multocida* szomatikus szerotípusával, ezért a törzsek Heddleston-féle tipizálását is elvégezték. Leggyakrabban az 1-es szerotípus fordult elő (kacsa 100%; liba 45%; csirke 75%; összesen 56%). A 3-as szerotípus a pulyka (73%) és a liba eredetű (41%) törzsekre volt jellemző. A fácán eredetű törzsek 4,5-ös szerotípusúak voltak. A szomatikus szerotípusok és a PCR-RFLP mintázatok között összefüggés volt kimutatható: az A:1 szerotípusba tartozó törzsek 94%-a I PCR-RFLP mintázatot mutatott. A fennmaradó 6% III PCR-RFLP mintázattal rendelkezett. Az A:3 szerotípusú törzsek 79%-a, valamint az A:3,4 szerotípusú izolátum II, míg a további 21% IV PCR-RFLP mintázatot mutatott. Az A:4,5 szerotípusú izolátumok egységesen II PCR-RFLP mintázattal rendelkeztek. A négy F buroktípusú törzs esetében: F:1 □ II, F:10 □ IV és két F:4,5, (7) □ VI PCR-RFLP mintázat volt jelen. (3 intézeti kutató, 3 MFT, ipari partner)

Mycoplasma

A *Mycoplasma* fertőzöttség jelentős mértékben károsítja a légzőszervek nyálkahártyáját és az immunrendszer működését. Ez elősegíti a *Mycoplasma* fertőzéshez társuló másodlagos baktérium- vagy vírusfertőzések kialakulását, illetve fokozza az ilyen komplex kóroktanú betegségek lefolyásának súlyosságát. Ez lehet a magyarázata annak, hogy *Mycoplasma* és influenza fertőzés együttes jelenlétekor jelentős veszteségek jelentkeznek. A *Mycoplasma* és az influenza vírus kölcsönhatásával kapcsolatban felmerült az ellenanyagok által közvetített vírusfelvétel előfordulása, amely következtében *Mycoplasma* fertőzés jelenlétekor a baromfiban még az alacsony pathogenitású influenza vírus törzsek is jelentős, akár 80%-os elhullást képesek előidézni. Bioinformatikai vizsgálataik során a *M. gallisepticum* és számos influenza vírus törzs haemagglutininjének és egyéb fehérjéinek elemzésekor közös aminosav szekvenciákat találtak. Feltételezik, hogy *Mycoplasma* fertőzés következtében ezen szekvenciák ellen ellenanyagok termelődnek, amelyek az influenza vírust elpusztítani nem képesek, de a víruslekötő ellenanyagok a gazdasejteken található Fc receptorokhoz kötődve hozzájárulhatnak a vírusnak a celsejtekre való behatolásához. A kérdés tanulmányozása céljából különböző *M. gallisepticum* törzsekkel fertőzött csirkékből a fertőzést követően különböző időben gyűjtött vérsavók vírusszaporodására gyakorolt hatását vizsgálták szövettényezetben és csirkeembrióban. (5 fő, 4 intézeti, 4 MFT, OTKA)

Halkórtani és ökológiai vizsgálatok

Monitorozták a Balatonban, Kis-Balatonban és a Dunában élő halak parazitafaunáját. Beszámoltak a dévérkeszeg szívében élősködő *Myxobolus dogieli* nevű nyálkaspórák faj pathogenitásáról és filogenetikai helyzetéről. Négy új nyálkaspórák fajt írtak le. A *Myxobolus erythrophthalmi* a vörösszárnú keszeg, a *M. shaharomae* a kűsz belső szerveit fertőzi. A *Myxobolus feisti* a koncér, a *Myxobolus susanlimae* pedig a szélhajtó kűsz kopoltyúporcában élősködik. Megállapították, hogy a koncérban több olyan *Myxobolus* faj fordul elő, melyek morfológiailag a domolykón élősködő *M. muelleri* fajjal lennének azonosíthatók. 18S rDNS szekvenciájuk alapján azonban jól elkülönülnek, és a fajokra jellemző helyen telepednek meg (kopoltyúív, kopoltyúredő, kopoltyúlemez vagy uszony). Hasonló molekuláris diverzifikáció és megtelepedési sajátosság jellemzi a dunai jász fertőzöttségét is. Különböző balatoni biotópokról kevéssertéjű férgékből eddig 13 actinospora típust izoláltak, majd azok morfológiai jellemzését követően az actinospora-típusok 18S rDNS gén szekvenciáit is meghatározták. A szekvenciákat a génbankban lévő hal-myxospora szekvenciákkal összevetve sikeresen határozták meg két halparazita-nyálkaspórák faj *Isochaetides michaelseni*oligochaeta alternatív gazdában fejlődő, ez idáig még ismeretlen triactinospora típusú alakját, amelyek teljes genetikai azonosságot mutattak a szélhajtó kűszben élősködő *M. shaharomae*, és a vörösszárnú keszegben fejlődő *M. erythrophthalmi* nyálkaspórák-fajokkal. Ezzel a módszerrel sikeresen váltották ki a rendkívül munka- és időigényes, fejlődési ciklus kísérletek végzését, és két ismert halparazita nyálkaspórák faj oligochaeta gazdában fejlődő actinospora stádiumát, illetve teljes fejlődési ciklusát tárták fel. (4 fő intézeti, 3 MFT, OTKA)

Portugál-magyar kooperációban újabb *Myxobolus*-fertőzöttségeket mutattak ki márnából, ezáltal lehetőség nyílik a közép-európai márna és az ibériai márna nyálkaspórák fertőzöttségének összevetésére és új fajok leírására. (2 fő intézeti, TÉT, 1 MFT.)

Malajziában nyálkaspórák parazita-anyagot gyűjtöttek tenyésztésbe fogott és természetes vizekben élő halfajokból (köztük a hazai halpiacon is egyre nagyobb szerepet játszó harcsaféléből, a *Pangasius hypophthalmus*-ból), fertőzöttségüket kórszövettani és molekuláris módszerekkel tanulmányozták, és kilenc új nyálkaspórák élősködő fajt írtak le. (UMT Grant).

Több kísérletben vizsgálták a három kárászfaj (aranyhal, ezüstkárász, széles kárász) belében diffúz coccidiosist okozó paraziták gazda-fajlagosságát és a ponty *Goussia carpelli* fajától való elkülönítésük lehetőségét. Megállapították, hogy az aranyhalat fertőző faj ezüstkárászba átvihető, azonban a széles kárászt és a pontyot nem fertőzi. További coccidium (*Goussia*) fajokat mutattak ki halakból. A 18S rDNS vizsgálatok alapján négy jól elkülönülő csoportot kaptak. 1. Kis oocisztájú *Eimeria* fajok (csak Magyarországra bevándorolt brack-vízi halakból kerültek elő). 2. Kis oocisztájú bélélősködő *Goussia* fajok. 3. Gócos coccidiosist okozó nagy oocisztájú *Goussia* fajok (morfológiailag és 18S rDNS szerkezetüket tekintve is hasonlóak). 4. Epicelluláris fertőzést okozó nagy oocisztájú *Goussia* fajok. Az eddigi eredmények arra utalnak, hogy a halakban élő coccidiumok tekinthetők a háziállatokat fertőző bél-eimeriák és a *Toxoplasma-Sarcocystis* típusú coccidiumok őseinek. (3 fő intézeti, 3 MFT, OTKA)

Lezárták a MolCat Bt biotechnológiai kisvállalkozással egy □közvetlenül a halastó partján használható□ új típusú DNS amplifikációs módszeren alapuló diagnosztikai eljárás kidolgozására irányuló közös munkát. (4 fő intézeti, 9 MFT, NKTH)

A pisztrángok kergekórját okozó *Myxobolus cerebralis* fajban kimutatott négy szabályozó gén részletes genetikai jellemzését végezték el a müncheni egyetem munkatársaival együttműködésben (1 fő intézeti, Humboldt Alapítvány). A hazánkban gyakori nyálkaspórák fajok fejlődésének kísérletes vizsgálatával a gazdafajok fogékonyágát, illetve a gazdaszelekció mértékét vizsgálták. Első lépésként a fertőzésre fogékony és rezisztens *Oligochaeta* gazda fajok elkülönítését végezték el, valamint kidolgoztak egy az eddiginél hatékonyabb kísérleti és diagnosztikai rendszert a parazita fejlődésének vizsgálatára (2 fő intézeti, 1 Mft, SZIE ÁOTK PhD keret, OTKA).

A Távol-keleten étkezési célra tenyésztett, hazánkban díszhalként tartott cápaharcsa parazitológiai vizsgálatával két új nyálkaspórák fajt mutattak ki és jellemeztek morfológiai és molekuláris módszerek segítségével (2 fő intézeti, 0,2 Mft, OTKA).

III. Hazai és nemzetközi kapcsolatok bemutatása

Felsőoktatási kapcsolatok

Egyetemi előadásokat tartottak, gyakorlatokat vezettek, állatorvos-, biológus és zoológus szakdolgozók kutatásait irányították (Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Kar, ELTE TTK). Egy diák TDK díjat is nyert. Hét kutató vezetett doktorandusokat (SZIE, ELTE, Pannon, Kaposvári Egyetem, egy társtémavezetés a Debreceni Egyetemen). Tagjai a SZIE Doktori és Habilitációs Bizottságának és a SZIE ÁOK Doktori és Habilitációs Tanácsának. Új doktori iskolában törzstag-jelöltek (1 fő, + 1 oktató): SZIE, Pannon Egyetem, Kaposvári és Debreceni Egyetem. Részt vettek a Kaposvári Egyetem halászati szakmérnök-képzésében.

Portugál-Magyar TÉT-GRICES együttműködés keretében a Porto-i Egyetem kutatóival vizsgálták portugáliai halak és alternatív féreg-gazdák nyálkaspórák-fertőzöttségeit. OM-együttműködés keretében a University of Meerut-ról (India) érkezett vendég-professzor 3 hónapig Intézetünkben tanulmányozta a nyálkaspórák kutatásában használatos technikákat. Halas témájú OM együttműködés indult az egyiptomi National Institute for Scientific Research (NIOF, Alexandria), Intézetünk és a Pannon Egyetem Georgikon Kara között. Az University Terengganu Malaysia, Institute of Tropical Aquaculture az előző évi projekt eredményei közlemények formájában jelentek meg, a kutatási együttműködés folytatását tervezzük.

Előadás az Egyiptomi Baromfi-egészségügyi Társaság ülésén (Cairo), a Dél-Afrikai (Pretoria) és az Oroszországi Sertés-egészségügyi Társaság konferenciáján (Novoszibirszk, Belgerod, Jaroszlav). Előadás-sorozat az USA-beli KECK Graduate Institute of Applied Life Sciences intézetben, ahol molekuláris biológiai témákban PhD képzés folyik, Mycoplasma kutatás és biológiai anyagok állatmodellekben való tesztelése témában.

Jelentős együttműködések az alábbi intézményekkel folytak

SZIE Állatorvos-tudományi Kar; CEVA-Phylaxia Rt; Debreceni Egyetem; Kaposvári Egyetem; MGSZH ÁDI; Országos Epidemiológiai Központ; Országos Élelmiszervizsgáló Intézet; Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont, Gödöllő; Pannon Egyetem Georgikon Kara, Keszthely; Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar, Szent László Kórház.

Külföldi intézmények: *Ausztria*: Vet. Univ., Bécs; *Belgium*: Katholieke Univ. Leuven, Univ. Liege; Vet. Agrochemical Research Centre, Brüsszel; *Franciaország*: Univ. Toulouse; *Hollandia*: Center of Infectious Diseases of Animals, Lelystad; Univ. Leiden; *Japán*: University of Tokyo, University of Hiroshima, Yamaguchi Univ.; *Malajzia*: University Malaysia Terengganu, Institute of Tropical Aquaculture, Kuala Terengganu; *Nagy-Britannia*: AFRC Institute for Animal Health, Compton Laboratory; Health Protection Agency, Center for Infections, Colindale, London; MRC Virology Unit, Glasgow; Vet. Laboratories Agency, Weybridge; *Németország*: Univ. Hohenheim, Stuttgart; Robert Koch Institute, Berlin, Univ. Munich; Univ. Würzburg; Boehringer Ingelheim Vetmedica GmbH, Ingelheim *Olaszország*: Università degli Studi di Bari, Central Public Health Institute (ISS), Roma; *Oroszország*: Orosz Mezőgazdasági Akadémia, Összoroszországi Állatorvosi Virologiai és Mikrobiológiai Kutatóintézet, Pokrov; *Portugália*: Univ. Porto; *Spanyolország*: Univ. Madrid; Laboratorios HIPRA, Amer; *Svájc*: Institut für Viruskrankheiten und Immunoprophylaxe; Mittelhäusern; *Szíria*: Al-Baath Univ., Hama; Univ. Latakia, *Törökország*: Afyon Kocatepe Üniversitesi, *USA*: Avian Diseases and Oncology Laboratory, East Lansing, MI; Center for Fish Disease Research; Henry A. Wallace Beltsville Agricultural Research Center, MD; Univ. Delaware; Oregon State Univ., Centers for Disease Control and Prevention, GA

Szerkesztőbizottsági tagságok: Acta Veterinaria Hungarica (főszerkesztője, 3 szerkesztő-bizottsági tag, intézeti adminisztrációs háttér), 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, Veterinary Medicine (Csehország), Iranian Journal of Fisheries Sciences

A Magyar Mikrobiológiai Társaság 4 vezetőségi tagja intézeti kutató. Szerepek MTA bizottságokban: Doktori Tanács, Akadémiai Kutatóhelyek Tanácsa, Élettudományi Kuratórium, Állatorvos-tud. Bizottság (elnök és 3 tag) Oltóanyag és Diagnosztikum, valamint Zoonózis albizottság: elnökök), Állatkísérleti Tud. Biz., Bolyai János Ösztöndíj Kuratórium Agrártudományi Szakkollégiuma (vezető). További bizottságokban: FVM Országos Állategészségügyi Tanács (alelnök); Oktatási Minisztérium Magyar Akkreditációs Biz. (Agrártudományi albiz.); OTKA Élettudományi Kollégium és Agrár 2 szakzsűri; Magyar Országos Állatorvos Egyesület Baromfi-egészségügyi Társaság (vez. tag), ANTSz Országos Infekciókontroll és Antibiotikum Rezisztencia Kontroll Biz., Magyar Élelmiszer-biztonsági Hivatal, Állategészségügy és Állatvédelem tud. szakbiz., MTA Rényi Alfréd Matematikai Kutatóintézet, Marie Curie Transfer of Knowledge grant Felügyelő Bizottsága, Magyar Ösztöndíj Bizottság Agrártudományi Szakmai Kollégiuma

Nemzetközi bizottságokban/szervezetekben végzett munka: Nemzetközi Vírusrendszertani Biz. (ICTV, Magyarország képviselője), ICTV Adenoviridae Munkacsoport (elnök); ICTV Adenoviridae Munkacsoport (elnök), Rotavírus Klasszifikációs Munkacsoport (RCWG); GenBank Referencia Szekvenciák Részleg (társ-szaktanácsadó); ResearchGATE scientific network, magyar főtanácsadó; World Veterinary Poultry Association (tisztelőbeli elnök); GenBank Referencia Szekvenciák Részleg (társ-szaktanácsadó), EASAC (Európai Akadémiák Tudományos Tanácsadó Testülete) Antimikrobiális Rezisztencia Munkacsoport és Zoonózis Munkacsoport, ERA-NET PathoGenoMics (humán kórokozó mikroorganizmusok európai genomkutatásának koordinálása, segítése; a Program Network Irányító Tanács tagja és e Network of Excellence-ben Magyarország képviselője, MedVetNet Network of Excellence (Irányító Testület és Koordináló Fórum tagság), WHO/FAO Codex Alimentarius Bizottság, Antimikrobiális Rezisztencia Magyar Munkacsoport (vezetés)

IV. Fontosabb elnyert hazai és nemzetközi pályázatok rövid értékelése

OTKA, TÉT és a négy futó EU FP6 program mellé újabb EU támogatást nyertek: SEE-ERANET (francia, szlovén és horvát kutatókkal patogén *E. coli*/EHEC/ témában). INRA-MTA együttműködés indult verotoxikus *E. coli* (VTEC) törzsek molekuláris analizésére. A pályázatok hatékony kutatásokat, nemzetközi kapcsolatokat, felsőoktatási lehetőségeket és kutató-utánpótlásnevelést biztosítottak.

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

1. Vogl G, Plaickner A, Szathmary S, Stipkovits L, Rosengarten R, Szostak MP (2008) *Mycoplasma gallisepticum* invades chicken erythrocytes during infection. *Infect Immun* 76 (1) 71-77
2. Farkas SL, Harrach B, Benkő M (2008) Completion of the genome analysis of snake adenovirus type 1, a representative of the reptilian lineage within the novel genus *Atadenovirus*. *Virus Research* 132 (1-29) 132-13
3. Székely Cs, Pastra A., Molnár K, van den Thillart G (2008): Chapter 9: Impact of the swimbladder parasite on the health and performance of European eels. In: Spawning migration of the European eel. Fish and Fisheries Series. Volume 30. Editors: Guido van den Thillart, Sylvie Dufour and Cliff Rankin. SPRINGER VERLAG. pp. 201-228.