

## 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 2009. 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 különböző kórképekben elhullott tyúkokból, libákból, galambokból, valamint tenyésztett díszmadarokból és nagyszámú vadmadárból, hüllőből, békából, rágcsálóból és majomból mutattak ki különféle, leggyakrabban eddig ismeretlen adenovírusokat (AdV) PCR és DNS szekvenálás alkalmazásával. A nyert szekvenciákkal filogenetikai számításokat végezve megállapították az új AdV-ok valószínű rendszertani helyét. Vadmadarakban főleg aviadenovírusokat találtak, de kimutattak új si- és atadenovírusokat is. Előfordult, hogy ragadozó madár bélmintájában nem madár-adenovírust, hanem mastadenovírust, feltehetően a zsákmányállat vírusát detektálták. Befejezték a genomszekvenálását az első olyan AdV-nak, amelyet eddig izolálni nem tudtak, csak az elhullott madarak szerveiből erősítették fel PCR-rel. Svájci együttműködésben befejeződött a 2-es típusú egér-adenovírus genomjának szekvenálása, mely hosszabbnak bizonyult az 1-es és 3-as típusúaknál, és szerveződése is több helyen eltérő. Sikerült az összes, eddig még be nem osztott, de korábban leírt majom-AdV típus több génen alapuló molekuláris jellemzése és előzetes nevezéktani beosztása. Ez a munka további AdV fajok megalakításának szükségességét veti föl. Folytatták a fehér tokhalból izolált AdV genomjának elemzését. Az eddig ismert valamennyi adenovírusetől eltérő genom-szerveződése és filogenetikai távolsága alapján e vírus számára új nemzetség felállítását javasolták, amit a Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV) hivatalosan elfogadott. Javaslatukra elfogadtak

négy új vírúsfajt is. Részt vettek a kóros elhízással kapcsolatba hozott, 36-os típusú humán AdV genom-analízisében. Az egyre gyakoribb elhízás feltételezett fertőző okára azonban nem sikerült bizonyítékot találni. (7 kutató, 8 MFT, OTKA, NKTH-OTKA)

#### Herpeszvírusok

Molekulárisan jellemezték a szibériai tok herpeszvírusát, mely oroszországi halkeltetőkben óriási pusztításokat okozott. PCR segítségével több, mint 7000 bázispárnyi genomszakaszt erősítettek fel, ami 3 teljes és 2 részleges gént tartalmaz. A szakasz nukleotid sorrendjét meghatározták. E vírusnak (acipenserid herpesvirus 2) ez az első európai kimutatása. Ugyanezt a genomszakaszt meghatározták fekete törpeharcsa Olaszországban izolált herpeszvírusából is (ictalurid herpesvirus 2). Ezeket összehasonlították a korábban szintén általuk szekvenált, amerikai eredetű fehér tokhal-herpeszvírus azonos genomszakaszával. A három vírusban (*Ictalurivirus* nemzetség) a génszerveződést hasonlónak találták, mely ugyanakkor eltért a koi-herpeszvírus és a béka-herpeszvírusok megfelelő genomrészletétől, melyben az azonosított közös génblokk nem található meg. A hazai hal-mintákat vizsgálva sikerült molekuláris technikával is megerősíteni a ponty himlő vírusának előfordulását (cyprinid herpesvirus 1). (4 kutató, 2,5 MFT, OTKA)

#### Enterális vírusok molekuláris epidemiológiája

Elsőként írtak le egy csirke orthoreovírus genomszekvenciát. Részt vettek vadmadarak rotavírus fertőzéseinek szűrővizsgálatában, és ennek eredményeként elsőként azonosítottak nádi sármányban rotavírust. Az EuroRotaNet hálózaton belül 2009-ben folytatták a humán rotavírusok hazai poszt-vakcinációs surveillance-ét és molekuláris szinten jellemezték az azonosított törzsek neutralizációs antigénjeit. Újonnan megjelenő törzsként, elsőként azonosítottak hazánkban G12P[6] rotavírusokat. Megkezdték a zoonózis eredetű humán G4P[6] rotavírus törzsek genomjának szekvenálását. (2 kutató, 5 M Ft, OTKA).

#### Kullancsencephalitis

2009 során – az Országos Epidemiológiai Központtal együttműködésben - sikerült egy kecskelegelőn egy kullancsencephalitis gócot azonosítani. Egerek szerológiai vizsgálatával néhány száz m<sup>2</sup>-re szűkítették a vírus által érintett területet. Elkezdték a kullancsencephalitis vírus tejjel való ürülésének vizsgálatát kecskéken. A kísérlet során az állatokból rendszeresen vér- és tejmintákat vettek, melyek feldolgozása még nem fejeződött be. (1 kutató, 0,5 MFT, EU FP6 EDEN)

#### Madárinfluenza-vírusok (AIV)

Egy új élővírusos vektor (pV) és egy H5N1 madárinfluenza-vírus törzsének haemagglutininjét kifejező (pV-H5) vakcina szöveti tropizmusát vizsgálták napos kacsák vakcinázása után (EU FP6 program). A különböző helyről vett tamponokból izolált nukleinsav mintákból valós idejű PCR (qPCR) módszerrel a vakcinát a vakcinázás utáni 1-3. napon kimutatták. A 7. napon ez már csak a garatból sikerült. A 14. napon minden minta negatív volt. A tüdőből a vakcinázást követő 1. napon izolált nukleinsavból az esetek egy részében kimutatható volt a vakcina, e szerv azonban negatívvá vált a 3. napra. A kezelést követő 7. napra a pozitív szervek száma jelentősen csökkent. A Harder-mirigy és a *bursa Fabricii* minták egy része azonban pozitív volt ekkor is. További vizsgálatok szükségesek annak eldöntésére, hogy a hagyományos szerológiai módszerrel viszonylag rövid ideig kimutatható immunválasz a kacsák sajátos immunrendszerével vagy a vektorok mérsékelt szaporodási képességével vagy a faj sajátos természetes ellenálló képességével függ össze. A NOVADUCK projekt fő célkitűzése madárinfluenza elleni hatékonyabb és olcsóbb élő vektor-vakcina kifejlesztése. A témában való sikeres részvétel jelentősen elősegíti az intézet hazai és nemzetközi pályázatokban való versenyképességét. (4 kutató /3 intézeti/ 12,2 MFT, NOVADUCK)

#### Marek-féle betegség (MB) vírusa

A Marek-betegség (MB) elleni vakcina (HVT) hatékonyságát vizsgálták *in ovo* oltást követően. Négy nappal a kelés után (7 nappal a vakcinázás után: D7) a csirkéket egy hazai izolálású patogén MBV-1 (herpesvirus 2) vírussal fertőzték. A vakcina és a vadvírus elszaporodását standard PCR vizsgálattal követték nyomon. A vadvírus elszaporodását mind a vakcinázott mind pedig az oltatlan kontroll állatokban ki lehetett mutatni, míg a HVT-t a D7 után egyetlen esetben sem sikerült detektálni. A kísérlet végére (74. nappal a ráfertőzés után) a nem vakcinázott állatok 80%-a az MB-re jellemző tüneteket produkálta, melyek a vakcinázott állatok jelentős részében szintén kialakultak. A vakcina az előírt minimális védési indexet ( $\geq 80\%$ ) nem érte el. Feltételezik, hogy az általuk vizsgált HVT termék

ismeretlen ok miatt nem tudott elszaporodni az oltott embriókban. Vizsgálataik rámutatnak az MB elleni *in ovo* vakcinázás egyik lehetséges hibájára. (5 kutató /3 intézeti/, 7 MFT, ipari együttműködés)

#### A macska koronavírus hármás régiójának molekuláris vizsgálata

Abból a célból, hogy felfedjék a hármás régió ORF-jeinek (3a, 3b és 3c) szerepét a macska enterális koronavírus tropizmusának kialakításában, megkezdtek a régió transzkripció és transláció mechanizmusának tanulmányozását. Kísérletesen bizonyították, hogy a transláció megindításához nélkülözhetetlen leader szekvencia mindössze egy ponton, a 3a ORF 5' végénél kapcsolódik a hármás régióhoz. Ez arra utal, hogy mindhárom ORF ugyanarról mRNS-ről íródik le. Ennek bizonyítására, valamint a három ORF translációs mechanizmusának tanulmányozására különböző GFP fúziós konstrukciókat készítettek és vizsgáltak. Kísérleti adataik megerősítik, hogy 3a, 3b és 3c valóban azonos mRNS-ről fordítódik le, nagy valószínűséggel „leaky scanning” mechanizmussal (1 kutató, külföldi együttműködés).

#### Bakteriológiai és mycoplasmatológiai kutatások

##### Salmonella kutatások

A húscsirke állományainkban honosult *S. Infantis* (S.I.) törzsek hazai és külföldi izolátumainak összehasonlító genetikai analízisét az Országos Epidemiológiai Intézzel együtt végezték el, keresvén a választ arra, hogy a hazai állományainkat jellemző, korábban ismertett [( $>168$  kb) nagy plazmida, nalidixinsav-tetracyclin-streptomycin-sulphonamid rezisztenciával és (a nagy plazmidon) egy 885 bp méretű 1-es típusú integronnal jellemzett] *S. Infantis* klón külföldön mennyire lehet elterjedt. A vizsgálatba 8 európai ország összesen 76, recens húscsirke izolátumát vonták be. Eredményeik szerint a törzseket a PFGE mintázataik (pulzotípus) alapján két nagy genetikai csoportba („A” és „B” clusterbe) lehet sorolni. Az „A” clusterbe tartozó törzsek (n=39) zömét, antibiotikumokkal szembeni érzékenység, valamint integronok és plazmidok hiánya jellemzi (a német, az olasz és az angol eredetű törzsek zömén túl ebbe a csoportba tartoznak az 1994-ből származó hazai izolátumok, néhány lengyel és egy osztrák törzs). A „B” clusterbe tartozó törzsek (n=34) zömét a jelenlegi hazai klón fent írt tulajdonságai jellemzik (osztrák törzsek, 2 lengyel törzs, egy román és egy Angliába bevitt, török eredetű S.I. törzs). Következésképp, a recens hazai S.I. törzsek által alkotott klónnal azonos, vagy nagyon hasonló tulajdonságokat mutató törzseket zömében az osztrák, (esetenként a lengyel, valamint a román és a török) eredetű törzsek között találtak. (1,5 kutató, 1,5 MFT, MedVetNet)

##### Escherichia coli

A hazai, zoonotikus jelentőségű, szarvasmarha eredetű *enteroheamorrhagiás E. coli* (EHEC), és egyéb O157-es *E. coli* törzseken elkezdett fág-gén alapú PCR vizsgálatokat további vad típusú és referencia törzsekre és további hat Sakai – fág-ra is kiterjesztették. Ezek alapján az O157-es és egyéb kórokozó *E. coli* törzsek fág-gén-típezálására is jól használható rendszert dolgoztak ki. Az O157-es szerocsoporton belül tovább vizsgálták az EHEC/EPEC és a CDT-V termelő atípusos O157 törzsek ún. „hosszú poláris fimbriáit” (*lpfA1* és *lpfA2*), melyek az újabb kutatások szerint adhéziós faktorként segítik a megtelepedést a bélben. A vizsgált 50 *E. coli* O157 törzs közül az EHEC O157:H7/NM és EPEC O157:H7 törzsek (82%) mindkét LPF operont (az *lpfA1/3* és *lpfA2/2* allélt) hordozták. A 9 atipikus (*stx*-, *eae*-) O157 törzs közül 7 (14%) az *lpfA2/1*-es allélt hordozta, mely a korábbi közlemények szerint túlnyomórészt nem-O157 törzsekben terjedt el. A fenti eredmények tovább erősítik azon hipotézist, hogy az atipikus *E. coli* O157 törzsek egy vagy több új leszármazási vonalat képviselnek az O157 törzseken belül. (2,0 kutató, 3,5 MFT, SEE-ERANET és EU- MedVetNet)

A baromfiállományokban kórokozó extraintesztinális *E. coli* (ExPEC) és kommenzalista intesztinális *E. coli* (IntEC) baktériumok virulencia génjeit és filogenetikai hovatartozását összehasonlítva, csibék és pulykapipék szerveiből izolált reprezentatív *E. coli* törzseken egy előzetes ( $>70$  génre kiterjedő PCR) felmérés után 6 génre fókuszált összehasonlító vizsgálatot végeztek. A 71 (ExPEC) és 43 (IntEC) törzs differenciálásában a 6 gén (*vat*, *pic*, *sit*, *iss*, *kpsM* és *malX*) közül a kiemelték bizonyították igazán hasznosnak, nagyobb gyakorisággal jellemezvén az ExPEC törzseket. Ezek 40,1%-a az „A” filogenetikai csoportba, további 15,5% a „B2”-, míg 29,6% a „D” csoportba tartozott, mely utóbbi két csoport a humán ExPEC törzseket is jellemzi. Az IntEC törzsek 42%-a viszont a „B1” filogenetikai csoportba tartozott, (a „B2”-, és „D” 15%, ill. 21%-a mellett). Adataik tehát az IntEC törzseknek az ExPEC-től eltérő genetikai vonalát jelzik, de a „B2” és „D” vonalakon belül azok humán ExPEC rezervoár szerepét is sejtetik. (2 kutató, 1,5 MFT, ERANET-PathoGenoMics)

##### Pseudomonas aeruginosa

A hazai humán és szarvasmarha, valamint környezeti eredetű, széleskörű antimikrobiális rezisztenciát mutató *P. aeruginosa* törzsek integronjainak, aminoglikozid rezisztencia-, és virulencia génjeinek összehasonlító PCR-es vizsgálatát, majd (hannoveri tanulmányút keretében) a teljes genomot reprezentáló microarray analízisét végezték el. Mivel ilyen adatok élelmiszertermelő állatokból még nem álltak rendelkezésre, elsődleges céljuk az volt, hogy a *P. aeruginosa* törzsek konzervatív és variábilis génállományát, továbbá virulencia és rezisztencia génjeit az eltérő forráshelyek alapján összehasonlítsák. A genetikai vizsgálatok eredményeként elmondható, hogy a különböző eredetű (humán, bovin, környezeti) csoportok egymástól jól elkülönülnek. SNP mintázatuk alapján 22 klónt határoztak meg, melyek közül 14 új (ezen hazai gyűjteményre jellemző) klónnak bizonyult. Az egyes klónok jellegzetesen egységes eredetűnek bizonyultak. A nem-humán klónok egy részét viszont korábban humán cisztás fibrózis esetekből izolált törzsek között is azonosították, mely fölveti a törzsek humán-egészségügyi jelentőségét (1,5 kutató, 2,0 MFT, MedVetNet, és EuroPathogGenomic)

#### Bordetella kutatások

Különböző állatfajokból izolált *B. bronchiseptica* törzsek virulencia faktorait vizsgálták molekuláris genetikai módszerekkel. A *flaA* (flagellint kódoló génszakasz) PCR-RFLP vizsgálatába eltérő földrajzi területekről származó 85 törzset vontak be. Három restriktív endonukleázt alkalmazva összesen nyolcféle hasítási mintázatot kaptak. Megállapították, hogy a hazai kutya és tengerimalac eredetű törzsek egységesek, a humán törzsek nagyfokú változatosságot és egyedi fragmentum-eloszlást is mutatnak, csakúgy, mint a pulyka eredetű törzsek. Feltárták, hogy behatárolt földrajzi környezetben, az alkalmazott módszer segítségével, a gazdaadaptáció jegyei fellelhetők. Külföldi törzsek esetében a sertés és kutya eredetű törzseknél tűnt ki egy-egy domináns hasítási típus, a lóból, koalából és tengerimalacból izolált törzseknél a gazdaadaptáció jegyei felismerhetőek voltak. A *cyaA* (hemolizin adenilát-cikláz kódoló génszakasz) PCR-RFLP vizsgálatánál eddig 4 típust mutattak ki. Szembetűnő, hogy főképpen a kutya eredetű törzseknél a *cyaA* hiányzik. A *fimA* (fimbriát kódoló génszakasz) vizsgálatánál egyetlen típust írtak le, a törzsek egységesek voltak. Kimutattak egy, a természetben eddig nem ismert, új biokémiai tulajdonsággal rendelkező törzset. Az urea-negatív törzs *flaA* génjének PCR-RFLP vizsgálata a hazai, sertés eredetű törzsek dominánsan jelenlévő hasítási képével mutatott azonosságot. (3 kutató, 1 MFT, ipari partner)

#### Pasteurella kutatások

Macska szájlórá eredetű *Pasteurella* izolátumok pontos faji meghatározásához hagyományos fermentációs és szénforrás-hasznosítási (Biolog) vizsgálatokat végeztek. Megállapították, hogy ezek alapján ugyan *P. dagmatis*-ként lehetett azonosítani az izolátumokat, de több ponton (aszparaginsav, szukcinilsav) eltérést mutattak a referencia törzsek adataitól. Ezért meghatározták a 16S RNS és *sodA* gén nukleinsav sorrendjét. Filogenetikai elemzésekkel feltárták, hogy a macska eredetű izolátumok önálló, monofiletikus csoportot alkotnak; elkülönülnek mind a *P. multocida*-tól, mint a *P. dagmatis*-tól. Javasolták a *Pasteurella* nemzetségen belül egy új, ún. genomospecies létrehozását. (3 kutató, 0,5 MFT, fiatal kutatói keret)

Libából származó *P. multocida* törzsek összehasonlítása során eltérő biokémiai és molekuláris biológiai sajátosságokkal bíró törzscsoportokat különítettek el, melyek összefüggést mutattak a diagnózissal. A perakut baromfikolerás esetekből izolált törzsek külső membránfehérje (OMP) mintázata nagyfokú hasonlóságot mutatott, a törzsek döntően a septica alfajba tartoztak, „A” buroktípussal és 1-es szomatikus szerotípussal rendelkeztek, és nagyrészt a 6-os biotípusba voltak besorolhatók. Az adhézióban szerepet játszó ptfA gén elemzésekor „A” alléltípust találtak, amelyet eredetileg erősen virulens *P. multocida* törzseknél írtak le. Az akut esetek jelentős részéből szintén ezt a „klónt” izolálták. Az többi esetben változatos OMP mintázatú és mikrobiológiai tulajdonságú törzseket találtak. Utóbbiak 1, 3, 3x4, 4x5 és 7x16 szerotípussal rendelkeztek, multocida alfajba tartoztak, jellemző volt a 3-as biotípus dominanciája, és a ptfA gén „B” típusú allélja. A 3-as szerotípusú törzsek mindig idült pasteurellózist okoztak és egér-virulenciájuk is alacsony szintű volt, míg a 3x4 és 4x5 szerotípusú törzsek heveny baromfikolerát és pasteurellózist egyaránt képesek voltak előidézni. Az OMP mintázatok filogenetikai elemzése alátámasztotta eredményeiket, a „perakut kolera klón” törzsei jól elkülönülve, külön ágon helyezkedtek el. Ez felveti a *P. multocida* törzsek virulenciájáról vallott hivatalos nézetek felülvizsgálatának szükségességét. (3 kutató, 1 MFT, ipari partner)

#### Mycoplasma

Szarvasmarhák között a *M. bovis* fertőzöttség jelentős terjedését észlelték. Szerológia felmérések a hazai szarvasmarha állományok több mint 80 %-os fertőzöttségét állapították meg. A borjakban jelentkező szokásos tüdő- és ízületgyulladásal egyidejűleg a teheneknél egyre gyakrabban mastitis és különféle szaporodásbiológiai problémák is jelentkeztek. Sertések vizsgálata során a *M.*



*hyopneumoniae* törzsek antibiotikum érzékenységének csökkenését, valamint *M. hyorhinis* fertőzéssel összefüggésbe hozható ízületi gyulladásokat és vetéléseket figyeltek meg. A pulykaállományokban a *M. synoviae* fertőzöttség nagymértékű elterjedését tapasztalták, amely következtében jelentősen megnőtt az elhullás és a vágóhídi kobzás aránya. A *M. gallisepticum* fertőzöttségnek immunrendszert károsító hatását vizsgálva megállapították, hogy ha a fertőzött állatokat immunstimulánsokkal kezelik, az állatok testtömeg-gyarapodása, valamint specifikus *Mycoplasma* ellenes IgM és az IgG ellenanyagok termelése megnőtt, a *Mycoplasma* fertőzéssel összefüggésbe hozható kórbonctani és kórszöveti elváltozások súlyossága jelentősen csökkent a fertőzött és immunstimulánsokkal nem kezelt állatokhoz képest. Az immunstimulánsokkal történő kezelés hatására a *Mycoplasma* okozta betegség kezelésre használatos antibiotikumok hatékonysága is jelentősen emelhető volt. (2 kutató, 1 intézeti, 3 MFT, OTKA)

#### Halkórtani és ökológiai vizsgálatok

A Balatonban ponty kopoltyúján egy Magyarországon eddig ismeretlen *Myxobolus* faj előfordulását regisztrálták. Koncérrel négy új *Myxobolus* fajt mutattak ki. A fajokat szövetspecifitás és eltérő szervi lokáció jellemezte. A hazai dunai márna és a portugáliai ibériai márna *Myxobolus* faunáján talált hét fajból öt mindkét biotópon előfordult. Négy dunai halfaj *Myxobolus* genusba tartozó élősködőinek 18S rDNS összehasonlító vizsgálata azt mutatja, hogy a paraziták szekvenciái közötti különbségek megfelelnek a halfajok rendszertani helyzetében mutatkozó különbségeknek. Szilvaorrú keszeg és paduc úszóhólyagjából két új nyálkaspórást mutattak ki, melyek szekvencia adatai két egymástól eltérő fajra utalnak. Szekvencia elemzések alapján megállapították, hogy a szilvaorrú keszegben is előforduló *Myxobolus blicca* megegyezik a típusgazdán (karikakeszeg) előforduló fajjal. (3 kutató, 3 MFT, OTKA)

Kísérletes és molekuláris vizsgálatokkal reprodukálták a dévérkeszeg kopoltyúján élősködő *Myxobolus rotundus* teljes fejlődési ciklusát. Molekuláris vizsgálatokkal igazolták, hogy a *Nereis diversicolor* nevű tengeri polychaeta coelomjában fejlődő aktinospóra megfelel a tengeri pért fertőző *Zshokkella mugilis* nyálkaspórást fajnak. (4 kutató, 1MFT., OTKA és TÉT)

A korábban csak hidegvérű gerincesek parazitáiként ismert nyálkaspórást élősködők két fajt mutattak ki hazai kisméretűből, melyek közül az egyik új fajt reprezentál, és a világon először kimutatott harmadik nyálkaspórást fajnak tekinthető. (3 kutató, 0,2MFT., OTKA)

Baltoni vizsgálataik során – kooperáló partnerükkel – a tó iszapjából elsőként mutattak ki két új invazív kagylófajt, a *Dreissena bugensis*-t és a *Corbicula fluminea*-t. A Balatonon és vízgyűjtőjén gyűjtött vízcicigákban 14 cercária típust izoláltak. (4 kutató, 1 MFT, OTKA)

Adatokat szolgáltatott arra vonatkozóan, hogy a ponty specifikus parazitákkal való fertőzöttsége Európában kis mértékű, Ázsiában viszont gazdag, következésképpen a ponty Ázsiából Európába az ember közvetítésével került be néhány évezreddel ezelőtt. (2 kutató, 0,5MFT., OTKA)

A halkocidiumokon amerikai kooperációban folyó kutatás során vizsgálatra küldött 180 mintából 60 esetben rendelkeznek 18S rDNS szekvenciákkal. Mivel egyes fajok esetében hasonló DNS szekvenciát mutattak ki, szükségessé vált a 28S rDNS szakasz és plasztisz RNS szakaszok vizsgálata is. Ezek a munkák folyamatban vannak. (3 kutató, 1,1 MFT, OTKA)

A hazai busa fajok gyakori kopoltyúparazitáját, a *Myxobolus pavlovskii* fejlődését vizsgálták kísérleti körülmények között. A parazita nagyszámú cisztát képez a busák kopoltyúján, ami az ivadékok esetében súlygyarapodás csökkenéshez vezető oxigénhiányos állapotot idézhet elő. Elsőként azonosították az élősködő másik, kevésbé fertőző freg gazdáját és a halat fertőző aktinospóra alakot (2 kutató, 1MFT, OTKA).

Új halparazita nyálkaspórást fajt (*Henneguya tunisiensis*) írtak le a Földközi-tengerben élő fekete-tengeri ajakoshalból (*Symphodus tinca*) a Tuniszi Egyetem munkatársaival folyó együttműködés keretében. (4 kutató, 2 intézeti, 0,3 MFT OTKA).

Folytatták a hazai pontyfélekben gyakran előforduló izomparazita *Myxobolus pseudodispar* gazdafajlagosságának kísérletes vizsgálatát. Különböző kevésbé fertőző freg populációk faji összetételét és *M. pseudodispar*-ra való fogékonyságát vizsgálták. A korábban leírt két kevésbé fertőző freg faj mellett további három faj esetében igazolták a parazitára való fogékonyságot (2 kutató, 2 MFT, SZIE ÁOTK PhD keret és OTKA).

Elsőként vizsgálták mesterséges vízterületek hatását a Benta-patak Százhalombatta környéki szakaszán élő halfaunájának parazitáltságára. Eredményeik azt mutatják, hogy a vizsgált terület közelében lévő mesterséges vizek, ha kis mértékben is, de hatással vannak a Benta-patak

halállományában előforduló élősködők faji összetételére és a parazitás fertőzés intenzitására (3 kutató, 2 intézeti, 0,5 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, SZIE Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, ELTE TTK, Pannon Egyetem, Georgikon Kar). Egy diák TDK díjat nyert. Hét kutató vezetett doktorandusokat (SZIE, ELTE, Pannon Egyetem, Kaposvári Egyetem). Tagjai a SZIE Doktori és Habilitációs Bizottságának és a SZIE ÁOK Doktori és Habilitációs Tanácsának. Doktori iskolában akkreditált törzstagok (5 fő): SZIE, Pannon Egyetem és Debreceni Egyetem. Részt vettek a Kaposvári Egyetem halászati szakmérnök-képzésében.

MTA-INSA (Indian National Science Academy) együttműködés keretében, az University of Meerut Zoológia Tanszékének munkatársaival közösen Uttar Pradesh Államban lévő halgazdaságokban tenyésztett indiai pontyfélék nyálkaspórák parazitáit vizsgálták. Előadást tartottak Chandigarh-ban (Panjab, India), a 21st National Congress of Parasitology-n, és Meerutban (U.P., India) a Ch. C. Singh Egyetemen. Részvétel az EGYIPTARIAN konzorcium munkájában. Együttműködés indult a Tuniszi Egyetem munkatársával, Földközi-tengeri halak parazitáinak monitorozása és a kimutatott parazita fajok jellemzése céljából.

Előadás Oroszországi Sertés-egészségügyi Társaság konferenciáján (Novoszibirszk, Belgerod, Jaroszlav). Előadás-sorozat az USA-beli KECK Graduate Institute of Applied Life Sciences intézetben, Mycoplasma kutatás témában. Faculty of Medicine at the University of Leipzig, a workshop on „Neglected Virus Infections”; 16th WVPA kongresszus, Marrakesh, Marokkó; 7th International Symposium on AI in Athens, GA, USA.

#### *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 Biotecnológiai Kutatóközpont, Gödöllő; Pannon Egyetem Georgikon Kara, Keszthely; Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar, Szent László Kórház; Magyar Természettudományi Múzeum, Állattár; ELTE TTK; MTA Balatoni Limnológiai Kutatóintézete. Európai Unió: NOVADUCK, FP6 EU projekt

Külföldi intézmények: *Ausztria*: Vet. Univ., Bécs; *Belgium*: Katholieke Univ. Leuven, Univ. Liege; *Franciaország*: Univ. Toulouse; AFSSA, Ploufragan; Merial, Lyon; *Hollandia*: Univ. Leiden; *India*: Ch. C. Singh University, Meerut; *Irán*: Faculty of Biological Sciences, Shahid-Behesthi University; *Japán*: University of Hiroshima; *Malajzia*: University Malaysia Terengganu, Institute of Tropical Aquaculture, Kuala Terengganu; *Nagy-Britannia*: University of Nottingham, 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. Würzburg; Boehringer Ingelheim Vetmedica GmbH, Ingelheim; *Olaszország*: Università degli Studi di Bari, University of Ferrara; *Oroszország*: Orosz Mezőgazdasági Akadémia, Összoroszországi Állatorvosi Virologiai és Mikrobiológiai Kutatóintézet, Pokrov; *Portugália*: Univ. Porto; *Spanyolország*: Univ. Madrid; Laboratorios HIPRA, Barcelona, Laboratorios SYVA, León; *Svájc*: Institute of Molecular Biology, University of Zürich; *Törökország*: Afyon Kocatepe Üniversitesi; *USA*: USDA Beltsville Agricultural Research Center, MD; US Air Force, Medical Center, Travis, CA; Univ. Delaware; Avian Molecular Virology, Newark, DE; Oregon State University; Centers for Disease Control and Prevention, GA; University of South Dakota;

*Szerkesztőbizottsági tagságok*: Acta Veterinaria Hungarica (főszerkesztője, 2 szerkesztő-bizottsági tag, intézeti adminisztrációs háttér), Magyar Állatorvosok Lapja, Slovenian Veterinary Research, Praxis Veterina, (Horvátország), Veterinary Medicine (Csehország); Iranian Journal of Fisheries Sciences, Aquaculture, Aquarium, Conservation & Legislation (International Journal of the Bioflux Society), Diseases of Aquatic Organisms;

A Magyar Mikrobiológiai Társaság 2 vezetőségi tagja intézeti kutató. Szerepek az MTA bizottságokban: Élettudományi Kuratórium, majd utódja, az AKT Élettudományi Szakbizottsága, Állatorvos-tud. Bizottság (elnök és 3 tag) valamint Zoonózis albizottság: (elnök), MTA Állatkísérleti Tud. Bizottság, MTA Bolyai János Ösztöndíj Kuratórium Agrártudományi Szakkollégiuma (vezető),

OTKA Élettudományi Kollégium és Agrár 2 szakzsűri; Magyar Országos Állatorvos Egyesület Baromfi-egészségügyi Társaság (vez. tag), Magyar Élelmiszer-biztonsági Bizottság, Biológiai Biztonsági tud. szakbizottság, MTA Rényi Alfréd Matematikai Kutatóintézet, Marie Curie Transfer of Knowledge Grant Felügyelő Bizottsága, Magyar Ösztöndíj Bizottság Agrártudományi Szakmai Kollégiuma, Magyar Parazitológusok Társasága, elnökségi tag, főtítkár, MTA Hidrobiológiai Bizottság, tag.

Nemzetközi bizottságokban/szervezetekben végzett munka: Európai Állatorvosi Virologiai Társaság (ESVV, elnökségi tagság); Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV, Magyarország képviselője), ICTV Adenoviridae Munkacsoport (elnök); Rotavírus Klasszifikációs Munkacsoport (RCWG, tagság); GenBank Referencia Szekvenciák Részlege (társ-szaktanácsadó); ResearchGATE scientific network (magyar főtanácsadó); World Veterinary Poultry Association (tiszteletbeli elnök); Európai Akadémiák Tudományos Tanácsadó Testülete (EASAC) Antimikrobiális Rezisztencia Munkacsoport és Zoonózis Munkacsoport, ERA-NET PathoGenoMics (humán kórokozó mikroorganizmusok európai genomkutatásának koordinálása); a Program Network Irányító Tanács tagja és a Network of Excellence-Euro-Pathogenomics magyarországi képviselője; MedVetNet Network of Excellence (Irányító Testület és Koordináló Fórum tagság); WHO/FAO Codex Alimentarius Bizottság, Antimikrobiális Rezisztencia Magyar Munkacsoport (vezetés); European Association of Fish Pathologists, (magyar tagozat képviselője); MedVetNet, EFSA, Biológiai Biztonság Panel, Baromfi Salmonella munkacsoportokban (tagság); International Organisation of Mycoplasmatologists, Avian, Cattle and Swine Research Groups (tagság).

#### **IV. Fontosabb elnyert hazai és nemzetközi pályázatok rövid értékelése**

Két új OTKA pályázatot nyertek. A támogatások hatékony kutatásokat, nemzetközi kapcsolatokat, felsőoktatási lehetőségeket és kutató-utánpótlásnevelést biztosítanak.

Az intézet 10 EU tagállam 15 intézetével egyetemben megalakította a „MedVetNet Association” nemzetközi zoonózis kutatási egyesületet, lehetővé téve ezzel a sikeresen zárt EU FP6-os MedVetNet program kutatásainak folytatását és az együttműködés bővítését.

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

1. Bányai K, Martella V, Molnár P, Mihály I, van Ranst M, Matthijnssens (2009) Genetic heterogeneity in human G6P[14] rotavirus strains detected in Hungary suggests independent zoonotic origin. *J Infection* 59 (3) 213–224
2. Kovács ER, Benkő M (2009) Confirmation of a novel siadenovirus species detected in raptors: partial sequence and phylogenetic analysis. *Virus Res* 140 (1–2) 64–70
3. Molnár K, Eszterbauer E, Marton Sz, Cech G, Székely Cs (2009) *Myxobolus erythrophthalmi* sp. n. and *Myxobolus shaharomae* sp. n. (Myxozoa: Myxobolidae) from the inner organs of rudd (*Scardinius erythrophthalmus* L.) and bleak (*Alburnus alburnus* L.). *J Fish Dis* 32 (3) 219–231
4. Reuter G, Egyed L (2009) Bovine kobuvirus in Europe. *Emerg Infect Dis* 15 (5) 822–823
5. Tóth I, Schmidt H, Kardos G, Lancz Zs, Creuzburg K, Damjanova I, Pászti J, Beutin L, Nagy B (2009) Virulence genes and molecular typing of different groups of *Escherichia coli* O157 strains in cattle. *Appl Environ Microb* 75 (19) 6282–6291