

AGRÁRTUDOMÁNYI KUTATÓKÖZPONT
ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI INTÉZET
1143 Budapest, Hungária krt. 21., 1581 Budapest, Pf. 18.
Tel: 467-4060, Fax: 467-4076
e-mail: magyar.tibor@agr.ar.mta.hu, honlap: www.vMRI.hu

I. A kutatóhely fő feladatai 2012-ben

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

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

II. A 2012-ben elért kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

II/a Kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

Virológiai kutatások

Adenovírus

Több, eddig ismeretlen majom- és félmajom-adenovírust azonosítottak. Befejezték egy nem-emberszabású óvilági majom-adenovírus teljes genomszekvenálását, és nagyobb genom-szakaszokat szekvenáltak egy újvilági majom-adenovírusból. Vizsgálták ezen új főemlős-adenovírusok filogenetikai és genom-szerveződési eltérését a humán adenovírusoktól (legnagyobb és legjellemzőbb különbségeket a korai hármass /E3/ genomrégióban találtak), és következtetéseket vontak le evolúciójukra.

Új hulló-adenovírusokat találtak. Felmérték a hazai galamb-állományokban előforduló adenovírusokat, annak tükrében is, hogy milyen más galamb-vírusokkal fordulnak elő közösen (szinte mindig kimutatható volt circovírusos és ritkábban herpeszvírusos társfertőzés). A leggyakrabban előforduló galamb-adenovírus genomjának több mint a felét szekvenálták. Jellemezték a hazánkban korábban izolált tyúk-adenovírusokat. Egerészölyvekben találtak nagyon különböző adenovírusokat. Denevérekéből mutattak ki új adenovírusokat és megerősítettnek látják korábbi elképzelésüket, hogy a kutyákat veszélyeztető, májgyulladás okozó adenovírus (kutya-adenovírus 1) valamint a lovak 1-es típusú adenovirusa is denevér-eredetű. Majdnem teljesen elkészült a nagyon erős kórokozó képességű 10-es típusú szarvasmarha-adenovírus genomszekvenálása.

Különféle hal- és hullóvírusok

Újabb hal-herpeszvírus előzetes molekuláris jellemzését végezték, és részleges eredményeket értek el hal-herpeszvírus DNS-vakcina jelöltekkel oroszországi immunizálási és ráfertőzési kísérletek során lénai tok tenyészetekben. Alacsonyabb-rendű gerincesek mintáiból mutattak ki parvo-, irido-, reo- és paramyxovírusokat, és részlegesen jellemezték ezeket. Beállítottak alacsonyabb hőmérsékleten szaporodó hal és hulló sejttenyészeteket, és hulló-reovírusokat izoláltak.

Vírusfertőzések molekuláris epidemiológiai vizsgálata és új vírusok felfedezése

Molekuláris módszerekkel jellemezték egy új hepatitis E vírust csirkében. Új reassortáns influenza törzset írtak le sertésben. Meghatározták egy ló herpeszvírus genomszekvenciáját. Folytatták a hal circovírusok elterjedésére vonatkozó vizsgálataikat. Hullókben új picornavírusokat és reovírusokat írtak le. Meghatározták egy-egy varjú, csirke és pulyka orthoreovírus törzs genomszekvenciáját. Megfigyeléseket végeztek a humán rotavírus törzsek hazai előfordulására vonatkozóan.

Parvo- és Nidovírus kutatások

Az általános nézet szerint a parvovírusok fehérjéi két fő nyitott leolvasási keretről (open reading frame – ORF) íródnak át. Azonban a *Parvovirinae* alcsalád minden nemzetségében kimutathatóak alternatív nemzetség-specifikus ORF-ek, amelyek közül a *Dependovirus* nemzetség tagjaiban található különösen hosszú. A libaparvovírus (GPV) genomban ez a hosszú ORF (long genus-specific ORF – LGORF) a 3016-3619 pozícióiban található. Az LGORF evolúciós konzerváltságára a legegyszerűbb magyarázat, hogy fehérjét kódol. Bakteriális expressziós vektorokkal expresszálták a hipotetikus fehérjét (LGORFP) és azzal csirkéket immunizáltak. Az immunizálás után az állatok vérsavóját felhasználva immunofluoreszcens vizsgálatokkal kimutatták, hogy az LGORF-ről valóban fehérje íródik le, amely a GPV-vel fertőzött sejtek magjában halmozódik fel. GPV-vel fertőzött liba savójának segítségével western blot kísérletekkel bizonyították, hogy a fertőzött állatokban ellenanyag található az LGORF kódolta fehérje ellen, ami arra utal, hogy a fehérje *in vivo* fertőzés során is leíródik. Szövettenyészetben PT sejteken végzett kísérletek arra mutatnak, hogy sem a fenntartó, sem a *de novo* metilázok nem metilálják a replikálódó PPV DNS-t. Az okokat vizsgálva bizonyították, hogy a PPV fertőzés nincs hatással sem a fenntartó, sem a *de novo* metilázok mRNS szintjére a sejtekben. Nem mutatható ki különbség az mRNS-ekről leíródo fehérjék szintjében és sejten belüli lokalizációjukban sem. Ezek az adatok azt sugallják, hogy a replikálódó PPV DNS nem szubsztrátja a DNS metilázoknak.

Bioinformatikai eszközökkel vizsgálták a sertés reprodukciós és légzőszervi szindrómáját

okozó vírus (PRRSV) ORF-jeit. Megállapították, hogy az ORF6 és az ORF7 alternatív leolvasási keretében található egy-egy viszonylag konzervatív ORF, amelyekről az mRNS6 esetén 18-38 aminosav közti, míg az mRNS7-ről egy 36-53 aminosav hosszúságú peptid íródhat át. A peptidek leíródását egy GFP fúziós fehérjén alapuló expressziós rendszert alkalmazva tanulmányozták. A vizsgálatok arra utalnak, hogy az ORF7-tel átfedő alternatív leolvasási keretről valóban fehérje íródik át.

Bakteriológiai kutatások

Salmonella kutatások

Salmonella kutatások terén nagyobb hangsúlyt kapott az antibiotikumokkal szembeni multirezisztencia (MDR) tulajdonságok genetikai analízise. Ez irányban folytatták a 2011-ben forráshiány miatt leállt *S. Infantis* kutatásokat, melyek eredményeként a hazai és más európai húscsirke állományokból származó *S. Infantis* törzseken befejezték és kiértékelték a molekuláris epidemiológiai vizsgálataikat, és elkezdték egy az ún. „broiler járvány” előtti (1994) és egy az alatti (2004) izolátum teljes genom szekvenciájának összehasonlító genomikai elemzését (utóbbit MBK, Gödöllő együttműködésben). Ezen vizsgálataik eredményeinek lényege, hogy a különböző európai országokban két nagy klón (A és/vagy B) terjedt el, és közülük a B klónt (mely hazánkra is jellemző) egy MDR plazmidon hordozott 1-es típusú integron és számos antibiotikum rezisztencia kazetta jellemzi. A teljes genomok összehasonlító bioinformatikai analízise folyamatban van. A továbbiakban hazai MDR *Salmonella* Typhimurium törzseken (MBK, Gödöllő együttműködés) végeztek *Salmonella* genomi sziget (SGI-1) deléciós kísérleteket, melyek során igazolták, hogy a mutások *in vitro* fenotípusa (sejtinvázió), valamint *in vivo* (naposcsibe és egér modell) patogenitása általában csökkent, melynek pontosabb okát további vizsgálatok lesznek hivatottak kideríteni. Bebizonyosodott, hogy az SGI-1 kivágódása és közben különböző új SGI-1 variánsok képződése – egyes helper plazmidok jelenlétében – jóval gyakoribb lehet, mint az a komplett deléciók alapján várható. Vagyis a helper plazmidoknak a SGI-1 evolúciójában és terjedésében komoly szerepe lehet.

E. coli kutatások

Multirezisztens kórokozó *E. coli* kutatások terén befejezték és publikálták a virulencia és rezisztencia *tet*(B) determinánsokat hordozó hazai ETEC plazmid (pTC) teljes szekvencia analízisét. Megállapították, hogy a pTC egy, az NR1 plazmiddal rokon közös ősből származhatott, és az antimikrobiális rezisztencia és sertés-enterotoxikus virulencia génjei segítségével jelentős szelekciós előnyhöz jutva terjedhetett el a sertés állományokban. Az antimikrobiális rezisztencia (AMR) és virulencia gének kapcsolódásának széleskörű (állat, ember és élelmiszer eredetű *E. coli* törzsekre terjedő) vizsgálatát a hazai, multirezisztens *E. coli* törzsek 62 AMR- és 69 virulencia génre kiterjedő PCR microarray analízisével végezték el. Számos érdekes részlettől eltekintve megállapítható volt, hogy az antimikrobiális rezisztencia determinánsoknak, valamint az esetenként velük kapcsolt virulencia géneknek a várható állat-humán irányú terjedésére és/vagy új pathotípusok megjelenésére utaló adatokat kaptak, de nyilvánvaló volt az is, hogy bizonyos klóramfenikol és aminoglikozid rezisztencia gének (pl. *catB-3*, *aac(6)-Ib*) humán specifikusak, és a humán terápiás beavatkozásokat tükrözik, míg más génekre a promiscuitás jellemző.

Atipikus *E. coli* O157 törzsek analízisének részeként klónozták és meghatározták a nukleotid összetételét az *lpf2-1* operonnak (*lpf2ABCD*) és határoló régióinak egy szarvasmarha eredetű

atípusos (intimin- és Shiga toxin-negatív) T22 jelzésű *E. coli* O157:H43 törzsben. A “long poláris fimbrák” (Lpf) jelentős virulencia faktorai lehetnek a pathogen *E. coli* törzseknek, hiszen a baktériumoknak a bélben való megtelepedését segítik. Szekvenciák ismeretében további hat atípusos O157 törzsben határozták meg az *lpf2-1* operon szekvenciáját. Ezen szarvasmarha *E. coli* O157 törzsek további 4 szerotípust reprezentáltak. Az *lpf2-1* operonokat a génbanki elhelyezése megtörtént. Az *E. coli* O157 törzsek *lpf* operonjainak és 13 *E. coli* referencia gyűjteményi (ECOR) törzs esetében is az *lpf* operonnak és határoló régiók nagyfokú konzerváltságát tapasztalták, polimorfizmust csupán négy nukleotid pozícióban azonosítottak. Az *lpf* operonok GC aránya 44%, míg a határoló régiók GC tartalma 52%, amely érték szinte az *E. coli* genom GC hányadosának felel meg. Ezen eredmények irodalmi adatokkal összhangban azt mutatják, a *lpf2-1* operon szero- és pathotípustól függetlenül genomi szigeten foglal helyet és horizontális gén transzferrel (HGT) adódhat át.

Pseudomonas aeruginosa

P. aeruginosa baktériumok, mint MDR ubiquiter, fakultatív kórokozók közül az eddig még nem jellemzett hazai egészséges állatokból származó bovin *P. aeruginosa* törzsek comparatív genom-analízisét végezték el. Eredményeiket az izolálás területét reprezentáló élővízes környezeti, valamint humán klinikai izolátumokkal vetették egybe. A PCR microarray vizsgálatok SNP valamint di-, és multiallél lókuszokra (*fliC*, *fpvA*) vonatkozó eredményei alapján, nemzetközi adatbázisokkal összehasonlítva több új (1 bovin, 10 környezeti, 5 humán) klónt határoztak meg. További újdonság: a bovin törzseket túlnyomóan a III-as típusú FpvA pyoverdín receptor (vaskötő virulencia fehérje), míg a humán- és környezeti izolátumokat az FpvA I jellemzi. A bovin törzsek genotípusa tehát a környezeti és humán klinikai törzsek genotípusától lényegesen különbözött, mely jelzi, hogy eredettől függő egyes csoportjaik, élőhely specifikusak.

Bordetella kutatások

Különböző gazdafajokból izolált *Bordetella bronchiseptica* törzsek virulencia faktorait kódoló génszakaszok szekvenálását és filogenetikai elemzését végezték el. Az adhézióért felelős fimbrin (*fimA*) gén 454 bázis hosszú szakaszán legfeljebb 3% eltérést tapasztaltak. A hemolízisért felelős *cyaA* gén (1175 bp) nukleotid szakaszán szintén 0,0-3,6%-os különbséget írtak le, és mindkét génnél két filogenetikai csoportba sorolták a törzseket. A csoportok gazdafaji függést nem mutattak. A magyar, kutya eredetű *B. bronchiseptica* törzseknél a *cyaA* gén hiányát, és a helyére beépült peptid transzport protein (*ptp*) gén szekvenciájának 100%-os megegyezését mutatták ki. A motilitásban szerepet játszó flagellin (*flaA*) génjét (1057 bp) 40 törzs esetében vizsgálták. A génszakasz közbülső része hipervariábilis, és ez a változatosság (0,0-14,6%) mind nukleotid-, mind aminosav szinten megjelent. A filogenetikai vizsgálatok során négy csoportot mutattak ki, melyeknél fellelhetőek a gazdához való adaptáció jegyei. Az első csoportba főleg nyúl, kutya és ló eredetű törzsek kerültek, a második csoportba a humán izolátumok és két, a PCR-RFLP vizsgálat során egyedi hasítási mintázattal rendelkező törzs kapott helyet. A sertésből izolált törzsek 85%-a a harmadik csoportba került, míg a negyedik csoportba humán, macska és tengerimalac eredetű törzseket találtak.

Pasteurella kutatások

Az elmúlt évben a *Pasteurella multocida* témakörében két területen folytak vizsgálatok: 1, megtörtént a szarvasmarha eredetű törzsek széleskörű fenotípusos jellemzése; 2, megkezdődött a baromfi eredetű törzsek adhézióban szerepet játszó feltételezett virulencia géneinek vizsgálata. A *P. multocida* szarvasmarhákban főként a légzőszervi komplex

betegség-együttesben (BRD) játszik szerepet, de másodlagos tényezője lehet egyéb, tőgygyulladás, vetéléssel járó kórképeknek is. A vegyes, főként légzőszervi, diagnosztikai háttérből származó törzsek (39) közt korlátozott diverzitású szerológiai (A:3(4) 72%) és mérsékelt változatosságot mutató biokémiai jellegek (8 biotípus) mellett a molekuláris vizsgálatok (ERIC-PCR, M13 ujjlenyomat-PCR) egyedi sajátosságokkal jellemezhető alpopulációkat azonosítottak, melyek megbetegedésekben játszott szerepének tisztázására további vizsgálatok szükségesek. Az akut és krónikus baromfikolerát okozó törzsek virulencia készletének összevetése érdekében kimutatásra kerültek a bakteriális adhézióban szerepet játszó feltételezett virulencia gének (*fimA*, *hsf1*, *hsf2*, *tadD*, *pflA*, *ptfA*) a vizsgálati populációban. A diagnosztikai adatokkal, a jellegzetes *ptfA* alléltípus mellett, a *tadD* gén előfordulása mutatott figyelemre méltó összefüggést, így megkezdték a Tad (tigh adherence) szekréción rendszer többi elemét (is) kódoló régió részletes szekvencia vizsgálatát.

Ornithobacterium rhinotracheale

Hazai vad- és házimadarak *O. rhinotracheale*-vel való fertőzöttségét vizsgálták. 67 mintából 5 eltérő faji és földrajzi eredetűek törzset izoláltak, melyek fenotipikus tulajdonságai hasonlóak voltak, míg a RAPD- és ERIC-PCR használatával kapott mintázatok bizonyos fokú összefüggést mutattak a gazdafaji és földrajzi eredettel. A törzsek érzékenyek voltak ampicillinre, amoxicillinre, doxiciklinre és oxitetraciklinre, de nagyfokú rezisztenciát mutattak nalidixsavra, polymixin B-re, sulfamethoxazol/trimethoprimre).

Zoonótikus baktériumok és *Mycoplasma* kutatások

Mezei nyulakból és huszármajomból izolált *Francisella tularensis* baktérium törzsek *in vitro* antibiotikum érzékenységét vizsgálták különböző, a terápiában jelenleg is használatos, illetve a jövőben használatba vehető antibiotikumokkal szemben. Vándormadarakról gyűjtött kullancsokat vizsgáltak real-time és hagyományos PCR rendszerekkel különböző zoonótikus baktériumok jelenlétére. Ennek eredményeképp sikerrel mutattak ki *Borrelia burgdorferi* s.l., *Anaplasma phagocytophilum*, valamint különböző *Rickettsia* fajokat és egy új *Francisella*-szerű endoszimbiontát, bizonyítva a vándormadarak közvetett szerepét a különböző zoonótikus fertőzések terjesztésében. Másrészt a Q-láz kórokozójára végzett real-time PCR vizsgálat negatív eredménye azt mutatja, hogy az adott területen ezek a vándormadarak és/vagy kullancsaik nem fenntartó gazdái a *Coxiella burnetii* baktériumnak. Denevérekről származó külső élősködőkben *Rickettsia helvetica*, *Wolbachia* endoszimbionta és a *Bartonella* nemzetségbe tartozó baktériumokat mutattak ki, míg a *Borrelia burgdorferi* s.l., *Francisella tularensis*, *Coxiella burnetii*, haemoplasmák és *Anaplasma phagocytophilum* jelenlétére végzett PCR vizsgálatok negatív eredménnyel zárultak. A 2011-ben végzett tenyészjuh-állomány *Brucella ovis*-fertőzöttségtől való mentesítése során atipikus *B. ovis* törzset izoláltak. Különböző bakteriológiai és molekuláris biológiai vizsgálatokkal kiderítették, hogy a *B. ovis* törzs atipikus megjelenése egy, a virulenciáért felelős fehérje gén (*omp31*) szekvenciájába beékelődő IS711-es szakasznak köszönhető, ami az *omp31* gén inaktiválódását okozta. Mezei nyulakból származó mintákból mutatták ki a krími-kongói vérzéses láz vírusát. Létrehozta egy, a jövőbeni vizsgálatok alapjául szolgáló *Mycoplasma bovis* törzsgyűjteményt.

Halkórtani és ökológiai kutatások

Tanulmányozták a hazai invazív halfajok parazitás fertőzöttségeit. A naphal, a törpeharcsa, a kínai razbóra az eredeti biotópról csupán néhány specifikus parazitát hozott magával, melyek

az őshonos állományra nem jelentenek veszélyt. A betelepült géb fajok kevés élősködőt hoztak magukkal, viszont néhány honos élősködővel erősen fertőzötté váltak, így felerősítették ezen élősködők őshonos halfajokban való elszaporodásának veszélyét. A dunai gébfajokban pl. a *Pomphorhynchus laevis* lárvastádiumai nagy számban fordulnak elő, és ez a márna és balin állomány egyébként is intenzív fertőzöttségét növeli. A balatoni gébekben kialakult intenzív ligula fertőzöttség a dévérkeszeg állományt veszélyezteti. Megjelent a Balaton vízrendszerében az amuri géb, melynek specifikus parazitái közül ez ideig csupán egy *Goussia* fajt tudtak kimutatni. Vizsgálatokat végeztek balatoni puhatestűekben élősködő mótelylárvaikon. A különböző genusokba tartozó csigákból számos cercáriát mutattak ki, melyeket molekuláris módszerekkel négy mótely-faj esetében a ragadozó halakban és vízi madarakban élő imágókkal azonosítottak. A süllő belében élősködő *Bucephalus polymorphus* cercáriáit és korai fejlődési alakjait *Dreissena polymorpha* és a Balatonban újonnan meghonosodott *D. bugensis* nevű vándorkagylókban is megtalálták. A kormorán balatoni elterjedését jól illusztrálja az ebben élősködő fonálféreg és egy galandféreg gyakori előfordulása halakban. Gyakorlatilag valamennyi dévérkeszeg belének savóshártyáján megtelepedtek a *Contracoecum* fajok lárvái, valamint a *Paradilepis scolecina* nevű galandféreg cysticercusai. A kormoránélősködő *Paryphostomum radiatum* mótely metacercáriáit eddig Magyarországon nem tudták kimutatni. Most megállapították, hogy ezek valamennyi pontyféléből nagyszámban izolálhatók, ha azokat eddig ismeretlen lokációban, a pikkelyeken elhelyezkedő középvonal érzőszervében keresik. Folyamatosan vizsgálták a balatoni kevéssertéjű férgek nyálkaspórák fertőzöttségeit. Az izolált aktinospórák 18S rDNS szekvenciája alapján új aktinospóra-típusokat izoláltak, illetve több esetben azonosították azokat a halakban élősködő nyálkaspórák fajok myxospóráival (*Myxobolus pseudodispar*, *M. erythrophthalmi*, *M. shaharomae*, *M. fundamentalis*). Malajziai természetes vizekből gyűjtött két halfajból (*Tor tambroides* és *Ophiocara porocephala*) két új nyálkaspórák fajt izoláltak (*Myxidium* sp. and *Myxobolus* sp.), a fajok morfológiai jellemzése és 18S rDNS szekvenciájuk meghatározása megtörtént.

Megkezdtek a halak fekélyes bőrgyulladásából izolált *Aeromonas* sp. törzsek gyűjtését és optimalizáltak egy HSP60 jelű hősokk-proteint kódoló gént kimutató, az izolátumok fajsztípus azonosítására alkalmas PCR reakciót, mivel az *Aeromonas* sp. törzsek megbízható fajsztípusú identifikálása biokémiai reakciókkal nem lehetséges.

Folytatták a különféle sebes pisztráng állományok és utódaik beltenyészetttségének vizsgálatát genetikai markerek segítségével. A célzott szaporítással létrehozott utódcsoportok *Myxobolus cerebralis* parazitára való fogékonyságát vizsgálták *in vivo* kísérleti rendszerben. Az AFLP és mikroszatellit markerek segítségével elkülönített beltenyészett és nem-beltenyészett csoportok mellett a Lillafüredi Pisztrángtelep sebes pisztráng állományát is bevonták a kísérletes vizsgálatokba, melyek még folyamatban vannak (német-magyar együttműködési projekt). Egy tunéziai kutatócsoporttal együttműködve további földközi-tengeri halfajok parazita fertőzöttségét vizsgálták. Új nyálkaspórák halélősködőt, a *Zschokkella soleae*-t írták le nyelvhal (*Solea solea*) ephólyagjából. A parazita szezonális előfordulásának elemzése mellett filogenetikai és szövettani vizsgálatokat is végeztek. Több különböző hazai élőhely ezüstkárász populációjának parazita fertőzöttségét vizsgálták. Eddigi eredményeik azt mutatják, hogy az invazív ezüstkárász, ami több őshonos hazai halfaj (széleskárász, compó) életterét veszélyezteti, *Dactylogyrus* spp. okozta kopoltyúférgesség és egyszertű paraziták előfordulása tekintetében élőhelyi és szezonális különbségeket mutat. Cseh kutatókkal együttműködve megkezdtek a hazai ponty állományokban gyakori *Sphaerospora*

*dykova*e okozta úszóhólyaggyulladás kórtanának genetikai és kísérletes vizsgálatát.

II/b Párbeszéd a tudomány és a társadalom között

Az intézet kutatói gyakran kapnak a lakosság számára érdekesnek vagy éppen fenyegetőnek tartott kórokozókkal kapcsolatos 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 2012-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, ugyanis a természetes vizekben, így legnagyobb vizünkben, a Balatonban előforduló halpusztulások a lakosság számára is szembeötlenek. A tudomány képviselői a természetes vizeinket szerető réteg számára sok esetben adhatnak magyarázatot a történésekre. Az ilyen jellegű esetek közé tartozik az *Anguillicoloides crassus* fonálféreg szerepének tisztázása az 1990-es években történt balatoni angolna-elhullásokban. Az ívási időszakban a balatoni dévérkeszeg állományban évente jelentkező, a horgászok által is jól látható, pikkelytasakokban jelentkező gyulladások és a 2008-ban bekövetkező szelektív dévérkeszeg ivadék elhullás *Tracheliastes maculatus* rákparazita-etiológiájára is a kutatók hívták fel a figyelmet. A 2012 nyarán a Keszthelyi-öbölben bekövetkezett látványos amuri kagyló elhullás veszélyére is időben figyelmeztettek a kutatók a hírcsatornákon keresztül, ugyanis tavasszal az adott területen intenzív kagyló atka parazita-fertőzést detektáltak.

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 2012-ben

Az állati adenovírusok referencia központjának számító molekuláris és összehasonlító virológiai laboratórium együttműködik szlovén, horvát, svájci, brit, amerikai, német, orosz és spanyol kutatókkal. 2012-ben brazil kutatókkal kezdtek új együttműködést. A berlini Robert Koch Intézet kutatóival németországi denevérek vírusait vizsgálják. Az Orosz Mezőgazdasági Akadémia, Összoroszországi Állatorvosi Virologiai és Mikrobiológiai Kutatóintézet (Pokrov)

kutatóival közös hal-herpeszvírus DNS-vakcina fejlesztések és az első vakcina-kipróbálások folytak.

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 enterális virológiával foglalkozó kutatók rotavírusok molekuláris epidemiológiája és összehasonlító genomvizsgálata témakörben több évre visszanyúló kapcsolatokat ápolnak a belgiumi Katholieke Universiteit (Leuven), az olaszországi Università degli Studi di Bari (Bari) és az USA-beli Centers for Disease Control and Prevention (Atlanta, GA) munkatársaival. Az elmúlt évben is tucatnyi rotavírus törzs genomját határozták meg és elemezték közösen.

Enterális bakteriológia és alimentáris zoonózis csoport több sikeres kollaborációt is folytatott: 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 egyik tagja az Erasmus program keretében 3 hónapot töltött a Cseh Tudományos Akadémia Mikrobiológiai Intézetében. A sertés légzőszervi komplex kutatását célzó közös vizsgálatokat végeztek a Kaposvári Egyetemen. A Zoonótikus bakteriológia és Mycoplasmatológia csoportot megalapító kollégák több évre visszamenő kapcsolatot tartanak fenn a Northern Arizona University (USA) kutatóival, kórokozó baktériumok molekuláris járványtana témakörben, valamint filogenetikai vizsgálatok során szorosan együttműködnek a kassai University of Veterinary Medicine and Pharmacy munkatársaival.

A Halkórtan és Parazitológia témacsoport szoros kapcsolatot ápol az University Malaysia Terengganu-val, melynek keretében 2011-től egy maláj ösztöndíjas PhD hallgató végzi munkáját a témacsoportban, a hazai és malajziai nyálkaspórák kutatásokban. Az University Porto parazitológusaival egy közös program keretében (IDASS Myx: Infection dynamic of Aquacultured Seabass and Seabream by Myxozoa) az intenzíven tenyésztett tengeri süllő és tengeri dévér nyálkaspórák fertőzöttségeinek vizsgálatát célzó együttműködés folytatódott. A kínai Wuhan Egyetem halkórtanos szakembereivel 2012 őszén indultak meg a közös nyálkaspórák-kutatások.

A pontyok úszóhólyag-gyulladását okozó *Sphaerospora dykoveae* parazita genetikai változékonyságának vizsgálatában együttműködnek a Ceske Budejovice-i Parazitológiai Intézet munkatársaival (Csehország). Együttműködnek a Tuniszi Egyetemen, tengeri halfajok nyálkaspórák élősködőinek genetikai jellemzése témában. Ezenkívül a sebes pisztrángok beltenyésztettségét és parazitás betegségre 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, SE Orvosi Mikrobiológiai Intézet, SE Egészségtudományi Kar, Epidemiológiai Intézet). Nyolc kutató vezetett összesen 18 doktorandust (SZIE, ELTE, Pannon Egyetem, Kaposvári Egyetem). Egy kutató tagja a SZIE ÁOTK Doktori és Habilitációs Tanácsának. Doktori iskolákban akkreditált törzstagok (6 fő): SZIE és Pannon Egyetem. Egy szlovén állatorvos az intézet kutatóitól kapott témában, intézeti technikai betanítással és konzultációkkal segítve, PhD fokozatot szerzett.

További jelentős együttműködő intézmények: SZIE Állatorvos-tudományi Kar; Debreceni Egyetem; NÉBIH ÁDI; Országos Epidemiológiai Központ; Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont; Pannon Egyetem Georgikon Kara; Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar; OEK Bakteriológia I, Szent László Kórház; Magyar Természettudományi Múzeum; ELTE TTK; MTA ÖK Balatoni Limnológiai Intézet, Halászati és Öntözési Kutatóintézet (HAKI), és Magyar Akvakultúra Szövetség (MASZ), Szarvas. *Ausztria:* Univ. Vet. Med., Bécs, *Csehország:* Inst. of Parasitology, Ceske Budejovice; *Brazília:* Univ. Sao Paulo; *Franciaország:* Univ. Toulouse; AFSSA, Ploufragan; *Hollandia:* Univ. Leiden; *Nagy-Britannia:* Univ. Nottingham; *Németország:* Univ. Hohenheim, Stuttgart; *Olaszország:* Univ. Ferrara; *Szlovénia:* Univ. Ljubljana; *Svájc:* Univ. Zürich; *USA:* USDA Beltsville Agricultural Research Center, MD; Oregon State University; Univ. 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. Infection, Genetics and Evolution, Virology Discovery, Halászat (szerkesztő-bizottsági tag)

Hazai bizottságok: A Magyar Mikrobiológiai Társaság (2 vezetőségi tag); MTA bizottságok: 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 Agrár 2 szakzsűri (tag), 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, főtktár), MTA Hidrobiológiai Bizottság (tag), HAKI Halászati Tudományos Tanács (tag), Magyar Országos Állatorvos Egyesület (elnökségi tag), Állatvédelmi Tanácsadó Testület (tag) Bioinformatikai Állandó Osztályközi Bizottság (alelnök), Magyar Felsőoktatási Akkreditációs Bizottság Agrártudományi Bizottsága, tag; Vidékfejlesztési Minisztérium, Géntechnológiai 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 2012-ben elnyert fontosabb hazai és nemzetközi pályázatok rövid bemutatása

Egy kutató a Lendület program keretében támogatást kapott egy új kutatócsoport megalakítására és egy BSL3 biztonsági szintű laboratórium kiépítésére (203 M Ft). Négy új OTKA pályázatot nyertek 78 M Ft összértékben. EU FP7-es pályázatot nyertek el adenovírusok humán terápiás felhasználhatóságának kutatására (AD-VEC). A magyar fél támogatása 253.970 EUR.

V. A 2012-ben megjelent jelentősebb tudományos publikációk

1. Bányai K, Tóth ÁGy, Ivanics É, Glávits R, Szentpáli-Gavallér K, Dán Á Putative new genotype of avian hepatitis E virus, Hungary. *Emerg Infect Dis* 18 pp. 1365-1368 (2012)
2. Egyed, L, Élő P, Sréter-Lancz Zs, Széll Z, Balogh Zs, Sréter T Seasonal activity and tick-borne pathogen infection rates of Ixodes ricinus ticks in Hungary. *Ticks and tick-borne diseases* 3 pp. 90-94 (2012)
3. Gyuranecz M, Reiczigel J, Krisztalovics K, Monse L, Kükedi Szabóné G, Szilágyi A et al. (11) Factors Influencing Emergence of Tularemia, Hungary, 1984–2010. *Emerg Infect Dis* 18 pp. 1379-1381 (2012)
4. Kaján GL, Davison AJ, Palya V, Harrach B, Benkő M Genome sequence of a waterfowl aviadenovirus, goose adenovirus 4. *J Gen Virol* 93 pp. 2457-2465 (2012)
5. Molnár K, Eszterbauer E, Marton Sz, Székely Cs, Eiras JC Comparison of the Myxobolus fauna of common barbel from Hungary and Iberian barbel from Portugal. *Diseases of Aquatic Organisms* 100 (3) pp. 231-248 (2012)
6. Szmolka A, Anjum FM, La Ragione MR, Kaszanyitzky JÉ, Nagy B Microarray based comparative genotyping of gentamicin resistant Escherichia coli strains from food animals and humans. *Vet Microbiol* 156 110-118 (2012)