

ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI KUTATÓINTÉZET

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

Tel: 467-4060, Fax: 467-4076

e-mail: magyar.tibor@agrar.mta.hu, honlap: www.vmri.hu

I. A kutatóhely fő feladatai 2011-ben

Az intézet az állatorvos-tudomány egyetlen hazai főhivatású kutatóhelye, e terület molekuláris mikrobiológiai kutatási bázisa. Legfőbb feladata alapkutatások végzése állategészségügyi szempontból jelentős kórokozók (vírusok, baktériumok, paraziták) jobb megismerésére. További feladat az eredmények gyakorlatban való hasznosításának előkészítése, korszerű és hatékony diagnosztikai módszerek, vakcinák és védekezési eljárások kidolgozása. A kutatók jelentős szerepet vállalnak az agrár- és természettudományi felsőoktatásban, főleg a posztgraduális (PhD) képzésben, valamint állatorvosok továbbképzésében is.

A *virológiai témacsoportok* fő kutatási területe a háziállatok néhány jelentősebb vírusos fertőzöttsége. A kórokozó vírusok immunológiai tulajdonságainak és genomjuk molekuláris szintű elemzése megteremti az alapjait új típusú diagnosztikai módszerek és vakcinák kidolgozásának, molekuláris járványtani vizsgálatoknak, illetve a filogenetikai viszonyokat hűen tükröző rendszertan kialakításának. A *bakteriológiai és mycoplasmatológiai témacsoportok* feladata egyes közegészségügyi és állategészségügyi, valamint összehasonlító kórtani szempontból fontos baktériumok (*Salmonella*, *E. coli*, *Bordetella*, *Pasteurella*) és mycoplasmák virulenciájának, a virulencia genetikai hátterének vizsgálata, valamint ezen ismereteknek a védekezésben és a diagnosztikában való hasznosítása, különös tekintettel az élelmiszerbiztonságra és az állatról emberre terjedő betegségek megelőzésére. A *halkórtani és halparazitológiai témacsoportok* feladata a természetes vizekben élő halak, elsősorban a Balaton és vízrendszere, a Duna, valamint tógazdaságok halainak rendszeres vizsgálata a paraziták által okozott károsodások felmérésére, valamint a nyálkaspórási élősködők és coccidiumok fejlődésének, kórtanának és változatosságának kísérletes és molekuláris vizsgálata.

II. A 2011-ben elért kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

II/a Kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

Virológiai kutatások

Új adenovírusok kimutatása és molekuláris jellemzése

Befejezték a mexikói viperagyíkból izolált adenovírus (AdV) teljes genomjának szekvenálását és molekuláris jellemzését. Hasonlóan a többi kígyó- és gyík-AdV-hoz (valamint néhány kérődző- és madár-AdV-hoz) ez is atadenovírus. Genom-szerveződése a kígyó-AdV-1 (szintén a csoport által szekvenált) genomjához hasonló, de jobb végén négy, eddig ismeretlen gént is tartalmaz. Az ún. RH génből látszólag csak egy példány van benne, mint a kígyó-AdV-1-ben, de ez két (megduplázódott) gén összeolvadásával keletkezett. Az RH gén a kacska-AdV-1-ben két, önálló kópiában található, míg a kérődzők AdV-aiban már négy vagy annál is több példányban. Befejezték egy további atadenovírus, a szarvasmarha-AdV-7 genomjának szekvenálását és elemzését is. Az egyedi fehérjékre alapozott filogenetikai

számítások mellett ezek a genom-szerveződési jellegzetességek a legjobb bizonyítékok arra, hogy a kérődzőkben és baromfiban megjelenő, jelentős gazdasági veszteségeket okozó atadenovírusok eredetileg a pikkelyes hullókkal fejlődtek, és később kerülhettek új gazdákra. Hosszabb genom-szakaszokat szekvenáltak egy új béka-, egy galamb-, egy német mókus-, valamint három nem-emberszabású majom-AdV-ből is. Filogenetikai számításokhoz használható géneket erősítettek fel és szekvenáltak egy új (elhullásokat okozó) pulyka-, valamint kacs- és néhány denevér-AdV-ből. Új AdV-okat mutattak ki (elsőként) félmajmokból, továbbá eddig nem vizsgált újvilági majom-fajok képviselőiből. A nyert adatokból a gerincesek adenovírusainak az evolúciójára (gazdával való koveolúció és gazdaváltások) vontak le következtetéseket.

Enterális vírusok kimutatása és molekuláris epidemiológiája

Különböző gazdafajokból származó rotavírus, astrovírus és picobirnavírus törzsek genomjának szekvenálását végezték el. Astrovírusok szerepét vizsgálták kutya és nyúl enterális kórképeiben. Több új picobirnavírus törzset azonosítottak laboratóriumi majmokban, lóban és sertésben; ezek némelyike szoros rokonsági fokot mutatott emberi törzsekkel. Hazai és nemzetközi együttműködésben vizsgálták lovak, sertések, szarvasmarhák, juhok, kecskék, kutyák, macskák rotavírusainak genetikai állományát. Elsőként vizsgáltak tevéből származó rotavírus törzs genomját, amelyben új NSP4 gén genotípusra (E15) bukkantak. Megfigyeléseket végeztek a humán rotavírus törzsek hazai előfordulására vonatkozóan; az azonosított törzsek neutralizációs antigénjeinek molekuláris vizsgálata több esetben állati törzsekkel való rokonságot mutatott. Az egyik intézeti kutató Lendület pályázatot nyert el.

Hal- és hulló-vírusok

Génsebészeti eljárással új típusú, DNS-vakcina jelöltet (génkifejező konstrukciót) állítottak elő olyan herpeszvírus ellen, amely fiatal lénai tokban elhullással járó betegséget okoz. Hullókból eddig ismeretlen parvovírusokat mutattak ki. Ezek közül egy vírust az ásógyíkban találtak, melyekből eddig még semmilyen vírust nem írtak le.

Alacsonyabrendű gerincesek kórokozóinak felderítésére irányuló vizsgálatok során egyetemi virológus kollégáikkal való kooperációban a világon elsőként mutattak ki hal circovírust (tenyésztett márna ivadékból és a Dunából származó kifejlett halakból). Két új márna circovírus genetikai jellemzése történt meg. A filogenetikai elemzés megállapította, hogy az újonnan kimutatott hal circovírus nem azonos az eddig vízből vagy vízi madarakból kimutatott vírusokkal. Vizsgálataikat kiterjesztve indiai halfajokban is sikerült circovírusokat kimutatniuk.

Kullancsencephalitis

Izoláltak egy magyarországi kullancsencephalitisz vírustörzset (KEV). Kielemezték az elmúlt 10 év Lyme borreliózissal és KEV fertőzéssel kapcsolatos adatait. Molekuláris módszerekkel kimutattak és elemezték egér bélsárból 1 új picornavírus, 2 astrovírus és 2 calicivírus törzset.

Marek-féle betegség (MB) vírusa

Egy, a MB ellen bevezetett tömeges vakcinázás előtti időben izolált MB vírus törzs (MD70/13-1; Gallid herpeszvírus 2) további jellemzését végezték el, hogy egy pulyka-herpeszvírus (HVT) alapú vektor vakcina hatékonysági vizsgálatára megfelelő ráfertőző MBV álljon rendelkezésre. A HVT vakcina jelenleg is komponense a heveny MB elleni leghatékonyabb bivalens vakcinának. Egyedül a HVT azonban nem nyújt megfelelő védelmet

a vad MBV ellen. Az MD70/13-2 vírust SPF csirkékben termelték, amelyikben idegen vírusokat (CIAV, REV és exogén ALV) nem lehetett kimutatni. A törzs-vírus termelésének végéig (D40) a beoltott csirkék 70%-ában az MB-re jellemző elváltozások alakultak ki. A vírusnak a szervezetben való elszaporodását és a vírusürítés dinamikáját szövettanilag végzett vírusizolálással, illetve az evezőtollakból izolált DNS mintából végzett PCR módszerrel követték nyomon. Az általuk előállított vírus csirkéken végzett hatékonysági vizsgálatra alkalmas.

Parvo- és koronavírus kutatások

A CpG metiláció szerepe a parvovírusok transzkripció és replikációs mechanizmusában nem ismert. A folyamatok feltáráshoz bizonyították, hogy a sertés parvovírus (PPV) genom egységes metilációs mintázatot mutat, attól függetlenül, hogy a vírust permisszív (PT) vagy szemi-permisszív (COS 7) sejtekből, vagy közvetlenül a gazdából izolálták-e. Szövettanilag végzett kísérletekkel igazolták, hogy sem a fenntartó, sem a *de novo* metilázok nem metilálják a replikáló PPV DNS-t annak ellenére, hogy jelen vannak a fertőzött sejtekben. Megállapították, hogy a PPV genom teljes *in vitro* metilációja gátolja a vírus replikációját.

A macska koronavírusok (FCoVs) két patotípusa, a FIPV (patogén) és a FECV (apatogén) a szövetspecifitásában is különbözik. Kísérleteik azt bizonyítják, hogy a FIPV szövetspecifitása a 3abc régió deléciójának megszüntetésével megváltoztatható és a FECV-hez hasonlóvá tehető, ami arra utal, hogy ez a régió főszerepet játszik a FECV - FIPV átalakulásban.

Bakteriológiai és mycoplasmatológiai kutatások

Pathogén és multirezistens *E. coli*

Meghatározták a T22 jelzésű *Escherichia coli* O157:H43 szerotípusú szarvasmarha eredetű törzs *cdtABC-V* operonját és határoló régióinak nukleotid összetételét. Összesen 32,2 kb-t szekvenálva megállapították, hogy a *cdt-V* operont tartalmazó régió a legnagyobb hasonlóságot az L-413C jelzésű P2-szerű fággal mutatja. A *cdt-V* operon a profág TO régiójában foglal helyet. A P2-szerű profág szekvenciájának G+C tartalma 54%, míg *cdt-V* operon G+C tartalma 43%. A *cdt-V* operont határoló jellegzetes génszakaszok jelenlétét PCR-rel vizsgálták, nyolc CDT-V-hordozó, egy-egy CDT-I, CDT-III és CDT-IV pozitív, továbbá nyolc CDT-negatív *E. coli* törzsből. A *cdt-V* operon környezetében lévő profág gének / orf-ek csak a CDT-V pozitív törzseket jellemzik. A *gpC* gént csak az atípusos *E. coli* O157 törzsek hordozzák, a *gpQ* egyik szakaszát pedig csak a T22 jelzésű törzssel azonos O157:H43 szerotípusú törzsekből mutatták ki. A T22 törzsből lítikus fágot nem sikerült izolálni. Újdonságot jelent, hogy az *E. coli* P2-szerű profágjainak TO régiójában eddig a CDT-V az egyetlen igazolt virulencia-faktor, mely eredményeik és az irodalmi adatok alapján ilyen genetikai környezetben fordul elő. A G+C %-beli eltérés arra utal, hogy a CDT-V beépülése a fágba viszonylag késői evolúciós esemény lehetett. A szekvencia adatok mellett a fágindukciós kísérletek sikertelensége azt mutatja, hogy ez a P2-szerű fág a T22 kromoszómába történt integrációját követően temperálódott. A különböző szerotípusú CDT-V-hordozó törzsek esetében a profág-szekvenciák eltérnek egymástól, jelezve, hogy a P2-szerű fágok adaptálódtak a különböző baktérium gazdákhöz.

A korábban azonosított és jellemzett extraintesztinális kórképekből származó 8 CDT-IV termelő baromfi eredetű *E. coli* törzsből kettő O53 és hat O115 szerocsoportúnak bizonyult.

Ezen szerocsoportú törzsek esetében CDT- termelésről nem számoltak be.

Az *E. coli* fajt reprezentáló referencia kollekción (ECOR) lizogén státuszát vizsgálták. Összesen 12 Sakai O157:H7 fág (SP) marker génjének monitorozását végezték el egy multiplex PCR-rel a 72 tagú kollekciónban. A törzsek 91,7%-ban (66/72) lizogénnek bizonyultak. Az ECOR törzsekben a hordozott Sakai "specifikus" profág marker gének száma 1 és 5 között változott. Fágindukciós kísérletek végezve összesen 15 ECOR törzsből izoláltak lítikus fágot. Transzmissziós elektronmikroszkóppal demonstrálták egy lítikus ECOR eredetű fágok propagáló baktériumhoz való tapadását és penetrációját.

Tekintettel a plazmidon kódolt kinolon rezisztencia (PMQR) állattartásban is egyre növekvő jelentőségére, a *qnrS1* plazmidon kódolt kinolon rezisztencia gén jelenlétét, egy romániai sertéstelep egészséges állataiból származó multirezisztens, kommenzalista *E. coli* törzsekben vizsgálták. Ezt követően jellemezték a *qnrS1* gén átviteléért felelős, további rezisztencia determinánsokat [*tet(A)*, *aadA1*, *strA*, *strB*, *bla_{TEM-1}*] is hordozó, közös nagy (≈ 70 kb) plazmidot. Eközben a *qnrS1*-pozitív *E. coli* törzsek három olyan MLST klónját (ST48, ST206, ST542) írták le, melyeket eddig elsősorban humán klónként ismertek, s előfordulásukról az állati-, vagy sertés eredetű törzsek között nem volt tudomásuk. Ezen vizsgálatokkal elsőként jellemezték *qnrS1* plazmidot sertés eredetű *E. coli* törzsekben, és számoltak be IncN replikon típusú *qnrS1* plazmidról háziállatokban, egyben elsőként jelezve a sertés eredetű *E. coli* törzsek plazmidon közvetített kinolon rezisztenciáját Európában. Megállapították továbbá, hogy az itt vizsgált *qnrS1* gén környezete, egy európai csirke eredetű *Salmonella* Infantisból izolált pINF5 plazmid kinolon rezisztencia régiójával $\geq 99\%$ -os hasonlóságot mutat. Összességében, eredményeik azt jelzik, hogy a *qnrS1* gének *E. coli* és *Salmonella* törzsek közötti átvitelével és ennek közegészségügyi vonzataival a jövőben komolyan számolnunk kell. Megállapították továbbá, hogy Európa egyes sertés-, és baromfi állományai az itt vizsgált *qnrS1* gén rezervoárjai lehetnek.

Bordetella kutatások

A *Bordetella bronchiseptica* motilitását hagyományos és molekuláris módszerekkel elemezték. A klasszikus mozgásképeség-vizsgálat során megállapították, hogy a különböző környezeti paraméterek (alacsonyabb hőmérséklet, $MgSO_4$) hatására a törzsek kevésbé voltak mozgékonyak, és – gazdafajtól függetlenül – valamennyi törzs hasonlóan viselkedett. Folytatták a flagellint kódoló *flaA* gén PCR-RFLP analízisét további törzsekkel, és megkezdték a főbb típusokat reprezentáló törzsek nukleotida sorrendjének meghatározását az adott génen. Kimutatták, hogy míg a terminális régiók konzervatívak, addig a középső szakasz hipervariábilis, az aminosav sorrendben 0-19% eltérést tapasztaltak. Megállapították, hogy a különböző gazdafajokból származó törzsek a vizsgált gén alapján filogenetikailag eltérő csoportokat alkotnak. Korongdiffúziós módszerrel elvégezték különböző gazdafajból és eltérő földrajzi területekről származó *B. bronchiseptica* törzsek antibiotikum rezisztencia vizsgálatát. Kimutatták, hogy a törzsek rezisztensek a cefalosporinokkal és a hagyományos penicillinekkal szemben, legnagyobb érzékenységet a tetraciklinekkel szemben tapasztalták. Szulfonamidok esetében nagy gátlási zónákat figyeltek meg a különböző törzseknél, viszont a hazai sertés eredetű törzsek ellenállónak bizonyultak szulfonamidokkal szemben.

Ornithobacterium rhinotracheale

Hazai vad- és házimadarak *O. rhinotracheale*-vel való fertőzöttségét vizsgálták. 125 mintából 10 törzset izoláltak, melyek eltérő faji és földrajzi eredetűek voltak. Az izolált törzsek

fenotipikus tulajdonságai hasonlóak voltak. A RAPD- és ERIC-PCR használata során kapott mintázatok bizonyos fokú összefüggést mutattak a törzsek faji és földrajzi eredetével. A Kirby-Bauer korongdiffúziós módszerrel végzett antibiotikum rezisztencia vizsgálat során minden törzs érzékeny volt ampicillinre, de nagyfokú rezisztenciát tapasztaltak több antibiotikummal (nalidixsav, polymixin B, sulfamethoxazol/trimethoprim) szemben. A vadmadarakból származó törzsek érzékenyebbnek bizonyultak, mint a házimadarakból izoláltak.

Pasteurella kutatások

Az elmúlt évek vizsgálatai rávilágítottak arra, hogy a *P. multocida* populáció, mind virulencia, mind gazdafaj adaptáció tekintetében elkülönülő törzscsoportokból (azonos őszklonális leszármazottai) épül fel. Az egyes törzscsoportok molekuláris elkülönítése és jellemzése a folyamatban lévő munkák fő célpontja. Ennek keretén belül, a fokozott antigenitás változatosságot eredményező gazda-pathogén kölcsönhatásban feltehetőleg meghatározó szerepet játszó, sejtfelszíni porin H fehérje génjének (*ompH*) REA vizsgálatát végezték el. Ennek során a 16 szerológiai típustörzsek hét elkülönülő csoportot (I-VII) alkottak. Az egyes *ompH* mintázati típusok megoszlása a magyarországi baromfi eredetű *P. multocida* törzsekben számottevő összefüggést mutatott a törzsek antigenitási és/vagy gazdafaji sajátjaival.

Zoonotikus baktériumok és Mycoplasma kutatások

A *Francisella tularensis* kutatások első része során feltárták a tularemia epidemiológiai jellemzőinek változását Magyarországon. A kutatások második fele pedig a *F. tularensis* és a *Francisella*-szerű endosymbionták hazai előfordulásának felmérésére, s a kimutatott baktériumok evolúciós kapcsolatának a meghatározására irányult. A *Brucella* kutatások keretén belül vizsgálták a *Brucella canis* gazdafajon belüli evolúcióját egy járvány során, valamint egy tenyészhajzó állomány *Brucella ovis*-fertőzöttségtől való mentesítését és az eset tudományos feldolgozását hajtották végre. Elvégezték a Q-láz előfordulásának felmérését Magyarországon a szarvasmarha és juh állományok, különböző tejtermékek és kullancs minták vizsgálata révén. Megkezdték egy hazai *Mycoplasma* törzsgyűjtemény bővítését, melynek során elsősorban *M. bovis* törzseket és libákból származó izolátumokat gyűjtöttek.

Halkórtani és ökológiai kutatások

A Balatonból, illetve a Dunából gyűjtött keszegféléken vizsgálták a *Myxobolus macrocapsularis* és a *M. bliccae* gazdaspecifitását klasszikus és molekuláris módszerekkel. A faj eredeti leírásában szereplő karikakeszegről (*Blicca bjoerkna*) gyűjtött minták megegyeztek a génbankban elhelyezett dévérkeszegről (*Abramis brama*) származó szekvenciával. Mindezek alapján igazolódott, hogy a *M. macrocapsularis* egyaránt lehet a parazitája mindkét halfajnak. Hasonlóképpen megegyezést mutattak a karikakeszegről (*Blicca bjoerkna*) és szilvaorrú keszegről (*Vimba vimba*) gyűjtött *M. bliccae* minták, így ebben az esetben is megállapítható, hogy a *M. bliccae* mindkét halfajt képes megfertőzni.

A Balaton és Kis-Balaton halain a nyálkaspórás élősködőkön végzett vizsgálatok alapján a nyálkaspórások fejlődését négy típusba sorolták: 1. Az év különböző szezonjaiban fejlődni képes fajok (*Myxobolus* spp. 1-es típus). 2. Myxospórákat csak tavasszal képző fajok (*Myxobolus* spp. 2-es típus). 3. Biannuális fejlődésű nyálkaspórások, melyek évente két generációt képeznek (*Sphaerospora*, *Thelohanellus* fajok). 4. Két évig fejlődő fajok (egy éves

nyálkaspóra és egy éves actinospóra fejlődés). Így fejlődik a süllő parazitája, a *Henneguya creplini*.

A magyarországi keszegféléken élő, morfológiailag egymáshoz hasonló *Myxobolus* fajok vizsgált DNS szekvenciái alapján megállapították, hogy a közeli rokon balinban és jászban egy *M. dujardini* fajra emlékeztető faj él, melyet *M. alvarezae* néven írtak le, míg a rendszertanilag távolabb lévő karikakeszegen élő hasonló morfológiájú fajnak a *M. sitjae* nevet adták. A *M. intimus* fajjal morfológiailag megegyező myxobolusok a leuciscida koncéron, balinon és jászban azonosnak bizonyultak, míg az abramida karikakeszegen DNS szerkezetükben eltértek, és mint *M. eirasianus* új fajként kerültek leírásra.

Befejezték vizsgálataikat a portugáliai folyókban élő ibériai márna és a dunai márna *Myxobolus*-parazitáit illetően. Megállapították, hogy a két halfajon morfológiailag 7 azonosnak látszó nyálkaspórák-faj élősöködik, 18S rDNS szerkezetükben azonban a morfológiailag azonosnak látszó fajok különböznek, ezért ezek valószínűleg a törzsfajlás során már elkülönült fajoknak tekintendők. A munka során a *M. cutanei* fajt revitalizálták, s a márnáról *M. branchilateralis* néven új fajt írtak le.

Revízió alá vették a génbankban elhelyezett *Myxobolus* szekvenciákat. Megállapították, hogy a korábban leírt fajok többségét a szekvenciákat a génbankba elhelyező kutatók egy része helytelenül azonosította, ezért azok téves adatokat tartalmaznak. Felhívták a figyelmet arra, hogy a fajok meghatározásánál a gazda-, szerv- és szöveti specificitást szigorúan figyelembe kell venni.

Halkokcidiumokon végzett molekuláris genetikai munkájuk azt bizonyítja, hogy a házi állatainkban jelentős betegségeket okozó *Eimeria* fajok halakban alakultak ki elsőként.

A halakon élősködő monogeneák a legjelentősebb kórokozók közé tartoznak. Ezek közül 9 *Dactylogyrus* fajt mutattak ki az európai pontyról. Ezek közül csak 3 volt korábban is tagja a ponty parazitafaunájának, a többi Távols-Keletről behurcolt faj.

Részt vettek a 2011 nyarán bekövetkezett balatoni harcsaelhullás okának tisztázásában. Azt a halak parazitás fertőzöttségével összhangba hozni nem tudták, ugyanakkor a befogott moribund halakból virológus munkatársaik egy circovírust tudtak kimutatni. Nem kizárható, hogy az ivarérett harcsa-példányokra korlátozódnó balatoni elhullás azonos az 50 évvel korábbi szegedi harcsavésszel.

Kooperációs munkában vizsgálták a természetes körülmények között a Sargasso-tengerben ívó európai angolna mesterségesen indukált oogenezisét édesvízben.

Befejezték a hazai pontyfélék gyakori élősködőjének a *Myxobolus pseudodispar* faj gazda-fajlagosságának kísérletes és molekuláris vizsgálatát kevésertéjű férgekben. Eredményeik bizonyítják a kevésertéjű féreg gazda-szelekciós hatását a parazita fejlődésére illetve a parazitózis prevalenciájára és intenzitására. A parazita fejlődésének kísérletes vizsgálatával azt is igazolták, hogy féreg gazda immunrendszerének sejtes elemei aktívan reagálnak a fertőzésre, ami magyarázhatja a különböző gazdafajok fogékonyságbeli különbségeit.

A tuniszi egyetem munkatársaival együttműködve részt vettek egy új tengeri nyálkaspórák

parazita faj, a *Ceratomyxa aegyptiaca* leírásában. A nyelvhal epehólyagjában fejlődő eddig nem ismert fajt morfológiai, szövettani és molekuláris módszerek segítségével jellemezték.

Cseh kutatókkal együttműködésben igazolták, hogy az ezüstkárász és az aranyhal vesecsatornáiban intenzív fertőzöttséget produkáló *Sphaerospora* egyazon fajhoz, a *S. angulata*-hoz tartozik. E faj mellett elvégezték a pontyok kopoltyúján fejlődő *S. molnari* és a pontyok úszóhólyag-gyulladását előidéző *S. renicola* molekuláris és filogenetikai jellemzését.

Új kutatási irányként megkezdték egy hazai és egy német halgazdaság sebes pisztráng tenyészállományának vizsgálatát. A projekt célja a különféle sebes pisztráng tenyészetek beltenyésztettségének és a kergekórt okozó *Myxobolus cerebralis* parazitára való fogékonyságának vizsgálata. A genetikailag jól elkülönült tenyészhalak szétválogatása után célzott szaporítással alakították ki a fertőzési kísérletre szánt utódcsoportokat.

II/b Párbeszéd a tudomány és a társadalom között

Az intézet jól felkészült kutatói gyakran kapnak telefonon vagy elektronikus levélben a lakosság számára érdekesnek vagy fenyegetőnek tartott kórokozókval kapcsolatos témákban kérdéseket. Sokszor csupán a sajtóban vagy más médiumokban nem egyértelműen megfogalmazott állítások tisztázására van szükség. Más esetekben a laikusok nem tudják, kihez kell bizonyos szakmai kérdésekben fordulni, és az Akadémia számára megtisztelő módon, elsőként annak kutatóintézetét keresik meg. A kutatók mindig készségesen állnak rendelkezésre a megfelelő információk biztosításával, vagy ha a téma kompetenciájukon kívül esik, az illetékesekhez való irányítással. Itt lehet megemlíteni a baromfi szalmonellózis elleni védekezést segítő szaktanácsadói (munkacsoporti) tevékenységet is, melyet az EU az intézet egyik tagjától 2011-ben is rendszeresen igényelt (EFSA BIOHAZ „Working Groups on a quantitative estimation of the public health impact of setting new target for the reduction of Salmonella in breeding flocks, in layers, and in broilers”). Ezen tudományos munkacsoporti véleményeket az EFSA publikálta, illetve EU parlamenti bizottságok és munkacsoportok rendelkezésére bocsátotta. A Magyar Országos Állatorvos Egyesület, mint civil szakmai szervezet egyik legaktívabb társasága a Baromfi-egészségügyi Társaság, melynek munkájában több intézeti munkatárs is aktívan vesz részt, és amely a társadalom baromfitenyésztésben érdekelt széles rétegeivel tart szakmai kapcsolatot.

Az intézet Halkórtani és Parazitológia témacsoportja által művelt ökológiai jellegű kutatások közérdeklődésre tarthatnak számot. Ezek során a korábbiakban pl. sikerült tisztázni az *Anguillicoloides crassus* fonálféreg szerepét a balatoni angolnael hullásokban. A halkórtani monitoring során 2011-ben került képbe az a szelektív harcsa-elhullás, amelyet először ismeretlen kórtanú betegséggént diagnosztizáltak. A begyűjtött anyag együttműködésben elvégzett részletes vizsgálata később feltárt egy, az elhullásban esetlegesen szerepet játszó eddig nem ismert vírus fajt.

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

III. A kutatóhely hazai és nemzetközi kapcsolatai 2011-ben

Az állati adenovírusok referencia központjának számító molekuláris és összehasonlító virológiai laboratórium együttműködik szlovén, svájci, brit, amerikai, német, orosz és spanyol kutatókkal. A berlini Robert Koch Intézet kutatóival németországi denevérek vírusait vizsgálják. Egy Japánba küldött fiatal, korábban Magyarországi kötőhártya-gyulladás járványból izolált adenovírus genomszekvenálását végezte el, és a témavezetők további közös főemlős-adenovírus kutatásokban egyeztek meg (Hokkaido University, Sapporo). Az Orosz Mezőgazdasági Akadémia, Összorosországi Állatorvosi Virologiai és Mikrobiológiai Kutatóintézet (Pokrov) kutatóival közös hal-herpeszvírus DNS-vakcina fejlesztésébe kezdtek, és az első vakcina-kipróbálások elindultak.

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

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

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

A Halkórtan és Parazitológia témacsoport szoros kapcsolatot ápol az University Malaysia Terengganu-val. Ennek keretében 2011-től egy maláj ösztöndíjas PhD hallgató kapcsolódott be a témacsoport munkájába. A témacsoport az University Porto parazitológusaival egy közös program keretében (IDASS Myx: Infection dynamic of Aquacultured Seabass and Seabream by Myxozoa) folytatott, az intenzíven tenyésztett tengeri süllő és tengeri dévér nyálkaspórák fertőzöttségeinek vizsgálatát célzó együttműködést alapozott meg.

A Halparazitológia témacsoportban egy német vendégkutató dolgozik a Humboldt Alapítvány Feodor Lynen posztdoktori ösztöndíjának támogatásával (Németország). Folyamatos szakmai kapcsolatban állnak a bécsi Állatorvos-tudományi Egyetem halegészségügyi részlegével (Ausztria). A pontyok úszóhólyag-gyulladását okozó *Sphaerospora renicola* parazita genetikai változékonyságának vizsgálatában együttműködnek a Ceske Budejovice-i Parazitológiai Intézet munkatársaival (Csehország). Együttműködtek a Tuniszi Egyetemmel, tengeri halfajok nyálkaspórák élősködőinek genetikai jellemzése témában. Ezenkívül 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; Laboratorius SYVA, León, Spanyolország; FATRO, Ozzano Emilia, Olaszország, melyektől 2011-ben is jelentős megbízásokat kaptak.

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). Nyolc kutató vezetett összesen 18 doktorandust (SZIE, ELTE, Pannon Egyetem, Kaposvári Egyetem). Egy kutató tagja a SZIE ÁOTK Doktori és Habilitációs Tanácsának. Doktori iskolában akkreditált törzstagok (6 fő): SZIE és Pannon Egyetem. Egy szlovén állatorvos az intézet kutatóitól kapott témában, intézeti technikai betanítással és konzultációkkal segítve végezte el PhD kutatómunkáját.

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

Bizottsági / szervezeti munka

Szerkesztőbizottságok: Acta Veterinaria Hungarica (főszerkesztő, 3 szerkesztő-bizottsági tag), Diseases of Aquatic Organisms, International Journal of Molecular Epidemiology and Genetics, Iranian Journal of Fisheries, ISRN Veterinary Science, Magyar Állatorvosok Lapja, The Scientific World Journal, Veterinary Medicine (Csehország), World Journal of Virology.

Hazai bizottságok: A Magyar Mikrobiológiai Társaság (2 vezetőségi tag); MTA bizottságok: az AKT Élettudományi Szakbizottsága (tag), Állatorvos-tudományi Bizottság (elnök és 3 tag), Zoonózis albizottság (elnök), Állatkísérleti Tudományos Bizottság (tag), Bolyai János Ösztöndíj Kuratórium Agrártudományi Szakkollégiuma (vezető); OTKA Élettudományi Kollégium és Agrár 2 szakzsűri (tagok), MOÁE Baromfi-egészségügyi Társaság (vezetőségi tag), Magyar Élelmiszer-biztonsági Hivatal, Biológiai Biztonság Szakbizottság (tag), Magyar Ösztöndíj Bizottság Agrártudományi Szakmai Kollégiuma (tag), Magyar Parazitológusok Társasága (2 elnökségi tag, főtítkár), MTA Hidrobiológiai Bizottság (tag), Magyar Országos Állatorvos Egyesület (elnökségi tag), Állatvédelmi Tanácsadó Testület (tag).

Nemzetközi bizottságok: Európai Állatorvosi Virologiai Társaság (ESVV, elnökségi tag), Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV, Magyarország képviselője), ICTV

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

IV. A 2011-ben elnyert fontosabb hazai és nemzetközi pályázatok rövid bemutatása

Egy kutató a Lendület program keretében támogatást kapott egy új kutatócsoport megalakítására. Öt új OTKA pályázatot nyertek 112 M Ft összértékben. Az EU források közül az EU-EPG (11,3 M Ft), a MedVetNet (18e EUR) és az EuroRotaNet (6 M Ft) programok biztosítottak kutatási támogatásokat. Egy EU FP7 keretprogramban elnyert, 149 700 EUR értékben támogatott kutatás 2012 év elején indul el. Ugyancsak EU FP7-es pályázatot nyertek el adenovírusok humán terápiás felhasználhatóságának kutatására (ADVance, Marie Curie Initial Training Network). A magyar fél támogatása 209.332 EUR. Az intézet a „MedVetNet Association” nemzetközi zoonózis kutatási egyesülés tagjaként folytathatta a sikeresen zárt EU FP6-os MedVetNet program kutatásait és az együttműködés bővítését. Egy csoport részvételt nyert az IDASS Myx: Infection Dynamic of Aquacultured Seabass and Seabream by Myxozoa portugál alapkutatási projektben.

V. A 2011-ben megjelent jelentősebb tudományos publikációk

1. Bányai K, Dandár E, Dorsey KK, Mató T, Palya V The genomic constellation of a novel avian orthoreovirus strain associated with runting-stunting syndrome in broilers. *Virus Genes* 42:(1) pp. 82-89 (2011)
2. Imre A, Olasz F, Nagy B Site-directed (IS30-FljA) transposon mutagenesis system to produce nonflagellated mutants of *Salmonella Enteritidis*. *FEMS Microbiol Lett* 317:(1) pp. 52-59. (2011)
3. Jánoska M, Vidovszky M, Molnár V, Liptovszky M, Harrach B, Benkő M Novel adenoviruses and herpesviruses detected in bats. *Vet J* 189:(1) pp. 118-121. (2011)
4. Marton S, Eszterbauer E The development of *Myxobolus pavlovskii* (Myxozoa: Myxobolidae) includes an echinactinomyxon-type actinospore. *Folia Parasit* 58 pp. 157-163. (2011)
5. Molnár K, Cech G, Székely Cs Histological and molecular studies of species of *Myxobolus* Bütschli, 1882 (Myxozoa: Myxosporea) in the gills of *Abramis*, *Blicca* and *Vimba* spp. (Cyprinidae), with the redescription of *M. macrocapsularis* Reuss, 1906 and *M. biccae* Donec & Tozzyakova, 1984. *Syst Parasitol* 79:(2) pp. 109-121. (2011)
6. Sellyei B, Wehmann E, Makrai L, Magyar T Evaluation of the Biolog system for the identification of certain closely related *Pasteurella* species. *Diagn Micr Infec Dis* 71:(1) pp. 6-11. (2011)