

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 2013-ban

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 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 felmérése, kórtani szempontból fontos halparaziták gazdára gyakorolt hatásának megismerése, valamint a nyálkaspórák élősködők és coccidiumok fejlődésének, kórtanának és változatosságának kísérletes és molekuláris vizsgálata.

II. A 2013-ban elért kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

II/a Kiemelkedő kutatási és más jellegű eredmények

Virológiai kutatások

Adenovírus

Sikerrel befejezték az erősen kórokozó bovin adenovírus 10 (BAdV-10) és két újabb nem-emberszabású majom-AdV teljes genom-szekvenálását és a szekvenciák átfogó bioinformatikai elemzését. Segítettek a bécsi állatorvosi egyetemen új generációs szekvenálással (NGS) nyert tyúk- és pulyka-adenovírusok genomjainak értelmezésében, a még hiányzó részek azonosításában és a molekuláris eredmények közzétételében. A pulyka-AdV-ek egyike, egy angliai izolátum váratlanul szinte teljesen megegyezett egy hazai izolátummal, melynek az intézetben folyt a szekvenálása hagyományos módszerrel, így három pulyka-AdV

(észak-írországi, angliai és magyar) molekuláris vizsgálatát együtt közölték. Egy új, teknős-eredetű AdV genus megalapítására tettek javaslatot. Spanyol együttműködésben állati adenovírusok receptorkötő fehérjéjének (fiber) térszerkezeti vizsgálatát kezdték meg. A fiber-géneket bakteriális kifejező vektorba építették, nagy mennyiségben előállították, és röntgenkrisztallográfiával elemezték. Dél-amerikai vadmadaraktól, európai és afrikai denevérekből eddig ismeretlen AdV-okat mutattak ki és jellemezték.

Európai egyetemekkel és vállalkozásokkal humán terápiás célú adenovírus-vektor fejlesztési és kutatási munkákat kezdtek, részben egy horvát kezdő kutató szakmai képzésén keresztül, valamint állati adenovírusokon alapuló vektorok előállításában való részvétellel. A résztvevő nyugat-európai intézmények munkájához a hazai intézet biztosítja az állati AdV-okkal kapcsolatos tudásbázist.

Különféle hal- és hüllővírusok

Eddig ismeretlen herpesz- és circovírusokat mutattak ki és jellemezték több halfajból. A világon először kételtüben (békákban) is találtak circovírust. A legkevésbé ismert pikkelyes hüllőkben (ásógyíkokban) a világon elsőként mutattak ki vírust, egy parvovírust.

Vírusfertőzések molekuláris epidemiológiai vizsgálata és új vírusok felfedezése

Az új kórokozók felderítése Lendület kutatócsoport munkatársai sejtzárványos betegségben elhullott óriáskígyóból új arenavírust mutattak ki vírusmetagenomikai módszerekkel. Meghatározták 6 hüllő reovírus és 4 picornavírus genomszekvenciáját. Elemezték egy szamár herpeszvírus és egy pulyka poxvírus genomszerkezetét. Ranavírusokat jellemezték tömeges halpusztulás eseteiből. Epidemiológiai szűrővizsgálatokat végeztek kutyák hasmenéses bélsármintáin; egy esetben új astrovírust mutattak ki. Meghatározták 10 csirke, 3 pulyka, 2 kacska és 1 liba orthoreovírus törzs genomszekvenciáját. További megfigyeléseket végeztek a humán rotavírus törzsek hazai előfordulására vonatkozóan; e vizsgálatok keretein belül megszekvenáltak közel kétszáz rotavírus genomot.

Parvo- és Nidovírus kutatások

A liba parvovírus (GPV) genomjában egy hosszú alternatív ORF (long genus-specific ORF – LGORF) található a 3016-3619 pozícióiban. *In vitro* IF kísérletek megmutatták, hogy a VP2 mRNS LGORF-jéről fehérje transzlálódik CRPIX sejtekben. A VP1 mRNS LGORF-jéről nem tudtak kimutatni fehérje leíródást, ami arra utal, hogy az LGP fehérje transzlációja a VP2 fehérje leíródásához kapcsolt és a VP1 fehérje start kodonjának fehérje transzlációt iniciáló funkciója gátolja az LGP fehérje iniciációját. Western blot kísérletek alátámasztották az IF kísérletekben tapasztaltakat. A Western blot kísérletekben az LGP méretét 42 kDa-ban határozták meg, ami arra utal, hogy a fehérje transzláció után modifikálódik. Bioinformatikai eszközökkel vizsgálták a parvovírusok a GC tartalmát és a CpG dinukleotidok arányát és eloszlását. Megállapították, hogy a genom összetétel alapján a parvovírusok 3 fő csoportba sorolhatóak (AT gazdag genom kis CpG tartalom, AT gazdag genom nagy CpG tartalom, GC gazdag genom nagy CpG tartalom). A PPV az első csoporthoz tartozik. Az SNP analízis kimutatta, hogy a CpG dinukleotidok a legmutábilisabbak a PPV DNS-ében, míg 29 új CpG bevezetése a genomba nem gátolta a PPV replikációját *in vitro*. Ezek és más adatok arra utalnak, hogy inkább a mutációs nyomás mintsem szelekció a közvetlen oka a CpG alacsony szintjének a PPV-ben.

Biokémiai eszközökkel vizsgálták a sertés reprodukciós és légzőszervi szindrómáját okozó vírus (PRRSV) ORF6 és az ORF7 alternatív leolvasási keretéről leíródo peptidek

tulajdonságait. Mindkét peptid rendelkezik fehérje és nukleinsav kötő képességgel, ami a peptidok fontos biológiai funkciójára utal. Állatkísérletek során kiderült, hogy a macskák fertőző hashártyagyulladás okozó FIPV FIPV fertőzés során jelentős különbségek vannak az SPF és a konvencionálisan tartott macskák immunválasza között, ami arra utal, hogy más patogénnel való előzetes találkozás jelentősen módosíthatja a vakcinázások és FIPV fertőzések kimenetelét a gazdaállatokban.

Bakteriológiai kutatások

Enterális bakteriológiai kutatások

Pathogén *E. coli* kutatások terén, elsőként határozták meg a cdt-V operont hordozó P2-szerű profág teljes nukleotid szekvenciáját egy atípusos *E. coli* O157:H43 szerotípusú törzsből. Eredményeik azt mutatják, hogy a cdt-V operon, hasonlóan e törzs korábban jellemzett lpf2 operonjához, valószínűleg horizontális géntranszfer révén terjedt el a hordozó törzsek közt. Meghatározták a T22 jelzésű *E. coli* O157:H43 törzs teljes draft genom szekvenciáját. Eredményeik szerint az *E. coli* O157:H43 törzsek új evolúciós állomást jelenthetnek az O157 szerocsoportbeli *E. coli* törzsek közt, és virulenciagének rezervoárjaként szolgálhatnak mind a patogén, mind a kommenzalista *E. coli* törzsek evolúciójában. Elhelyezték a P2-szerű profág és a T22 jelzésű *E. coli* O157:H43 törzs genom szekvenciáját a GenBank-ban. Egy nemzetközi ún. „virulotype fingerprinting” összehasonlító vizsgálatuk legfrissebb eredményei szerint, a fenti O157:H43-as törzset is magába foglaló, hazai bovin eredetű O157-es szerocsoportú *E. coli* izolátumaik a humán egészségügyi szempontból alacsony kockázatot képviselő sepro-patho-típusba (SPT) tartoznak.

Azonosították egy Shiga toxin (Stx1) termelő multirezisztens *Shigella sonnei* törzset és elsőként számoltak be a cdtB-III/V gén *S. flexneri*-ben való előfordulásáról.

Salmonella kutatások tárgyevi eredményei között kiemelendő a hazai húscsirke állományokban korábban honos *S. infantis* (A klón) és újabban elterjedt (B klón) egy-egy képviselőjének genomszekvencia analízise, melynek eddigi eredménye szerint a törzsek egyéb *Salmonella* szerotípus képviselőkkel 80-95%-os hasonlóságot mutatnak, s a B klón egy 278 kb-os plazmidot tartalmaz, melynek a klónra jellemző multirezisztenciában jelentős szerepe lehet (MBK együttműködés). A két genomnak, evolúciós modelljükhöz szükséges, külföldi *Salmonella* genomokkal való összehasonlító bioinformatikai analízise folyamatban van.

Bordetella kutatások

Humán eredetű *Bordetella bronchiseptica* törzsek összehasonlítását végezték el, PCR-RFLP és szekvencia elemzések segítségével három különböző génszakaszon. Megállapították, hogy míg a fimbriát kódoló génszakaszon a humán eredetű törzsek PCR-RFLP-vel egységesek, addig nukleotid és aminosav sorrendjükben 0,0-2,9%-ban különböznek egymástól és filogenetika elemzésekkel két elkülönülő ágon helyezkednek el a törzsfán. A flagellint kódoló génszakasz PCR-RFLP elemzése öt típusba sorolta a humán eredetű törzseket. Nukleinsav szinten 0,0-13,8% különbség volt kimutatható a törzsek között, míg származtatott aminosav szinten ez az érték 0,0-19,6% között alakult és a törzsek három, jól elkülönülő filogenetikai csoportba voltak sorolhatók. Az adenilát-cikláz hemolizin toxint kódoló génszakaszon PCR-RFLP-el 3 különböző típus jelenlétét igazolták. A törzsek közötti eltérés nukleinsav szinten 0,0-3,8%, míg származtatott aminosav szinten 0,0-4,9% között volt kimutatható, továbbá a szekvencia adatokból származtatott filogenetikai fán a humán eredetű törzsek négy elkülönülő

ágon szerepeltek. A vizsgálatok során feltárt humán eredetű törzsek közötti divergencia, valamint az állati eredetű baktériumtörzsek között tapasztalt nagyfokú változatosság felhívja a figyelmet a *B. bronchiseptica* zoonózisokban betöltött szerepére. Nyúl eredetű *B. bronchiseptica* törzsek antibiotikum érzékenységét korongdiffúziós módszerrel vizsgálták. Kimutatták, hogy e törzsek gentamicinre, neomicinre, kolisztinra, tetraciklinre és az alkalmazott kinolonokra érzékenyek, míg rezisztenciát mutattak vankomicinnel, streptomocinnel, penicillinnel, linkomicinnel és cefalosporinokkal szemben. Két magyar törzs kivételével valamennyi minta érzékeny volt a szulfonamidokra. Vizsgálataik a törzsek származási helye és antibiotikum rezisztenciája között összefüggést nem tártak fel.

Baromfi légzőszervi bakteriológiai kutatások

Házityúk és pulyka modellekben vizsgálták az *O. rhinotracheale* és a *Bordetella avium* között feltételezett kölcsönhatás részleteit. Pulyka modellben a mindkét kórokozóval fertőzött csoportban kialakuló elváltozások a mindkét kórokozóval fertőzött csoportban súlyosabbak voltak, mint a csak *O. rhinotrachealé*val illetve *B. avium*mal inokuláltakban. Tizenhét *B. avium* törzs antibiotikum rezisztenciáját vizsgálták. A törzsek mindegyike érzékeny volt doxiciklinre, gentamicinre, spektinomycinre és szulfonamidokra, de nagyfokú rezisztenciát mutattak ceftiofurra és linkomicinre.

Különböző fajú hazai házi madarak (lúd, kacs, pulyka, tyúk) *Riemerella anatipestifer* fertőzöttségét vizsgálták. 1739 kacs, 3491 lúd, 1072 pulyka és 3168 tyúk mintából 115 lúd és 18 kacs esetében állapítottak meg anatipestifer betegséget, így 23 lúd és 4 kacs eredetű törzssel bővült a törzsgyűjtemény. A törzsek nagy arányban érzékenyek voltak florfenicolra, penicillinre, sulphonamid+trimethoprimre, spectinomycinre, ampicillinre és amoxicillinre. A törzsek nagy százaléka rezisztens volt flumequinre, erythromycinre és a tetraciklinekre. Az elmúlt években izolált 23 multirezisztens (7-nél több antibiotikumra rezisztens) törzset vizsgálva 19 esetben izoláltak 3-20 kb-os plazmidokat.

Sertés légzőszervi betegség komplex

A Kaposvári Egyetemmel együttműködve kísérletesen vizsgálták van-e kölcsönhatás a sertés légzőszervi betegség komplex egyes fertőző tényezői és a fumonizin B₁ (FB₁) mikotoxin között. A kórfolyamatokat komputeres tomográfia segítségével nyomon követve megállapították, hogy az FB₁ toxin jelenléte mind a *B. bronchiseptica* – *P. multocida* kombinált fertőzés, mind önálló *M. hyopneumoniae* fertőzés esetében súlyosbította a fertőzés lefolyását.

Zoonotikus baktériumok és *Mycoplasma* kutatások

A zoonotikus bakteriológia és mycoplasmatológia Lendület kutatócsoport 2013-ban a *Francisella tularensis*, a *Brucella* és *Chlamydia* fajok, a *Coxiella burnetii*, a *Mycoplasma bovis*, a madárhimlő vírus és különböző kullancs terjesztette vírusok területén végzett kutatásokat. A kutatócsoport két legjelentősebb eredménye az alábbiak voltak:

1) BSL3-as labor létrehozása: A fertőző betegségek nemzetközi színvonalú és versenyképes kutatásához napjainkban elengedhetetlen egy BSL3 labor. A legtöbb nagy gazdasági kárt okozó vagy zoonotikus (állatról emberre terjedő) kórokozó vizsgálata ma már csak ilyen laboratóriumi körülmények között engedélyezett. A labor legfontosabb berendezési tárgyai/műszerei az alábbiak: átadó autokláv, ultra-mélyhűtő, hűtő-fagyasztó, CO₂ termosztát, Class 2 és 3-as lamináris fülkék, mikroszkóp, thermoblokk, számítógép, valamint 40 db

patkány és 60 db egér egyedi elhelyezését lehetővé tevő, egyedileg ventilált állatketrec.

2) A Baranya megyei Q-láz (*C. burnetii*) járvány fertőző forrásának a felderítése: 2013 tavaszán a Baranya megyei Vokányban nagyméretű Q-láz járvány zajlott. A járvány fertőző forrásának felderítésében és felszámolásában a Zoonotikus Bakteriológia és Mycoplasmatológia Lendület Kutatócsoport a NÉBIH Állategészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság, az Országos Epidemiológia Központ és a BMKH Élelmiszerlánc-biztonsági és Állategészségügyi Igazgatóság munkatársaival együtt vett részt. A járvány során 68 emberi megbetegedést igazoltak. A Vokány határában található nagy létszámú juhászat egyedeinél jelentős baktériumürítést mutattak ki. A genetikai vizsgálataik során a juhokból és az emberekből származó *C. burnetii* izolátumok azonosságát állapították meg. A kapott eredmények alapján a baranyai Q-láz járvány fertőző forrásaként a Vokány határában található juhászatot azonosították, ahonnan a szél hordhatta el a *C. burnetii*-vel fertőzött, méhváladékkal szennyezett beszáradt trágya porát a lakott területekre. A juhászattól a trágyát júniusban eltávolították, majd júliusban a telepet fertőtlenítették. Július vége óta újabb emberi megbetegedést nem diagnosztizáltak.

Halkórtani és ökológiai kutatások

Parazitológiai monitoring során folytatták vizsgálataikat a betelepült invazív halfajokon, elsősorban a Balatonon és a Kis-Balaton területén. A parazita fauna vizsgálata alapján megállapították, hogy az ezüstkárász kétségtelenül kínai eredetű halfaj, amelynek Kínában igen gazdag parazita faunájából csak néhány élősködő terjedt át Magyarországra. A részletesen vizsgált myxozoák közül csak egy vesében élősködő faj, a *Hoferellus carassii* és egy kopolyúélősködő, a *Myxobolus diversus* jelentős, de ezek specifikusak, és nincsenek hatással a ponty egészségi állapotára.

Folytatták a balatoni halak mételyfertőzöttségét okozó élősködők köztigazdájának vizsgálatát. Részletesen a *Lytoglyphus* és *Bithynia* csigák valamint a *Dreissena polymorpha*, a *D. bugensis* és *Corbicula fluminea* cercáriákkal való fertőzöttségét vizsgálták. A kimutatott cercáriák molekuláris vizsgálata folyamatos, több cercária-típust azonosítottak a génbankban megtalálható métely-szekvenciákkal. A Balatonba újonnan behurcolt *Corbicula* kagylóban ezideig fertőzöttséget nem találtak. A dunai halfajok közül a paduc nyálkaspórák élősködőit tanulmányozták. Ebben a halfajban több olyan *Myxobolus* fajt detektáltak, melyek morfológiailag és molekuláris szerkezetük szerint is az egyéb leuciscida halfajok élősködőivel mutattak genetikai hasonlóságot. A Balatonban domináns kevéssertéjű féreg fajban, az *Isochaetides michealseni*-ben fejlődő aktinospórák vizsgálata során 15 élősködő típus morfológiai és genetikai jellemzését végezték el, melynek során eddig 4 típust azonosítottak balatoni hal-gazdáiban élősködő Myxozoa fajjal.

Az ausztráliai és vietnami intenzív halas rendszerekből a nemzetközi szakirodalomban már korábban említett élősködőt malajziai ketreces rendszerekben tenyésztett ázsiai tengeri sügérből (barramundi) is kimutatták, és új coccidium fajként írták le (*Goussia kuehae*). A halakban élősködő *Thelohanellus* (Myxozoa) fajokról kínai és portugál kooperációban szinopszist készítettek. Az utóbbi években több halfajból kimutatták circovírusok jelenlétét, új eredményként indiai pontyféléből (*Labeo rohita*) feltehetően integrált circovírus-szerű szekvenciát mutattak ki. Ennek jelentősége még nem ismert, bár számos eukarióta organizmusban jelen van hasonló szekvencia.

Folytatták a német és magyar gazdaságokban tenyésztett sebes pisztráng állományok *Myxobolus cerebralis* okozta kergekórra való fogékonyságának vizsgálatát a beltenyésztett, a genetikailag heterogén atlanti vérvonal és a hazánkban őshonos dunai vérvonal kísérletes fertőzésével. Eredményeik azt mutatják, hogy a sebes pisztráng tenyészállomány genetikai heterogenitása hatással van az ivadékállomány kergekór iránti fogékonyságára, ezért a betegség elleni védekezés egyik hatásos eszköze lehet a tenyészállományok rendszeres és ellenőrzött genetikai frissítése. Kísérletesen vizsgálták a termékenyített ikrák akár 80%-os elhalását okozó "Small Eye Syndrome" tünetegyüttest sebes pisztráng ikráállományokon. Eddigi eredményeik azt mutatják, hogy a fejlődési rendellenesség az ikrás tenyészhalakra vezethető vissza, mivel az egyenként vizsgált nőstények különböző tejeseikkel párosítva azonos túlélési és kelési eredményeket mutattak utódállományukban. A nyálkaspórák paraziták vízben történő inaktiválására eljárást dolgoztak ki, majd annak hatékonyságát *in vitro* és *in vivo* laboratóriumi tesztekkel igazolták. Az eljárás halgazdasági alkalmazhatóságát félüzemi kísérletekkel kívánják majd vizsgálni (német-magyar együttműködés).

Cseh kollégákkal együttműködve folytatták a pontyok úszóhólyag-gyulladását okozó *Sphaerospora dykoveae* és a pontyok kopoltyúját fertőző *Sphaerospora molnari* nyálkaspórák fajok véralakjainak vizsgálatát. A vizsgálatok célja annak kiderítése, hogy a vérstádiumok aktív mozgása milyen módon és mi célból történik, illetve hogy ez hatással van-e a klinikai tünetek súlyosságára. Halimmunológus kollégákkal együttműködve előzetes vizsgálatokat végeztek patogén és betegséget nem okozó nyálkaspórák fajokon annak eldöntésére, hogy a parazitára fogékony és nem-fogékony halak fertőzésre adott immunválasza befolyásolja-e a fertőzés kimenetelét.

II/b Párbeszéd a tudomány és a társadalom között

Az intézet kutatói gyakran kapnak a lakosság számára érdekesnek vagy éppen fenyegetőnek tartott kórokozókval 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 kutatóintézeteit keresik meg. A kutatók mindig készségesen állnak rendelkezésre a megfelelő információk biztosításával, vagy ha a téma kompetenciájukon kívül esik, az illetékesekhez való irányítással. A Zoonotikus Bakteriológia és Mycoplasmatológia Lendület Kutatócsoport a Baranya megyei Q-láz járvány során végzett vizsgálatairól és a járvány felszámolása során szerzett tapasztalatainkról több, laikusok, köztük az érintett lakosság, számára rendezett rendezvényen számolt be.

A Magyar Országos Állatorvos Egyesület, mint civil szakmai szervezet egyik legaktívabb társasága a Baromfi-egészségügyi Társaság, melynek munkájában egy intézeti munkatárs is aktívan vesz részt, és amely a társadalom baromfityenyésztésben érdekelt széles rétegeivel tart szakmai kapcsolatot.

Az Intézet Halkórtani és Parazitológia témacsoportja által művelt ökológiai jellegű kutatások során elért eredmények, és ezek nyomán született közlemények közérdeklődésre tarthatnak számot, ugyanis a természetes vizekben, így legnagyobb vizünkben, a Balatonban előforduló halpusztulások, kagylópusztulások a lakosság számára is szembeötlenek.

A kutatók közül többen is részt vesznek diagnosztikai munkában, melynek során az állattartók hasznos ismereteket szerezhettek 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 2013-ban

Az állati adenovírusok referencia központjának számító molekuláris és összehasonlító virológiai laboratórium együttműködik brazil, holland, svéd, szlovén, amerikai, német, orosz és spanyol kutatókkal. A berlini Robert Koch Intézet kutatóival németországi denevérek vírusait vizsgálják. Az Orosz Mezőgazdasági Akadémia, Összoroszági 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 Svéd Nemzeti Állategészségügyi Intézettel (SVA), a Svéd Mezőgazdasági Egyetem Állatorvosi Karával (Uppsala) Nidovírus konstrukciók fejlesztésére, továbbá FIPV és PRRSV kutatásokban. A INRS-Institut Armand Frappier-el (Laval, Canada) parvovírusok molekuláris biológiáját tanulmányozták. A német ProBioGen AG-val, (Berlin, Németország) víziszárnyasok vírusainak tenyésztésére, kimutatására irányuló kutatások folytak, valamint vakcinafejlesztést végeztek. A Charité Medical School, Institute of Virology-val, (Berlin, Németország) Adeno Asszociált vírus metilációját kutatták.

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 a sertés légzőszervi komplex kutatását célzó közös vizsgálatokat végeztet a Kaposvári Egyetemmel.

A Zoonótikus bakteriológia és Mycoplasmatológia csoport hivatalos tudományos megállapodást kötött tudományos együttműködésre a University of Veterinary Medicine and Pharmacy (Kassa, Szlovákia)-val és a Swedish Defence Research Agency (Umea, Svédország)-vel. A kutatócsoport egyik munkatársa 3 hónapot töltött el, mint vendégkutató, a University of Veterinary Medicine and Pharmacy (Kassa, Szlovákia)-n, valamint 1 hetet töltött el mint vendégkutató a Swedish Defence Research Agency-ben. Vállalati kutatás-

fejlesztési kapcsolata van a kutatócsoportnak a Centre Européen d'Etudes pour la Santé Animale (Brüsszel, Belgium)-val és az Emirates Industry for Camel Milk & Products (Dubai, Egyesült Arab Emírátsok)-val.

A Halkórtan és Parazitológia témacsoport sok éve működik együtt az University Malaysia Terengganu-val. Ennek keretében három éves kutatómunkát követően 2013 decemberében egy maláj ösztöndíjas védte meg PhD dolgozatát nyálkaspórák kutatás témakörben a Georgikon Kar AÁDI-ben, valamint két további maláj kolléga dolgozott rövid tanulmányút keretében a kutatócsoportban. Portugál kooperációban (University Porto) folytatódott az intenzíven tenyésztett tengeri süllő és tengeri dévér nyálkaspórák fertőzöttségeinek vizsgálatát célzó együttműködés (IDASS Myx: Infection dynamic of Aquacultured Seabass and Seabream by Myxozoa). A kínai Wuhan Egyetem munkatársaival több közös cikk készült nyálkaspórák témakörben.

A Halparazitológia témacsoport munkatársai együttműködnek a Ceske Budejovice-i Parazitológiai Intézet munkatársaival (Csehország) a pontyok úszóhólyag-gyulladását okozó *Sphaerospora dykova* parazita genetikai változékonyságának vizsgálatában. 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. Új vírusvektor fejlesztések indultak a hollandiai Leidenben lévő Crucell és Batavia biotechnológiai cégekkel.

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). A Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Karán megszervezték a posztgraduális képzés keretében a Bakteriális Zoonózisok Magyarországon című tanfolyamot. Kilenc kutató vezetett összesen 24 doktorandust (SZIE, Pannon Egyetem, Kaposvári Egyetem). Két kutató tagja a SZIE ÁOTK Doktori és Habilitációs Tanácsának. Doktori iskolákban akkreditált törzstagok (6 fő), SZIE és Pannon Egyetem.

További jelentős együttműködő intézmények: SZIE Állatorvos-tudományi Kar; SZIE Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar; Debreceni Egyetem; NÉBIH ÁDI; Országos Epidemiológiai Központ; Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont; Pannon Egyetem Georgikon Kara; Semmelweis Egyetem; Budapesti Műszaki Egyetem; Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar; OEK Bakteriológia I, Szegedi Tudományegyetem Orvosi Biológiai Intézet; Szent László Kórház; Magyar Természettudományi Múzeum; ELTE TTK; Pannon Egyetem, Georgikon Kar; 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, Veterinary Research Institute, Brno; *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; *Spanyolország*: Centro Nacional de Biotecnología; *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), Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica, Diseases of Aquatic Organisms, International Journal of Molecular Epidemiology and Genetics, Iranian Journal of Fisheries, ISRN Veterinary Science, Magyar Állatorvosok Lapja, Slovenian Veterinary Research, The Scientific World Journal, Veterinary Medicine (Csehország), Veterinary Microbiology World Journal of Virology. Infection, Genetics and Evolution, Virology Discovery, Halászat (szerkesztő-bizottsági tag)

Hazai bizottságok: A Magyar Mikrobiológiai Társaság (1 vezetőségi tag); MTA bizottságok: Állatorvos-tudományi Bizottság (elnök és 3 tag), Zoonózis albizottság (elnök), Állatkísérleti Tudományos Bizottság (tag), Mikrobiológiai Bizottság, Környezettudományi Elnöki Bizottság (KÖTEB), Élelmiszerbiztonsági Albizottsága, MOÁE Baromfi-egészségügyi Társaság (elnökségi tag), Magyar Parazitológusok Társasága (2 elnökségi tag, főtítká), MTA Hidrobiológiai Bizottság (tag), HAKI Halászati Tudományos Tanács (tag), Magyar Országos Állatorvos Egyesület (elnökségi tag), Országos Állatvédelmi és Állatjóléti Tanács (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, 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)

IV. A 2013-ban elnyert fontosabb hazai és nemzetközi pályázatok rövid bemutatása

Hat új OTKA pályázatot nyertek, ebből kettőben közreműködőként, 150 Mft összértékben. Az Infect-ERA (FP7-HEALTH-2012) Grant Agr.No.:321529 konzorcium 11 ország 14 olyan intézményét foglalja magában, melyek az embert fenyegető fertőző betegségekre irányuló, genomikai szintű kutatásokat támogatnak. A P13 szerződő partner (MTA) részéről vállalt feladatok (135.000 EUR/4 év) végrehajtásával az MTA főtitékára - az MTA-ATK

főigazgatójának egyetértésével - Prof. Emőd Leventét (Pécsi Egyetem, Orvostudományi Kar) és Prof. Nagy Bélát, majd nov. 1-től Dr. Tóth Istvánt (MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézet) bízta meg.

KTIA-AIK-12-1-2013-0017. sz. BIOKLÍMA Konzorcium munkájában való részvétel (29 hónapra 50 MFt).

„Az akvakultúra ágazat kitörési pontjainak komplex, versenyképességet szolgáló fejlesztése” címmel négy éves támogatást nyertek el (VKSZ_12). A projekt kutatóközpontra eső támogatási összege 83,3 MFt.

V. A 2013-ban megjelent jelentősebb tudományos publikációk

- 1) Doszpoly A, Wellehan Jr JFX, Childress AL, Tarján ZL, Kovács ER, Harrach B, Benkő M. (2013): Partial characterization of a new adenovirus lineage discovered in testudinoid turtles. *Infection, Genetics and Evolution*, 17: 106-112.
<http://real.mtak.hu/9289>
- 2) Kreizinger Zs, Makrai L, Helyes G, Magyar T, Erdélyi K, Gyuranecz M. (2013): Antimicrobial susceptibility of *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* isolates from Hungary, Central Europe. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 68(2): 370-373.
<http://real.mtak.hu/4960>
- 3) Magyar T, Donkó T, Repa I, Kovács M. (2013): Regeneration of toxigenic *Pasteurella multocida* induced severe turbinate atrophy in pigs detected by computed tomography. *BMC Veterinary Research*, 9: 222.
<http://www.biomedcentral.com/1746-6148/9/222>
- 4) Papp H, László B, Jakab F, Ganesh B, De Grazia S, Matthijnssens J, Ciarlet M, Martella V, Bányai K. (2013): Review of group A rotavirus strains reported in swine and cattle. *Veterinary Microbiology*, 165(3-4): 190-199.
<http://real.mtak.hu/9154>
- 5) Sváb D, Horváth B, Maróti G, Dobrindt U, Tóth I. (2013): Sequence variability of P2-like prophage genomes carrying the cytolethal distending toxin V operon in *Escherichia coli* O157. *Applied and Environmental Microbiology*, 79(16): 4958-4964.
<http://real.mtak.hu/7493>
- 6) Székely Cs, Borkhanuddin MH, Shaharom F, Embong MSA, Molnár K. (2013): Description of *Goussia kuehae* n. sp. (Apicomplexa: Eimeriidae) infecting the Asian seabass, *Lates calcarifer* (Bloch) (Perciformes: Latidae), cultured in Malaysian fish farms. *Systematic Parasitology*, 86(3): 293-299.
<http://real.mtak.hu/9135>
- 7) Tóth R, Mészáros I, Stefancsik R, Bartha D, Bálint Á, Zádori Z. (2013): CpG distribution and methylation pattern in porcine parvovirus. *PLoS ONE*, 8(12): e85986.
<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0085986;jsessionid=36A8D23F0FDCDFD6DBE4673157D510F4>