MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA

SzIE ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK
(2014. jan. 27-30)

ÁLLATTAN, PARAZITOLÓGIA

(2014. január 29, Élettan tanterem, 8.30-tól)

2013. évi 40. füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kolleganők és Kollegák! Budapest, 2014. január

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és a SzIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskolája 2014. január 27-30. között tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló, immár **40. „akadémiai beszámoló**" üléssorozatot. E jubileumról 27-n a két testület közös nyilvános ülése keretében (Élettan szekció előtt) megemlékezünk, s erre valamennyiüket ez úton is tisztelettel hívjuk.

Az előző évek gyakorlatának megfelelően a beszámolókon PhD hallgatók szereplését külön is elvárjuk, s reméljük, hogy ez is egy jó alkalma lesz a különböző tudományos-szakmai műhelyeket és korosztályokat képviselő, egymás munkája iránt érdeklődő kolleganők/kollegák találkozásának.

Az egyes szekciók üléseinek helyét és idejét a mellékelt beosztásban tüntettük fel.
Az előadások és azt követő megvitatás időtartama legfeljebb: 10 + 5 perc.
Kérjük, hogy a megadott maximális időtartamot senki ne lépje túl! Az előző évek gyakorlatának megfelelően, nem az előadások számára, hanem azok szakmai-tudományos értékére helyezzük a súlyt. Aki azonos témán belül jelentett be 2 vagy több előadást, kérjük, próbálja meg ezeket összevonni!

Az előadások összefoglalóit – szekciófüzetekbe csoportosítva – elektronikus úton adjuk közre.
A beszámoló füzetek anyaga az MTA ATK ÁOTI honlapján (www.vmri.hu/ MTA – Állatorvos-tudományi Bizottság) megtalálható. Kérjük, hogy az összefoglalók anyagát minden esetben – megvitatásra alkalmas formában – előadni szíveskedjenek.

Ami a vitát illeti, a résztvevőket, különösen pedig a bizottsági tagokat és az üléselnököket kérjük arra, hogy kérdéseikkel, hozzáfűzött megjegyzéseikkel, javaslataikkal, szíveskedjenek az előadottak részletesebb megismerését, értékelését és a beszámoló csoportok további munkáját segíteni. Sokan úgy véljük, hogy a tudományos előrehaladás és a fiatalok tudományos fórumokhoz való szoktatása szempontjából a vita (mégpedig a megfelelő kritikai elemeket sem nélkülöző vita) épp olyan fontos, mint maga az előadás. Ezért a hasznos és előrevivő vitához szükséges „műhely légkör" kialakítását és fenntartását valamennyi résztvevőtől, de különösen a bizottsági tagoktól és az elnököktől ez úton is tisztelettel és nyomatékosan kérjük.

Az egyes szekciók titkárait arra is kérjük, hogy a szekcióülésről február végéig készítsenek és juttassanak el az Állatorvos-tudományi Bizottság elnökéhez (bnagy@vmri.hu) egy-egy rövid, közérthető formában megírt, a szekció elnökkel (elnökökkel) egyeztetett tájékoztatót (Magyar Állatorvosok Lapja-ban való közlés céljából), mely szükség esetén tartalmazza nem csak az előadások, hanem a vita legfontosabb megállapításait is.

Kérjük az intézetek vezetőit, hogy az elektronikus úton megküldött anyagból továbbítsanak, ill. kellő példányszámban másoltassanak munkatársaik és érdeklődő nyugdíjasaik számára is. Kérjük, továbbá, hogy munkatársaikat segítsék és hívják az üléseken való aktív és sikeres részvételre.

Előre is köszönjük a szekció elnökök, a titkárok, a bizottsági tagok és valamennyi előadó munkáját, s külön is köszönjük *Dr. Tuboly Tamásnak* az állatorvos-tudományi bizottság titkárának az összefoglaló füzetek előállításában, s szekció ülések szervezésében nyújtott nélkülözhetetlen munkáját..

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és a SzIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskolája nevében,
Sikeres, Boldog Új esztendőt kívánva,

Dr. Nagy Béla,
elnök
MTA Áo-tud. Bizottsága

Dr. Rusvai Miklós, egyetemi tanár
elnök
SzIE ÁoTK Doktori Iskola

MTA Állatorvos-tudományi Bizottság és SzIE-ÁOTK Doktori Iskola akadémiai beszámolóinak beosztása és szekció-bizottságai

(2014. január 27-30)

A szekció Megnevezése	A szekcióülés ideje	A szekcióülés helye	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
MTA Állatorvos-tudományi Bizottság és ÁOTK Doktori Iskola közös ülése	**I. 27 hétfő** **A 40. évi jubileum** 8:30-9.00	Élettan tanterem	Dr. Nagy Béla Dr. Rusvai Miklós		A testületek tagjai, a szekciók elnökei, titkárai és a szekciók bizottsági tagjai
Élettan, Biokémia Kórélettan, Morfológia	9.00-től		Dr. Bartha Tibor Dr. Frenyó V. László Dr. Sótonyi Péter	Dr. Zsarnovszky Attila	Dr. Bárdos László, Dr. Halasy Katalin Dr. Jakab Csaba, Dr. Kutas Ferenc Dr. Vajdovich Péter
Élelmiszerbiztonság Állategészségügyi Igazgatás	**I. 27 hétfő**, 11.00 -től	Továbbképzés tanterem	Dr. Laczay Péter Dr. Ózsvári László Dr. Pleva György	Dr. Erdősi Orsolya	Dr. Józwiak Ákos, Dr. Kovács Sándor Dr. Lombai György, Dr. Szita Géza Dr. Visnyei László
Állathigiénia Állattenyésztés, Genetika Takarmányozástan	**I. 27. hétfő** 13.00-tól	Élettan tanterem	Dr. Kovács Melinda Dr. Könyves László Dr. Szabó József	Dr. Bersényi András	Dr. Brydl Endre, Dr. Cseh Sándor Dr. Fekete Sándor, Dr. Gáspárdy András, Dr. Jakab László, Dr. Rafai Pál
Bakteriológia	**I. 28. kedd**, 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Magyar Tibor Dr. Varga János	Dr. Jánosi Szilárd	Dr. Gyuranecz Miklós, Dr. Hajtós István Dr. Makrai László, Dr. Nagy Béla Dr. Tenk Miklós, Dr. Tóth István
Virológia Immunológia	13.00-tól		Dr. Bakonyi Tamás Dr. Harrach Balázs Dr. Tuboly Tamás	Dr. Pálfi Vilmos	Dr. Benkő Mária, Dr. Dán Ádám, Dr. Hornyák Ákos, Dr. Pénzes Zoltán Dr. Rusvai Miklós, Dr. Soós Tibor
Parazitológia Állattan	**I. 29. szerda** 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Farkas Róbert Dr. Hornung Erzsébet Dr. Kassai Tibor	Dr. Baska Ferenc	Dr. Békési László, Dr. Csaba György Dr. Hornok Sándor, Dr. Majoros Gábor Dr. Molnár Kálmán, Dr. Varga István
Klinikumok Gyógyszertan Toxikológia	**I. 30. csütörtök** 8.30-tól	Belgyógyászat tanterem	Dr. Gálfi Péter Dr. Németh Tibor Dr. Szenci Ottó Dr. Vörös Károly	Dr. Bohák Zsófia Dr. Jerzsele Ákos Dr. Pápa Kinga	Dr. Bajcsy Árpád Csaba, Dr. Biksi Imre Dr. Sályi Gábor, Dr. Sterczer Ágnes Dr. Vajdovich Péter, Dr. Zöldág László

TARTALOMJEGYZÉK

1. VÉRPARAZITA FERTŐZÉS ÉS MINŐSÉGJELZŐ BÉLYEGEK KAPCSOLATA A ZÖLD GYÍKNÁL (*LACERTA VIRIDIS*)
   Mészáros Boglárka

2. MAGYARORSZÁGON TALÁLHATÓ NAGYVADAK FÉREG-FERTŐZÖTTSÉGE
   Kiss Ildikó Éva

3. A CSIGÁKBAN FEJLŐDŐ HEXAMERMIS ALBICANS FONÁLFÉREG ELŐFORDULÁSÁNAK ELSŐ MAGYARORSZÁGI MEGÁLLAPÍTÁSA ÉS A FÉREG BIOLÓGIÁJÁNAK VIZSGÁLATA
   Juhász Alexandra

4. VIZSGÁLATOK BALATONI HALFAJOKBAN ÉLŐSKÖDŐ MÉTELYEKEN, VALAMINT AZOK CSIGÁKBAN ÉS KAGYLÓKBAN ÉLŐ FEJLŐDÉSI STÁDIUMAIN
   Sándor Diána

5. KÉT CYPRINIDA HALFAJ, A BODORKA ÉS A PADUC *MYXOBOLUS* (MYXOSPOREA) FERTŐZÖTTSÉGÉNEK VIZSGÁLATA
   Borzák Réka, Cech Gábor, Székely Csaba, Molnár Kálmán

6. THE LIFE CYCLE OF THREE *MYXOBOLUS* SPP. AND TWO *THELOHANELLUS* SPP. (MYXOZOA) FROM FISHES OF LAKE BALATON AND KIS BALATON RESERVOIR
   Borkhanuddin Hafiz, Cech Gábor, Molnár Kálmán, Székely Csaba

7. A BELTENYÉSZTETTSÉG HATÁSÁNAK VIZSGÁLATA A SEBES PISZTRÁNG KERGEKÓR IRÁNTI FOGÉKONYSÁGÁRA
   Forró Barbara, Dennis Kallert, Zsigmond Gergely, Guti Csaba Ferenc, Eszterbauer Edit

8. EGYSEJTŰ ÉLŐSKÖDŐK ÁLTAL OKOZOTT JELENTŐS KÓRKÉP ELSŐ HAZAI MEGÁLLAPÍTÁSA: A SZARVASMARHA BESNOITIOSISA
   Hornok Sándor, Fedák András, Baska Ferenc, Walter Basso, Dencső László, Abonyi Tamás, Dénes Béla

9. EGYSEJTŰ ÉLŐSKÖDŐK ÁLTAL OKOZOTT JELENTŐS KÓRKÉP ELSŐ HAZAI MEGÁLLAPÍTÁSA: A KUTYA HEPATOZOONOSISA
   Hornok Sándor, Farkas Viola, Tánczos Balázs, Farkas Róbert

10. A VÖRÖS RÓKA (*VULPES VULPES*) ÉS AZ ARANY SAKÁL (*CANIS AUREUS*) *HEPATOZOON CANIS* OKOZTA FERTŐZÖTTSÉGE HAZÁNKBAN
    Farkas Róbert, Tánczos Balázs, Gyurkovszky Mónika, Hornyák Ákos, Takács Nóra, Hornok Sándor

11. KULLANCSOK TENYÉSZTHETŐ BAKTÉRIUMFLÓRÁJÁNAK VIZSGÁLATA
    Egyed László, Makrai László

12. KULLANCSOK ÁLTAL TERJESZTETT ZOONOTIKUS BAKTÉRIUMOK JÁRVÁNYTANA A MARGIT-SZIGETEN
    Földvári Gábor, Szekeres Sándor, Rigó Krisztina, Jablonszky Mónika, Majoros Gábor, Tóth Mária, Molnár Viktor, Elena Claudia Coipan, Setareh Jahfari, Hein Sprong

13. KISEMLŐSÖK ÉS KULLANCSOK *CANDIDATUS* NEOEHRLICHIA MIKURENSIS ÉS *ANAPLASMA PHAGOCYTOPHILUM* FERTŐZÖTTSÉGE GEMENCEN
    Szekeres Sándor, Rigó Krisztina, Majoros Gábor, Elena Claudia Coipan, Setareh Jahfari, Hein Sprong, Földvári Gábor

14. OKULÁRIS PENTASTOMIDA FERTŐZÉSEK LOKALIZÁCIÓJA AZ EMBERBEN: EGY EVOLÚCIÓS HIPOTÉZIS
    Rózsa Lajos

15. A *HAEMONCHUS CONTORTUS* FAJ ELŐFORDULÁSI VISZONYAI DÉL-DUNÁNTÚLI KÉRŐDZŐKBEN
    Nagy Gábor, Ács Kornél, Csivincsik Ágnes, Sugár László

16. MIKROFLUIDIKAI BIOCHIPEK TERVEZÉSE ÉS GYÁRTÁSA MIKROBIOLÓGAI VIZSGÁLATOKHOZ
    Laki András József, Iván Kristóf , Fok Éva, Jacsó Olga, Civera Pierluigi

17. A *GALBA TRUNCATULA* CSIGÁK ÉLŐHELYÉNEK ÉS TERJEDÉSÉNEK MEGHATÁROZÓ SZEREPE A MÁJMÉTELYKÓR FENNTARTÁSÁBAN
    Majoros Gábor

18. IVARI DIMORFIZMUS VIZSGÁLATA MOLEKULÁRIS ÉS STATISZTIKAI MÓDSZEREKKEL ÉNEKESMADARAKNÁL
    Ágh Nóra, Kovács Szilvia, Reiczigel Jenő, Lang Zsolt, Csörgő Tibor, Harnos Andrea

19. FILOGEOGRÁFIAI ÉS POPULÁCIÓ-GENETIKAI VIZSGÁLATOK A KÁRPÁT-MEDENCEI RÉTISAS-POPULÁCIÓBAN (HALIAEETUS ALBICILLA)
    Nemesházi Edina, Szabó Krisztián, Kövér Szilvia

20. A KIS APOLLÓ-LEPKE ÁLTAL FOGYASZTOTT NEKTÁROK
    Szigeti Viktor, Kőrösi Ádám, Harnos Andrea, Farkas Ágnes, Nagy János, Kis János

21. NICHE ELKÜLÖNÜLÉS VIZSGÁLATA TALAJLAKÓ ÁLLATOK MOZGÁSMINTÁZATÁNAK ELEMZÉSÉVEL
    Szabó Péter, Csonka Diána, Hornung Erzsébet

VÉRPARAZITA FERTŐZÉS ÉS MINŐSÉGJELZŐ BÉLYEGEK KAPCSOLATA A ZÖLD GYÍKNÁL (LACERTA VIRIDIS)

Mészáros Boglárka

Bevezetés: A szexuális szelekció elmélete abból a megfigyelésből ered, hogy vannak fajok, ahol az egyik nem képviselői (általában a hímek) feltűnő jelzésekkel rendelkeznek, amelyek túlélési esélyeiket csökkentik, de szaporodási sikerüket növelik. Ezek a tulajdonságok őszintén jelzik viselőjük egyedi minőségét. A szexuális jelzés több mechanizmus útján is kapcsolódhat az egyedi minőséghez, ezek közül az egyiket a parazita-mediált szexuális szelekció elmélete (Hamilton-Zuk hipotézis) magyarázza, mely szerint a parazita fertőzés befolyásolhatja az ivari jelzések kifejeződését. A rezisztensebb egyedek számára kisebb költséggel jár az élősködő elleni védekezés, így több energiát képesek a szexuális jelzések kialakításába fektetni, míg a kevésbé rezisztens egyedek nem képesek intenzív jelzések kialakítására, tehát az intenzívebb ivari jelzések viselőjük nagyobb fokú ellenálló képességét, ezen keresztül jobb minőségét jelzik.

Cél: Korábbi vizsgálatok kimutatták, hogy a zöld gyík (*Lacertaviridis*) hímek ultraibolya-kék torokfoltja pozitívan befolyásolja a hölgyválasz (interszexuális szelekció) és a hím-hím versengés (intraszexuális szelekció) kimenetelét is mint többszörösen összetett, kondíciófüggő ivari jelzés. Jelen vizsgálatunk célja a Hamilton-Zuk hipotézis tesztelése volt hím zöld gyíkok vizsgálatával.

Módszer: Vizsgálatunk során 30 ivarérett hímtől vettünk vérmintát a szaporodási időszak alatt, majd fixálást és Giemsa-val történő festést követően mikroszkóp segítségével azonosítottuk a vérparazitákat. Minden állatról felvettük morfológiai (törzshossz, farokhossz, fejméret, testsúly, aszimmetria mértéke)jellemzőiket és spektrofotométerrel mértük a torok és has színezetét, valamint leszámoltuk az állatokon található ektoparaziták (kullancsok) számát is.

Eredmény: A prevalencia 96,7% volt, több *Hameogregaridae* családba tartozó élősködőt is kimutattunk. Az egyedenkénti fertőzési intenzitás negatív összefüggést mutatott a torok és a has színezeti intenzitásával. Emellett pozitív összefüggést találtunk a fertőzöttség és a testméret illetve a kondíció között, továbbá negatív kapcsolatot az aszimmetria mértékével és a befogáskor észlelt kullancsok számával.

Következtetés: A vizsgálat kimutatta, hogy a hím zöld gyíkok torokfoltja egy többszörösen összetett megbízható ivari jelzés, mely információt közvetít a viselője egészségéről a Hamilton-Zuk hipotézissel összhangban.

Köszönetnyilvánítás: Köszönöm a Viselkedésökológiai Csoport minden tagjának a kutatásban nyújtott támogatásukat, valamint Prof. Joseph J. Schall-nak a paraziták határozásában való segítségét.

Szegedi Tudományegyetem
Szent-Györgyi Albert Klinikai Központ,
Klinikai Mikrobiológiai
Diagnosztikai Intézet

Parazitológia

MAGYARORSZÁGON TALÁLHATÓ NAGYVADAK FÉREGFERTŐZÖTTSÉGE

Kiss Ildikó Éva

Bevezetés: Magyarországon a vadászatnak régmúltra visszatekintő hagyománya és kultúrája van, ezért is nagyon fontos a vadállomány megőrzése. A fertőző ágensek gyakoriságának megismerése különböző fajokban és különböző területeken a vadgazdáknak, vadászoknak és az orvostudománynak egyaránt fontos információkkal szolgálhat. A nagyvadak parazitás fertőzöttsége komoly következményekkel járhat: kihatással lehet a környezetükben élő háziállatokra és a paraziták állatok általi közvetítés révén az emberekre is.

Céljaink közé tartozik a Magyarországon vadászható állatfajok féregfertőzöttségének meghatározása, a féregfertőzöttség vadfajonkénti előfordulási gyakoriságának és környezeti tényezőkkel való összefüggéseinek vizsgálata, valamint a kapott eredmények hazai és nemzetközi szakirodalmi adatokkal történő összehasonlítása.

Módszer: Kutatásunk során a nagyvadak és rókák bélsármintáit használtuk. A mintákból flotációs és Telemann-féle szedimentációs dúsítással könnyebb illetve nehezebb féregpetéket és féreglárvákat mutattunk ki. Ezzel párhuzamosan lárvavándoroltatást is végeztünk, majd ezután morfológiai bélyegek alapján identifikáltuk a látott féregpetéket és féreglárvákat.

Eredmények: Eddigi munkánk során 9 különböző féregfertőzöttséggel találkoztunk. Öt megyéből származó 85 minta alapján megállapítottam, hogy a vizsgált területeken élő nagyvadaknak főleg *Trichostrongylidae*- és horogféreg-fertőzöttsége van, de *Fasciola*-fertőzöttség is sok helyen előfordul.

Következtetés: A megfigyelések alapján megállapíthatjuk, hogy a környezeti tényezőktől is függ az egyes területek féregfertőzöttségének összetétele: nem minden területen fordul elő *Fasciola*-fertőzöttség, de azt is megállapíthatjuk, hogy *Trichostrongylidae* illetve horogféreg fertőzés szinte minden élőhelyen előfordul különböző gyakorisággal.

Köszönetnyílvánítás: Köszönetemet szeretném kifejezni témavezetőmnek, Csányiné Dr. Dóczi Ilonának, hogy lehetőséget kaphattam csoportjában dolgozni, hogy részt vehettem egy érdekes kutatási munkában, valamint külön köszönöm segítségét és odafigyelését.
Szeretném megköszönni Dr. Kredics Lászlónak a segítségét, tanácsait, hogy felügyeli az egyetem részéről a munkámat.

Köszönöm a Klinikai Mikrobiológiai Diagnosztikai Intézet munkatársainak, Dr. Bereczki Lászlónak és a labor asszisztensnőinek, hogy megtanították a használt módszereket, elláttak hasznos tanácsokkal és türelemmel oktattak a mindennapokban.

A CSIGÁKBAN FEJLŐDŐ HEXAMERMIS ALBICANS FONÁLFÉREG ELŐFORDULÁSÁNAK ELSŐ MAGYARORSZÁGI MEGÁLLAPÍTÁSA ÉS A FÉREG BIOLÓGIÁJÁNAK VIZSGÁLATA

Juhász Alexandra, állatorvos hallgató

A tavalyi akadémiai beszámolón beszámoltam egy gazdáját elpusztító, vagyis parazitoid életmódú élősködő, a *Hexamermis albicans* magyarországi felfedezéséről. A ritka fonálféregről, amely a *Succinea putris* borostyánkő csigában élősködik, több mint ötven éve nem jelent meg közlemény a világon. Ennek az az oka, hogy azt ilyen élősködő mermithida férgeknek a kutatása rendkívül nehéz, mert az ivarérett példányaik csak vízzel borított vagy szárazföldi talajban találhatók, ahová petéiket is rakják. Különféle alacsonyrendű állatok testében fejlődve érik el a preadult stádiumot, majd a lárva kifúrja magát a gazda testéből, és a szabadban válik szexuálisan éretté. Bizonyos mermithidák megakadályozzák, hogy a fertőzött gazdák saját utódokat legyenek képesek létrehozni, más fajok nem.

A gemenci Duna-ártéren először 2011-ben majd 2012-ben is sikerült detektálnunk a mermithidák között is különlegesnek minősülő *H. albicans* fonálféreg fajt. A csigákon külsőleg nem látszik a fertőzés, ezért a férgeket csak boncolással lehetett detektálni. Nyári eső után gyűjtött, és alkoholban konzervált csigák boncolása során találtuk meg a férgeket.

A gazdákból eltávolított parazitákból morfológiai tanulmányozáshoz és későbbi molekuláris vizsgálatokhoz is alkalmas tárgylemez preparátumokat készítettünk. Az ilyen módon konzervált férgek testéből a gyűjtés után egy évvel elvégzett DNS kivonás sikeres volt, sőt több nukleinsavat eredményezett, mint az alkoholban konzervált példányok esetében. A mermithidákból nagyon nehéz nukleinsavat nyerni, mert az óriási lárvák nagyon kevés DNS-t tartalmaznak, mivel sejtmagok osztódása nélkül növekszenek a néhány mikron hosszúságú lárvából, a több centiméter hosszúságú, preadult lárva állapotig. A féregből kinyert nukleinsavból, egy általános mermithida primerrel felerősített kb. 800 bázispár hosszúságú nukleáris DNS szakaszt sikerült amplifikálni. Ennek szekvenciája azonban nem mutatott semmilyen közelebbi rokonságot egyetlen olyan GenBank-ban megtalálható szekvenciával sem, amely mermithidákból származott. Ennek talán az lehetett a legvalószínűbb oka, hogy csigában fejlődő mermithida fonálférgek szekvenciái még nem találhatók ebben az adatbázisban.

Sem a csigákban élő parazitoid lárvákat, sem adult férgeket nem tudtunk találni idén a korábban felfedezett lelőhelyen a nagy nyári szárazság miatt. Ugyanakkor a szarvasok hullatékában sikerült olyan mermithida petéket kimutatni, amelyek nagy valószínűséggel a *H. albicans* petéi lehettek. Ennek azért van jelentősége, mert eddig még senki sem figyelte meg, hogy a *H. albicans* hova rakja le a petéket, és az azokban fejlődő lárvák hogyan jutnak be a csigákba. Mivel azt teljes bizonyossággal tudjuk, hogy a *Succinea* csigák gyakran táplálkoznak az erdei állatok hullatékával - például a szarvasok tüdőférgeinek lárvái is így jutnak beléjük – nem lenne indokolatlan, hogy a mermithidák is a bélsár közvetítésével fertőzzék a csigákat. Feltételezésünk szerint, a telet a talajban töltő gravid nőstények a talajfelszínre másznak tavaszi esőzések idején, és trágyába rakják a petéiket. (A száskák mermithidái is esőzések idején rakják le petéiket a fűszálakra, a rovarok által fogyasztott táplálékra.) Ha feltételezésünk helyes, a szarvasok és őzek hullatékában előbb-utóbb megtaláljuk a kifejlett férgeket, amely új lehetőséget adna a további vizsgálatokra.

MTA, Agrártudományi Kutatóközpont, Állatorvos-tudományi Intézet Parazitológia
ELTE, Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék

VIZSGÁLATOK BALATONI HALFAJOKBAN ÉLŐSKÖDŐ MÉTELYEKEN, VALAMINT AZOK CSIGÁKBAN ÉS KAGYLÓKBAN ÉLŐ FEJLŐDÉSI STÁDIUMAIN

Sándor Diána, BSc hallgató

A mételyek (Trematoda osztály) Aspidogastrea és a Digenea alosztályai közül az utóbbi fajai a legjelentősebb humán és állati kórokozók közé tartoznak. Gazdaváltók, bonyolult fejlődési ciklussal és több lárvaalakkal (miracidium, sporocysta, redia, cercaria, metacercaria). A cerkáriák általában aktívan keresik fel gazdájukat (puhatestűek, ízeltlábúak, gerincesek). Magyarországon a házi- és vadon élő állatokban előforduló adult stádiumú trematodák előfordulása jól ismert. Ezek puhatestűekben fejlődő cerkáriáiról azonban ismereteink hiányosak.

Célom a balatoni halakban élősködő trematodák vizsgálata és a puhatestűekben fejlődő lárvastádiumok begyűjtése és azonosítása volt, valamint, hogy feltérképezzem és csoportosítsam az egyes fejlődési alakok előfordulását gazdáik szerint.

A Balaton négy pontján (Tihany, Balatonszemes, Keszthely, Zala torkolat) végeztem gyűjtést. A laboratóriumi boncolás során izoláltam és dokumentáltam, majd alkoholban fixáltam az élősködőket.

Munkám során 10 halfaj 75 egyedéből 13 adult és metacerkária stádiumú Trematoda fajt, 5 csigafajból 6 eltérő morfológiájú cerkáriát mutattam ki. Egy vándorkagylóból izolált furcocerkáriát a süllő *Bucephalus polymorphus* fajával azonosítottam. A puhatestűekből gyűjtött cerkáriák (egyetlen kivétellel), Magyarországon még nem kerültek leírásra.

Köszönetnyilvánítás: KTIA-AIK-12-1-2013-0017 és OTKA K 100132

MTA, Agrártudományi Kutatóközpont, Állatorvos-tudományi Intézet Parazitológia

KÉT CYPRINIDA HALFAJ, A BODORKA ÉS A PADUC *MYXOBOLUS* (MYXOSPOREA) FERTŐZÖTTSÉGÉNEK VIZSGÁLATA

Borzák Réka, Cech Gábor, Székely Csaba, Molnár Kálmán

A bodorka (*Rutilus rutilus*) Magyarország természetes vizeinek egyik leggyakoribb halfaja. Nyálkaspórásokkal való fertőzöttsége jól tanulmányozott, és 12 leírt *Myxobolus* fajából 8-nak a molekuláris szerkezete is ismert. Ezzel szemben a folyóvizek közönséges haláról, a paducról (*Chondrostoma nasus*) csak egyetlen *Myxobolus* faj előfordulásáról tudunk.

A bodorka kopoltyújáról, uszonyáról és izomzatából kimutatott *Myxobolus* fajok mellett igen ritkán a szem szaruhártyáján is megfigyeltünk fertőzöttséget, és kérdésként merült fel, hogy azt vajon egy újabb, ismeretlen faj okozza-e, vagy pedig egy különös lokációban fejlődő ismert fajról van szó. Jelen munkánk során a spórák 18S rDNS vizsgálatával ismertté vált, hogy ez az élősködő azonos a Molnár és mtsai. által 2010-ben a kopoltyúívből leírt *M. fundamentalis* fajjal, amellyel a spórák DNS szekvenciája 100-%-ban egyezik. Az eltérő lokációt magyarázza, hogy a fajt a tömött-rostos kötőszövetben való fejlődés jellemzi. Ez a szövet a kopoltyúív ereinek adventitiájában és a szaruhártyában is fontos alkotóelem.

Paducról ez ideig csupán egyetlen *Myxobolus* faj, a *M. chondrostomi* volt ismert, amely valószínűleg a *M. pseudodispar*-ral megegyező, vagy ahhoz hasonló faj.

Vizsgálataink során dunai paduc egyedekben három, egymástól morfológiailag eltérő *Myxobolus* fajt detektáltunk, ezekből kettő a kopoltyún (a kopoltyú redőkben, ill. a kopoltyúlemez ereiben), egy pedig az úszóhólyagban fejlődött. A kopoltyúredőkben fejlődő faj morfológiailag a *M. intimus*-hoz áll közel, a kopoltyúlemez ereiben fejlődő faj pedig a *M. muelleri* fajra emlékeztet. A talált spórák molekuláris vizsgálata során azt állapítottuk meg, hogy az izolált spórák DNS szekvenciája eltér az egyéb pontyfélék morfológiailag hasonló fajaitól, és új fajoknak bizonyulnak. Morfológiai és szekvencia vizsgálataink alapján új fajnak tekinthető az úszóhólyagban fejlődő, *M. cycloides*-hez hasonló nyálkaspórás is.

Érdekességnek tűnik, hogy a paduc uszonyán talált, plazmódiumokban fejlődő *Myxobolus* faj szekvenciája 100%-ban azonosnak bizonyult a márna uszonyáról ismert *M. tauricus* szekvenciájával.

Köszönetnyilvánítás: KTIA-AIK-12-1-2013-0017 és OTKA K 100132 pályázatok

THE LIFE CYCLE OF THREE *MYXOBOLUS* SPP. AND TWO *THELOHANELLUS* SPP. (MYXOZOA) FROM FISHES OF LAKE BALATON AND KIS BALATON RESERVOIR

Borkhanuddin Hafiz, Cech Gábor, Molnár Kálmán, Székely Csaba

Myxosporean parasites have dual developmental cycles. Their actinospore stages develop in oligochaetes, but the myxospores in fishes. After morphological analysis we have examined 18S rDNA sequences of actinospores isolated from oligochaetes of Lake Balaton and Kis-Balaton Reservoir and compared them with sequences of known myxospore stages. In between 2010 to 2012, we studied the natural infection of the oligochaetes, *Branchiura sowerbyi* Beddard, 1892, *Isochaetides michaelseni* Lastockin, 1936 and *Nais* sp. Müller, 1774. Eleven actinosporean stages (4 triactinomyxon-type, 5 aurantiactinomyxon-type, 1 echinactinomyxon-type and 1 raabeia-type) were found.

Previous studies (Molnár et al., 2009) revealed the occurrence, and followed the intrapiscine infection of *Myxobolus erythrophthalmi* Molnár, Eszterbauer, Marton, Cech, & Székely, 2009 from *Scardinius erytrophthalmus* Linnaeus, 1758 and *Myxbobolus shaharomae* Molnár, Eszterbauer, Marton, Cech & Székely, 2009 from *Alburnus alburnus* Linnaeus, 1758 in the renal interstitium, liver, testes and lamina propria of the intestinal fold of the fishes. In 2010 occurrences of three new *Myxobolus* species were reported from *Rutilus rutilus* Linnaeus, 1758 of Hungarian lakes and rivers (Molnár et al., 2010). Of these species *Myxobolus fundamentalis* Molnár, Eszterbauer, Marton & Székely, 2010 were collected from the connective tissue in the gill arch of the *R. rutilus*.

In the present study, we investigated the morphology and 18S rDNA sequencing of three triactinomyxon actinospore stages that was collected from the oligochaete *I. michaelseni*, and two aurantiactinomyxon spores from *B. sowerbyi* and *Nais* sp. worms respectively. Our molecular data showed that the three actinospores (Triactinomyxon-type 1, 2, 3) had 99.9–100% similarity to the *M. erythrophthalmi*, *M. shaharomae* and *M. fundamentalis* myxospores. Partial sequence of Aurantiactinomyxon-type 1 isolated from a *Nais* sp., corresponded to the *Thelohanellus nikolskii* Akhmerov, 1955 showing 99.8% similarity. Complete sequence analysis of Aurantiactinomyxon-type 2 collected from *B. sowerbyi* showed 99.4% match with *Thelohanellus kitauei* Egusa & Nakajima, 1981, though the myxospores of *T. kitauei* has not been recorded in Hungary hitherto.

Acknowledgements:
KTIA-AIK-12-1-2013-0017,OTKA K 100132 and Malaysian Governmental Scholarship

MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézet Parazitológia, Állattan

A BELTENYÉSZTETTSÉG HATÁSÁNAK VIZSGÁLATA A SEBES PISZTRÁNG KERGEKÓR IRÁNTI FOGÉKONYSÁGÁRA

Forró Barbara, Dennis Kallert, Zsigmond Gergely, Guti Csaba Ferenc, Eszterbauer Edit

A pisztrángfélék kergekórját okozó *Myxobolus cerebralis* nyálkaspórás (Myxozoa) élősködő jelentős gazdasági és ökológiai károkért felelős világszerte. A betegség klinikai tünetei a koponya és gerincoszlop porcszövetének károsodása, ezek deformitása valamint a farokúszó fekete elszíneződése. A parazita gazdaspektruma széles, a halfajok és vérvonalak között jelentős fogékonyságbeli különbségek mutatkoznak. A szivárványos pisztráng (*Oncorhynchus mykiss*) ivadékok megbetegedése súlyos esetekben akár 80-90%-os elhulláshoz vezet. A sebes pisztráng (*Salmo trutta*), mely gazdából a parazitát leírták, szintén megfertőződhet, azonban a klinikai tünetek enyhébbek és kevesebb myxospóra fejlődik benne mint más fogékony fajokban azonos körülmények között.

Munkánk során a sebes pisztráng beltenyésztettségének a *M. cerebralis* iránti fogékonyságára gyakorolt hatását vizsgáltuk fertőzési kísérlettel. Az Aufsess-i pisztrángos tangazdaság (Németország) és a Lillafüredi Pisztrángtelep sebes pisztráng tenyészállományának genetikai vizsgálatát követően, tervezett szaporítással a németországi állományban kialakítottunk három utódcsoportot (beltenyésztett, nem beltenyésztett, közel rokon), melyek genetikai változékonyság tekintetében jelentősen különböztek egymástól. A parazitával végzett fertőzési kísérletekhez ezek mellett a hazai pisztrángosból származó atlanti-dunai hibrid vérvonalba tartozó, egy hónapos sebes pisztráng ivadékokat, és pozitív kontrollként szivárványos pisztráng ivadékokat használtunk.

Csoportonként 50 halat fertőztünk, egyedenként 3000 db parazitával. A fertőzött halakat 4 hónapon keresztül átfolyó vizes rendszerben, azonos körülmények között tartottuk. Ezt követően a kiirtott halak fejének porcos és csontos elemeit valamint kopoltyúját homogenizáltuk. Mikroszkópos számolással vizsgáltuk csoportonként 30 egyed homogenizátumában az érett parazita spórák számát. Az adatokat statisztikailag értékeltük.

A pozitív kontroll csoport erős fertőzöttsége igazolta a fertőzési kísérlet sikerességét. A lillafüredi atlanti-dunai hibrid sebes pisztrángok alacsonyabb fogékonyságot mutattak, mint a németországi, atlanti vérvonalú sebes pisztráng csoportok, mely a hazai állomány erős genetikai heterogenitásával magyarázható. A beltenyésztett és nem beltenyésztett csoportok esetében szintén kimutatható volt fogékonyságbeli különbség. A beltenyésztett sebes pisztrángokban magasabb átlagos spóraszámot detektáltunk, mint a nem beltenyésztett csoport egyedeiben. Eredményeink 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.

Anyagi támogatás: Fachberatung für Fischerei des Bezirks Oberfranken, Alexander von Humboldt Foundation, Bolyai János Kutatási Ösztöndíj.

SzIE ÁOTK, Parazitológiai és Állattani Tanszék[1] Parazitológia
Magánállatorvos[2]
SzIE ÁOTK, Patológia Tanszék[3]
Zürichi Egyetem, Állatorvosi Kar, Parazitológiai Tanszék, Svájc[4]
NÉBIH, Állat-egészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság[5]

EGYSEJTŰ ÉLŐSKÖDŐK ÁLTAL OKOZOTT JELENTŐS KÓRKÉP ELSŐ HAZAI MEGÁLLAPÍTÁSA: A SZARVASMARHA BESNOITIOSISA

Hornok Sándor[1], Fedák András[2], Baska Ferenc[3], Walter Basso[4], Dencső László[5], Abonyi Tamás[5], Dénes Béla[5]

Európában számos példa bizonyítja, hogy az elmúlt évtizedekben (részben a klímaváltozással összefüggésben) egyes vérszívó ízeltlábúak földrajzi elterjedési határa északabbra tolódott, és így az általuk közvetített ún. *vector-borne* kórokozók előfordulása is hasonlóan módosult. Az viszont kevésbé ismert, hogy ha egy *vector-borne* kórokozó Nyugat-Európában honos és kompetens vektorai vannak a korábban mentes közép- és kelet-európai területeken, akkor az endémiás régió nyugat-keleti irányú bővülése is lehetséges.

A szarvasmarhát, egyes vadon élő kérődzőket megbetegítő *Besnoitia besnoiti* (Apicomplexa: Sarcocystidae) olyan egysejtű élősködő, amely Nyugat-Európában (Franciaország, Portugália, Spanyolország) régebb óta jelen van, de az elmúlt néhány évben Olaszországba, Svájcba és Németországba is behurcolták. A szöveti cisztát képző coccidiumok között ritka kivételként főleg mechanikai vektorok (vérszívó legyek, böglyök) útján terjed. Noha feltételezik, hogy más *Besnoitia*-fajokhoz hasonlóan obligát heteroxen, végleges gazdája nem ismert. A szarvasmarha köztigazdák között – a kétszárnyúak közvetítő szerepén túl – más fertőződési módokkal is továbbjuthat, így iatrogén ártalomként ismételt tűhasználattal, valószínűleg bőr illetve nyálkahártya kontaktussal, esetleg inhalációval is.

2011-ben egy kelet-magyarországi, nagy létszámú húsmarha állományba Franciaországból vásároltak üszőket, majd 2012-ben tenyészbikákat. Mivel a szarvasmarha besnoitiosis nem tartozik bejelentési kötelezettség alá, import illetve beállítás előtt nem végezték el az állatok ilyen irányú szűrővizsgálatát, karantén alatt pedig nem jelentkeztek tünetek. 2012-ben azonban egy, majd 2013-ban több, részben helyi születésű szarvasmarhánál végtag oedema, dyspnoe, később szőrhullás és bőrvastagodás (ráncosodás) mutatkozott. A leginkább beteg hét állat esetében bőr biopsziát végeztünk, továbbá ezekből és három társukból, valamint két tünetmentes, szintén külföldről származó bikából szerológiai vizsgálatokhoz vért vettünk. A szövettan, a PCR, az ELISA, a Western blot és az IFAT igazolta a besnoitiosist, első alkalommal az egész közép-kelet-európai térségben. A molekuláris és szeroepidemiológiai vizsgálatokat tovább folytatjuk az állományban és a környező településeken.

EGYSEJTŰ ÉLŐSKÖDŐK ÁLTAL OKOZOTT JELENTŐS KÓRKÉP ELSŐ HAZAI MEGÁLLAPÍTÁSA: A KUTYA HEPATOZOONOSISA

Hornok Sándor, Farkas Viola, Tánczos Balázs, Farkas Róbert

A parazitológia tudományán belül a vérszívó ízeltlábúak, különösen a kullancsok által terjesztett kórokozók vizsgálata az utóbbi évtizedben előtérbe került. Az újonnan kifejlesztett érzékeny és specifikus molekuláris biológiai módszerek ugyanis lehetővé tették a vektorok akár alacsony szintű fertőzöttségének kimutatását, a bennük előforduló ún. *vector-borne* ágens(ek) faji azonosítását, illetve a tünetmentes gazdák, rezervoárok pontosabb szűrővizsgálatát is.

A kutya egyik jelentős *vector-borne* kórképét, a hepatozoonosist Európában a *Hepatozoon canis* (Apicomplexa: Hepatozoidae) okozza. A kutyák a kullancs vektor (*Rhipicephalus sanguineus*) szájon át való felvételével fertőződnek, majd a fejlődésmenet főként a haemolymphaticus szövetekben zajlik. A fertőzöttség gyakran tünetmentes, de anaemiával, gyengeséggel és lesoványodással járó súlyos megbetegedés, ritkán elhullás is előfordulhat. A *H. canis* egy nemrég (2007-2008-ban) Horvátországban végzett felmérés szerint a magyar határtól nem messze is jelen van kutyákban, viszonylag magas prevalenciával. Ez nem meglepő annak tükrében, hogy az ismert vektor (*Rh. sanguineus*) mediterrán elterjedésű kullancsfaj. Az viszont szokatlan, hogy e protozoon autochton jelenlétét (kisszámú mintában) kimutatták Szlovákiában (2005), Lengyelországban (2007), Írországban és Ukrajnában (2010), illetve Ausztriában és Romániában (2012-2013) is.

A hazai előfordulás felmérésére haematológiai és molekuláris vizsgálatokat végeztünk a déli határ mentén (Zala-, Somogy-, Baranya- és Csongrád-megye területén) extenzíven tartott kutyák vérmintáiból, és a kutyákról gyűjtött kullancsokból. Összesen 100 terelőkutya, 12 vadászkutya és 14 kóbor eb szerepelt a felmérésben. A 126 vérmintából 33 (26%) bizonyult PCR pozitívnak, legmagasabb aránnyal a terelőkutyák körében. A kullancsok közül a *Dermacentor* nimfákban és lárvákban a *H. canis* csak akkor volt kimutatható, ha PCR pozitív kutyáról gyűjtöttük azokat, és a *H. canis* genotípus mindig egyezett a kullancsban és gazdájában. Ezzel szemben a *Haemaphysalis concinna* nimfák esetében PCR pozitív példányt találtunk PCR negatív kutyán is, továbbá különböző genotípus fordult elő e kullancsokban és az általuk fertőzött kutyákban.

Feltételezésünk szerint a kutya hepatozoonosisának dél-magyarországi, magas prevalenciával jellemezhető előfordulása nem a klímaváltozással és a *Rh. sanguineus* előfordulási határának északabbra tolódásával magyarázható, hanem eddig ismeretlen járványtani tényezőkkel (más biológiai vektor és/vagy fertőződési mód).

SZIE ÁOTK, Parazitológiai és Állattani Tanszék[1]
NÉBIH, Állat-egészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság[2]

A VÖRÖS RÓKA (*VULPES VULPES*) ÉS AZ ARANY SAKÁL (*CANIS AUREUS*) *HEPATOZOON CANIS* OKOZTA FERTŐZÖTTSÉGE HAZÁNKBAN

Farkas Róbert[1], Tánczos Balázs[1], Gyurkovszky Mónika[1], Hornyák Ákos[2], Takács Nóra[1], Hornok Sándor[1]

Európában a kutyák kullancsok által terjesztett egysejtű kórokozói közül a *Hepatozoon canis* az egyik leggyakoribb. A parasitosis endémiásan fordul elő a vektorként ismert *Rhipicephalus sanguineus* elterjedési területén, így Európa déli részein, az Ibériai-félszigettől a Balkánig. Az utóbbi évtizedben olyan szomszédos és távolabbi országban is megállapították a parazita előfordulását a kutyák mellett vörös rókában és arany sakálban, ahol nincs jelen a vektorként ismert kullancsfaj. Hasonló történt hazánkban is, hiszen a déli határ közelében élő kutyákban találtuk meg az egysejtűt, amelyek helyben fertőződtek, de ennek a módja még ismeretlen, hiszen a térségből nem került elő a *Rh. sanguineus*. A korábbi vizsgálatok folytatásaként arra kerestünk választ, hogy a *H. canis* hazai felbukkanásában és terjedésében a vörös rókának és az arany sakálnak lehet-e szerepe.

Az ország 16, főleg déli megyéiben lőtt 333 vörös rókából és Baranyából származó 10 arany sakálból származó vérmintákból kivontuk a DNS-t és *H. canis* jelenlétét vizsgáltuk molekuláris biológiai módszerrel.

A rókák közül 25 (7,5%) és kettő kivételével az összes arany sakál fertőzött volt. A véletlenszerűen kiválasztott 12 róka és 6 sakál mintáinak szekvencia analízise alapján ezeket minden esetben *H. canis*-ként azonosítottuk, amelyek a génbankban elhelyezett szekvenciákhoz viszonyítva 99-100 %-os hasonlóságot mutattak a horvát és az olaszországi rókákban találtakkal. A legtöbb fertőzött rókát Somogy (7/17, 41,2%), Baranya (6/20, 30%) és Vas megyében (5/11, 45,4%) lőtték. A déli területektől távolabb, így pl. Jász-Nagykun-Szolnok, Szabolcs-Szatmár-Bereg és Veszprém, valamint további három megyéből származó rókák között is találtunk fertőzött egyedet.

Az eredmények arra utalnak, hogy a kutyák mellett a vörös rókák és az arany sakálok között is jelen van a *H. canis.* Az eddigi ismereteink alapján arra lehet következtetni, hogy az egysejtű a vadon élő ragadozókkal kerülhetett át hazánkba a délen szomszédos országokból. Lehetséges, hogy a rókáknak és az egyre nagyobb területen elterjedő arany sakáloknak szerepe van a kutyák fertőződésében. További vizsgálatokat igényel azonban annak tisztázása, hogy a vektorként ismert *Rh. sanguineus* jelen van-e az országban, vagy más kullancsfaj, illetve fertőződési mód játszik-e szerepet a *H. canis* felbukkanásában és terjedésében.

MTA, Agrártudományi Kutatóközpont, Állatorvos-tudományi Intézet[1] Parazitológia
SZIE, Állatorvos-tudományi Kar, Járványtani és Mikrobiológiai Tanszék[2]

KULLANCSOK TENYÉSZTHETŐ BAKTÉRIUMFLÓRÁJÁNAK VIZSGÁLATA

Egyed László[1], Makrai László[2]

Cél: Különböző gyűjtőhelyeken többféle kullancsfaj különböző fejlődési stádiumainak begyűjtése, a kullancsok belső baktérium flóra tenyészthető fajainak kimutatása, és azok faj szintű azonosítása.

Módszer: Hat dunántúli gyűjtőhelyen 3 kullancsfaj (*Ixodes ricinus, Dermacentor reticulatus, Haemaphysalis concinna*) 3 fejlődési alakját (126 kullancs) gyűjtöttük be. A felszíni mikroorganizmusok formalinnal való inaktiválása után egyedenként lizáltuk a kullancsokat, és a szuszpenziókat véresagaron, 3 különböző hőmérsékleten (4˚C, 20˚C, 37˚C, aerob és anaerob légtérben inkubáltuk. Az izolált telepek színtenyészeteiből készített szuszpenzióiból univerzális 16S riboszomális RNS gén primereket használva a 16S rRNS gént PCR-el amplifikáltuk, majd az izolátumokat a szekvenciák alapján faj szinten azonosítottuk. Négy kétes esetben szénforrás hasznosításon alapuló anyagcsere-ujjlenyomat vizsgálattal határoztuk meg az izolátumokat.

Eredmény: 21 genusba tartozó 116 baktériumot izoláltunk. Az izolátumok többsége (89,65%) Gram-pozitív volt. A *Haemaphysalis concinna* faj legkevésbé volt baktériumokkal terhelt, az egyes fejlődési stádiumokban a baktérium/kullancs arány egyre nőtt, azaz egyre több baktériumot tartalmaztak, jelezvén a környezetből való fertőződést. A lárvák fertőzöttsége nagyon alacsonynak bizonyult, ami alapján feltételezhető, hogy sterilen kelnek ki a petéből, és a baktériumok a külvilággal érintkező testüregeiket az idő előrehaladtával folyamatosan kolonizálják. Leggyakoribb genus a *Staphylococcus* (18,1%) és a *Bacillus* (7,75%) volt, az izolált fajok 21,56%-a a gazdafajok bőréhez és nyálkahártyáihoz köthető fajnak bizonyult. A meghatározott baktériumok közül 14-et már leírtak, mint emberben septikaemiát okozó fajt. Néhány genus (*Mycobacterium, Bacillus*) fajai viszonylag nagyobb számban voltak jelen a mintákban, ami felveti ezen fajok kullancsokban történő szaporodásának lehetőségét. Tíz anaerob baktériumot izoláltunk, leggyakoribb a fakultatív bőrpatogén *Propionibacterium acnes* volt. A 6 mintavételi helyről izolált baktériumok között nem volt szignifikáns eltérés.

Következtetés: Az eredmények jelzik, hogy a kullancsok belső baktérium flórája összetett, több, eddig ismeretlen fajt izoláltunk, néhánynak orvosi jelentősége is van. Egyes genusok tagjai szaporodni is képesek a kullancsokban, kimutatható volt a kullancsfajok eltérő bakteriális fertőzöttsége. Bár a környezetből való bakteriális fertőződés feltételezett volt, adataink először bizonyítják ezt a folyamatot. Szintén először sikerült obligát anaerob baktériumokat kimutatni kullancsokból.

Köszönetnyilvánítás: A munkát az OTKA K81258 és K103937 támogatásával végeztük.

SzIE Állatorvos-tudományi Kar, Parazitológiai és Állattani Tanszék[1] Parazitológia
Magyar Természettudományi Múzeum Állattára[2]
SZIE ÁOTK Belgyógyászati Tanszék és Klinika, Fővárosi Állat- és Növénykert[3]
National Institute of Public Health and Environment, Bilthoven, Hollandia[4]

KULLANCSOK ÁLTAL TERJESZTETT ZOONOTIKUS BAKTÉRIUMOK JÁRVÁNYTANA A MARGIT-SZIGETEN

Földvári Gábor[1], Szekeres Sándor[1], Rigó Krisztina[1], Jablonszky Mónika[1], Majoros Gábor[1], Tóth Mária[2], Molnár Viktor[3], Elena Claudia Coipan[4], Setareh Jahfari[4], Hein Sprong[4]

A Margit-szigeten végzett korábbi vizsgálataink alapján a keleti sün (*Erinaceus roumanicus*) központi szerepet tölt be az *Ixodes ricinus* kullancsfaj stabil populációjának fenntartásában. Emellett a sünök jelentős mértékben járulnak hozzá a parkban élő kullancsok *Borrelia*-fajokal való fertőzöttségéhez is. Jelen vizsgálatunkban a sünök járványtani szerepét, illetve az emberi fertőződés veszélyét vizsgáltuk további két, az *I. ricinus* által terjesztett zoonotikus baktérium esetében.

A korábbiakban vizsgált 88 sün fülből származó szövetmintájából, illetve 534 vegetációról gyűjtött kullancsból (lárva, nimfa, nőstény, hím) vontunk ki DNS-t. Ezekben egy multiplex valós idejű PCR segítségével egyidejűleg vizsgáltuk az *Anaplasma phagocytophilum* és a *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis jelenlétét. A pozitív minták egy részét konvencionális PCR-rel és szekvenálással is vizsgáltuk.

A sün szövetminták közül 2 (2,3%) bizonyult *Cand*. N. mikurensis-szel és 67 (76,1%) *A. phagocytophilum*-mal fertőzöttnek. A növényzetről gyűjtött kullancsok 19,3% volt *Cand*. N. mikurensis-szel és 22,1%-a *A. phagocytophilum*-mal fertőzött. A nőstény kullancsok *A. phagocytophilum*-mal való fertőzöttsége szignifikánsan magasabb volt (36%, $p<0,001$) a többi stádiuméhoz képest. A nemrég felfedezett, neoehrlichiozist okozó baktérium vélhetően magasabb prevalenciával fordul elő a vizsgált sünpopulációban, mivel a bőrszövet nem a tipikus lokalizációja. A magasabb valós fertőzöttségi szintre utal a növényzetről gyűjtött kullancsok relatíve nagyarányú *Cand*. N. mikurensis fertőzöttsége is. A magas *A. phagocytophilum* prevalencia alapján feltételezhetjük, hogy a keleti sün a nyugati sünhöz (*Erinaceus europaeus*) hasonlóan rezervoár gazdája lehet ennek a baktériumnak. Annak felderítése, hogy ezek az urbanizált emlősök valóban rezervoárjai e kórokozóknak, további vizsgálatokat fog igényelni.

Munkánkhoz az NKB 15908 pályázat nyújtott anyagi támogatást.

SzIE Állatorvos-tudományi Kar, Parazitológiai és Állattani Tanszék[1] Parazitológia
National Institute of Public Health and Environment, Bilthoven, Hollandia [2]

KISEMLŐSÖK ÉS KULLANCSOK *CANDIDATUS* NEOEHRLICHIA MIKURENSIS ÉS *ANAPLASMA PHAGOCYTOPHILUM* FERTŐZÖTTSÉGE GEMENCEN

Szekeres Sándor[1], Rigó Krisztina[1], Majoros Gábor[1], Elena Claudia Coipan[2], Setareh Jahfari[2], Hein Sprong[2], Földvári Gábor[1]

A leggyakrabban terjesztett Lyme kórokozón kívül (*Borrelia* ssp.) több más kórokozót is képesek továbbítani csípésükkel a kullancsok. Ebben a vizsgálatban ezek közül a nemrég felfedezett *Ca*. N. mikurensis és az *A. phagocytophilum* fertőzöttséget vizsgáltuk a kullancsokkal legnagyobb számban találkozó gazdák, a kisemlősök (egerek, pockok) között. Mind a két kórokozó képes emberben is megbetegedést, neoehrlichiózist, illetve anaplazmózist okozni.

A vizsgálatunkhoz a kisemlősöket élve fogó csapdákkal fogtuk Gemencen, a Duna árterében 2010 és 2013 között. A kisemlősökből lép és bőrmintát vettünk és összegyűjtöttük az összes rajtuk található kullancsot. A vizsgálatot kiegészítve a növényzetről zászlózással is gyűjtöttünk kullancsokat. A mintákban kivont DNS-ből multiplex kvantitatív PCR-rel egyidejűleg vizsgáltuk a két kórokozó jelenlétét. Az *A. phagocytophilum* második nagy felületi fehérje génjére (msp2) és a *Ca*. N. mikurensis esetében a GroEl hősokk fehérje génjére (groEL) specifikus primereket használtunk.

A befogott kisemlősök (241 *Apodemus agrarius*, 165 *A. flavicollis*, 36 *Myodes glareolus*, 12 *Microtus arvalis*, 5 *Mus musculus*, 4 *Micromys minutus*) szövetmintáiban 6,48%-os (bőr) és 11%-os (lép) *A. phagocytophilum,* valamint 2,25%-os (bőr) és 2,87%-os (lép) *Ca.* N. mikurensis fertőzöttséget találtunk. A sárganyakú erdeiegér (*A. flavicollis*) *A. phagocytophilum* fertőzöttsége szignifikánsan magasabb volt a bőr- ($p=0,01$), és lépmintákban ($p<0,0001$) is mint a pirókegereké (*A. agrarius*).

A növényzetről gyűjtött kullancsokból két *Dermacentor reticulatus* nőstényben, két *Haemaphysalis concinna* nőstényben és egy *Ixodes ricinus* hímben *A. phagocytophilum* kórokozó jelenétét mutattuk ki. Ezen felül, egy-egy *I. ricinus* nőstényben, hímben és nimfában találtunk *Ca*. N. mikurensis fertőzöttséget. A 164 kisemlősről gyűjtött kullancs közül mindössze egy *I. ricinus* nimfából (0,06%) tudtuk kimutatni az *A. phagocytophilum* DNS jelenlétét, a másik kórokozót ezekben nem találtuk meg.

Eredményeink alapján a két vizsgált kórokozó előfordul a gemenci térségben, és fenntartásában fontos szerepe van a rágcsálóknak, különösen a sárganyakú erdei egér populációnak.

Munkánkhoz az NKB 15908 pályázat és a Gemenc Zrt. nyújtott anyagi támogatást.

MTA-ELTA-MTM Ökológiai Kutatócsoport Parazitológia, állattan

OKULÁRIS PENTASTOMIDA FERTŐZÉSEK LOKALIZÁCIÓJA AZ EMBERBEN: EGY EVOLÚCIÓS HIPOTÉZIS

Rózsa Lajos

Bevezetés: Az *Armillifer* és a *Linguatula* génuszok fajai olyan féregatkák, melyek a természetben jellemzően emlős köztigazdákat fertőznek. A hüllő vagy emlős végleges gazdák akkor fertőződnek, ha ragadozóként zsákmányul ejtik és elfogyasztják a fertőzött köztigazdát. A peték olykor embert is fertőzhetnek, ilyenkor a bélcsatornában kikelő lárvák az embert, mint köztigazdát károsítják.

Cél: Közel két tucat olyan emberi fertőzés ismert, melyek a páciensek szemét károsították, gyakran vakságot okozva. Habár egy-egy ember fertőzésében gyakran sok féregatka lárva szerepel, de szemfertőzések esetén mindig csak az egyik szem károsodik, sosem mindkettő. Ez szokatlan jelenség a fertőző szembetegségek körében, melyek olykor a páciens mindkét szemét károsíthatják. Célom olyan hipotézis kialakítása, mely magyarázatot adhat e jelenségre.

Hipotézis:

1. A petének a vékonybélben való kikelésétől a szemig egy viszonylag hosszú és komplex anatómiai útvonal vezet a köztigazda testén át. A lárva vagy véletlenül sodródik a szembe, vagy a szembe jutás és az ottani továbbfejlődés a parazita számára adaptív. Itt ez utóbbi lehetőséggel foglalkozom.

2. Ha köztigazda szemét károsítani a parazita számára adaptív viselkedés, akkor várható, hogy az így okozott látáskárosodás mértéke is a parazita számára adaptív mérték lesz.

3. Valószínűnek vélem, hogy az egyik szemére megvakult emlős köztigazda megőrzi a szokásos mozgékonyságát, táplálékért, ivóvízért, nemi partnerekért stb. járva szokásos napi rutin mozgását végzi. Látása felét elveszítve azonban fokozottan ki lesz téve a ragadozók támadásainak, ami a parazita számára kedvező. Ha viszont a parazita mindkét szemet károsítaná, akkor a teljesen megvakított köztigazda inaktívvá válna, nem mozogna, ami már csökkentené a ragadozó zsákmányául esés esélyét. Különösen igaz lehet mindez az *Armillifer* fajokra, melyek végleges gazdái kígyók, tehát jórészt lesből támadó ragadozók.

4. Ez az elképzelés feltételezi, hogy az azonos köztigazdában élő lárvák kommunikálnak egymással. Ennek legegyszerűbb mechanizmusa talán az lehet, ha a legelőször szembe érkező lárva kibocsát egy feromont, melynek hatására a többi lárva már nem törekszik a szemek felé. Ha csak egy lárva érkezik a szembe, akkor biztosan csak az egyik szem károsul. Más kórokozók köréből ismerünk olyan fajokat, ahol az egyedek kommunikálnak egymással a fertőzés virulenciájának számukra optimális mértékével kapcsolatban, de ízeltlábú paraziták esetében erre még nem ismert példa.

Köszönetnyilvánítás: Ez a kutatás az Európai Unió és Magyarország támogatásával a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 azonosító számú „Nemzeti Kiválóság Program – Hazai hallgatói, illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése konvergencia program” című kiemelt projekt keretei között valósult meg.

Kaposvári Egyetem, Agrár- és Környezettudományi Kar[1]
SEFAG Erdészeti- és Faipari Zrt. [2]
Somogy Megyei Kormányhivatal, Élelmiszerlánc-biztonsági és Állategészségügyi Igazgatóság[3]

A *HAEMONCHUS CONTORTUS* FAJ ELŐFORDULÁSI VISZONYAI DÉL-DUNÁNTÚLI KÉRŐDZŐKBEN

Nagy Gábor[1], Ács Kornél[2], Csivincsik Ágnes[3], Sugár László[1]

Legeltetett kérődző állományokban az egyik legnagyobb állategészségügyi problémát a *Haemonchus contortus* fertőzöttség jelenti világszerte. A gyomorban élő, és a gazdaszervezet vérével táplálkozó faj fenotípusos plaszticitásának köszönhetően szinte minden kérődző fajban veszélyeztetheti a gazdaságos termelést. A féreg, jelentősége ellenére, Magyarországon kevéssé kutatott.
A 2013. áprilisban kezdődött kutatásunkban először a faj Dél-dunántúli elterjedését vizsgáltuk. Összesen 143 oltógyomrot boncoltunk, melyek 8 kérődzőfajból (dámszarvas, gímszarvas, muflon, őz, juh, kecske, bivaly, szarvasmarha) származtak. Gímszarvas esetében külön vizsgáltuk a szabad területek populációit, illetve intenzív körülmények között tartott szarvasokat. Eddigi eredményeinket a következő táblázatban közöljük:

Gazdafaj	Vizsgált minta (egyed)	Fertőzött (egyed)	Prevalencia (%)	Átlagos intenzitás (egyed)
dámszarvas	34	1	2,9 (CI95% = 1,6-15,6)	Nem értelmezhető. (Fertőzöttben 20 féreg.)
gímszarvas (szabad)	36	3	8,3 (CI95% = 2,31-21,9)	127,3 (CI95% = 40-181,8)
gímszarvas (kert)	17	16	94,1 (CI95% = 76,4-99,4)	370 (CI95% = 178,8-805)
juh	22	20	90,9 (CI95% = 70,9-98,3)	703,7 (CI95% = 417,7-1111,5)
kecske	10	10	100 (CI95% = 70,9-100)	1214 (CI95% = 736-1872)
muflon	2	1	50,0 (CI95% = 5,1-94,9)	Nem értelmezhető. (Fertőzöttben 14 540 féreg.)
őz	15	11	73,3 (CI95% = 50-87,82)	520 (CI95% = 330,9-758,2)
bivaly	2	0	0	0
szarvasmarha	5	0	0	0

Adataink alapján elmondható, hogy a *H. contortus* közönségesnek mondható juhban, kecskében, illetve őzben és a kerti gímszarvas-állományban.

Köszönjük a SEFAG Zrt. hivatásos vadászainak és a vadászatokon résztvevő zsigerelőknek azt a következetes együttműködést és türelmet, amely nagyban hozzájárult eredményes munkánkhoz!

Parazitológia

Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Információs Technológiai és Bionikai Kar[1]
Torinói Műszaki Egyetem, Elektronikai és Telekommunikációs Tanszék[2]
SzIE ÁOTK, Parazitológiai és Állattani Tanszék[3]

MIKROFLUIDIKAI BIOCHIPEK TERVEZÉSE ÉS GYÁRTÁSA MIKROBIOLÓGAI VIZSGÁLATOKHOZ

Laki András József[1,2], Iván Kristóf [1], Fok Éva[3], Jacsó Olga[3], Civera Pierluigi[2]

Kvantitatív orvosbiológiai és állatorvosi kísérletek elvégzéséhez nélkülözhetetlen a megfelelő vizsgálati eszközök használata. Az általunk tervezett és készített mikrofluidikai biochipekben tetszőleges geometriát alakíthatunk ki. Eszközeink tökéletesen átlátszóak, biokompatibilisek és mikrométeres pontossággal készülnek tetszőleges mikrobiológiai feladathoz. Sejtvizsgálatokhoz, általános mintaelőkészítési módszerekhez, mikrométeres tartományban történő specifikus szűrési feladatokhoz, valamint hasonló vizsgálati feladatokhoz tervezünk, áramlástanilag optimalizálunk és gyártunk mikrofluidiai cellákat, eszközöket. Eszközeink sterilek, egyszerhasználatosak, tárgylemez méretűek, így könnyen alkalmazhatóak akár fénymikroszkópos feladatoknál is.

Sikeresen használtuk az egyik mikrofluidikai cellánkat egy általunk választott parazita kimutatásához. A filarioida fajok, így a *Dirofilaria*-fajok okozta fertőzöttség kimutatására többféle módszer áll rendelkezésre. Az egyik lehetőség a végleges gazdák vérében a mikrofilarémia esetében keringő mikrofiláriák kimutatása. A rutinszerűen használt módszerek közül néhány példa: vérkenet készítése, hematokrit módszer, módosított Knott-féle módszer és mikroszűrés. Alacsony populáció esetén a mikrofiláriák kimutatása nehézkes, egyes esetekben csak szűrési technikák alkalmazásával javítható a detektálási hatékonyság.

Az egyik általunk fejlesztett mikrofluidikai biochip segítségével koncentrálhatjuk a biológiai mintában jelenlévő parazitákat, megőrizve közben a vérminták összetételét. Biokompatibilis, tökéletesen áttetsző, mikrofluidikai szűrőnk segítségével a vérben lévő paraziták kimutatása megbízhatóbb és hatékonyabb lehet. Kísérleteink során alvadásban gátolt, mikrofiláriákat tartalmazó kutyavért áramoltattunk keresztül automata fecskendőpumpa segítségével a mikrofluidikai cellánkon, ami egy bemenettel és egy kimentettel rendelkező izobár mirofluidikai szűrőstruktúra. A vérben lévő paraziták kiszűrésének hatékonyságát vizsgáltuk különböző áramlási sebességek és szűrőkeresztmetszetek esetén.

Köszönetet szeretnénk nyilvánítani a TÁMOP-4.2.1./B-11/2/KMR-2011-002 és a TÁMOP-4.2.2./B-10/1-2010-0014 támogatásoknak.

A *GALBA TRUNCATULA* CSIGÁK ÉLŐHELYÉNEK ÉS TERJEDÉSÉNEK MEGHATÁROZÓ SZEREPE A MÁJMÉTELYKÓR FENNTARTÁSÁBAN

Majoros Gábor

A köztigazdákkal fejlődő élősködő férgek járványtani sajátosságai nagymértékben függenek a lárvák terjesztését végző köztigazdák életmódjától. Sok esetben a kistestű köztigazdák élőhelye erősen behatárolt és ez endemikussá teszi az általuk fenntartott paraziták előfordulását. Például a patások májmételykórját jellegzetesen endemikus betegségnek tartják, mivel a fertőzés általában bizonyos helyekhez kötődik, ahol a köztigazda csiga él. Ennek ellenére például a *Fasciola hepatica* a közönséges májmétely és a *Fascioloides magna,* a szarvasok mételykórját okozó, nagy amerikai májmétely is erős terjeszkedési hajlamot mutat, elsősorban a kifejlett férgeket hordozó gazdák szándékos betelepítése vagy nagy mozgásképessége miatt. A májmételyek ugyanakkor csak ott telepednek meg tartósan a gazda populációkban, ahol a köztigazda és a végleges gazda rendszeres találkozása végbemegy, mert akármelyik hiánya megakadályozza a métely fejlődési ciklusának teljessé válását.

Míg Magyarországon, még a múlt század első felében elterjedt, s főleg tülköszarvúakat fertőző *Fasciola hepatica* jelenleg valószínűleg a kihalás szélére került elsősorban a házi kérődzők tartási viszonyainak és állatorvosi felügyeletének fokozatos javulásával, addig az agancsos vadakban meghonosodott *Fascioloides magna* a Duna mentén terjed déli irányban. Érdekes azonban, hogy csak az ártéri erdők vagy azok körül élő vadakban fordul elő májmételyes fertőzöttség, noha a szarvasok és őzek távolabbra is széthurcolhatják a métely petéit. Ahhoz azonban, hogy például a Szigetközben és Gemencen észlelt súlyos fertőzöttség kialakuljon, a csigák koncentrációja szükséges, ami ismételt fertőzést tesz lehetővé.

Természetes élőhelyein, a folyó vizek iszapos partszakaszain a fenti két métely köztigazdája, a *Galba truncatula* ritka, s ennek magyarázata, hogy nagyon sekély vízzel borított, csupasz iszapfelszínen él csak meg, amit nem nő be alga vagy más növény. Mivel folyóvízben az ilyen iszaprétegek csak alkalmilag képződnek, rendszerint mindig más és más helyen, a csiga is változtatja élőhelyét, és nem tud stabil, sűrű populációt létrehozni. Noha a Duna partján szórványosan előfordul a *G. truncatula*, megfigyeltük, hogy Gemencen a több száz egyedet tartalmazó populációk kizárólag a dagonyákban jönnek létre, mert azoknak az iszapfelszínén az állatok dagonyázása megakadályozza az algák elszaporodását. A dagonyákban lehet a fertőzött csigákat megtalálni, mert a szarvasok szinte mindig beleürítik hulladékukat. a sárba, s így a bélsárból kikelő miracidiumok könnyen fertőzik az ott élő csigákat. Korábban úgy véltük, hogy az egyes dagonyákban folyamatosan fennmaradnak a csigák, de a 2013. évi nagy dunai árvíz után nyilvánvalóvá vált, hogy az áradások kisöprik a dagonyákból azokat, és újra kell településiük oda. Az árvíz által lerakott hordalékokból a *G. truncatula* üres héjai gyűjthetők csak, ezért az élőket az árvíz nem terjeszti hatékonyan.

Mi terjeszti tehát a *G. truncatula* csigákat és honnan településnek be rendszeresen a dagonyákba? Minden jel arra vall, hogy maguk a dagonyázó állatok terjesztik mételyeik köztigazdáját is, és azok megtelepedése csak alkalmas élőhely kérdése. Feltételezhető, hogy a kérődzők májmételyei éppen azért fejlődnek a kistestű lymnaeida csigákban, mert alkalmazkodtak azokhoz a köztigazdákhoz, amelyek a kérődzők életterében előfordulhatnak.

Vizsgálataimat az NKB 4533 /53/2013 pályázat támogatta.

Parazitológia, állattan

SzIE, Állatorvos-tudományi Kar, Biomatematika Tanszék[1]
SzIE, Állatorvos-tudományi Kar, Biológia Intézet, Ökológiai Intézet[2]
ELTE, Anatómiai, Sejt-és Fejlődésbiológiai Tanszék[3]
Ócsai Madárvárta Egyesület[4]

IVARI DIMORFIZMUS VIZSGÁLATA MOLEKULÁRIS ÉS STATISZTIKAI MÓDSZEREKKEL ÉNEKESMADARAKNÁL

Ágh Nóra[1,2,4], Kovács Szilvia[1,2,4], Reiczigel Jenő[1], Lang Zsolt[1], Csörgő Tibor[3,4], Harnos Andrea[1,4]

A molekuláris genetikai technikák jól használhatóak madárgyűrűzésen és hosszútávú adatsorokon alapuló vizsgálatok kiegészítéséhez, például ivarhatározáshoz. Segítségével olyan fajok esetén is vizsgálhatóvá válik az ivarcsoportok vonulási stratégiája, amelyeknél a terepen csak az korcsoportok különíthetőek el egyértelműen. Így lehetővé válik az eddig összevont csoportok külön-külön vizsgálata, árnyaltabb képet adva a monomorfikus fajok vonulási stratégiájáról és mintázatáról. Továbbá az ivart pontosan meghatározva, ellenőrizhetjük a korábbi, biometriai jellemzők alapján, statisztikai módszerekkel végzett elkülönítések megbízhatóságát a csilpcsalpfüzike (*Phylloscopus collybita*) esetén. A statisztikai módszerek alkalmazásával a költséges labormunkát helyettesíthetjük.

Vizsgálataink első felében 3 közelrokon nádiposzáta fajból (énekes nádiposzáta – *Acrocephalus palustris*, cserregő nádiposzáta – *A. scirpaceus*, foltos nádiposzáta – *A. schoenobaenus*) vettünk vérmintát több száz egyedből 2012. és 2013. július 10. és október 10 között az Ócsai Madárvárta területén. A mintákat a Biológia Intézet genetikai laborjában dolgoztuk fel, a DNS kivonását kezdetben a kisózásos protokoll szerint végeztük, majd utána áttértünk a DNS-izoláló kit (Dneasy Blood & Tissue KIT) használatára. Ez utóbbi módszer a kevésbé jó minőségű minták esetén is használható és tisztább izolálásra alkalmas. Az ivar meghatározását a P2-P8 primer párral végeztük, ami az ivari kromoszómákon található CHD1 génhez kötődik. A nádiposzátáknál ez a primer pár 390 bázispár hosszú fragmentet erősít fel a W kromoszómán (csak a tojóknál található meg), és 370 bázispár hosszú fragmentet a Z kromoszómán (mindkét ivarban). Ez a különbség jól elkülöníthető 3%-os agaróz gélen 2 órán keresztül futtatva. További tervünk a begyűjtött csilpcsalpfüzike minták ivari meghatározása.

A molekuláris módon meghatározott ivarcsoportok esetén kiderült, hogy az énekes nádiposzáta öreg korcsoportjában a vonulás végén több tojó vonul át a területen, mint hím. Kiegészítve a vizsgált mintát a kotlófolt és kloákadudor alapján, a terepen meghatározott ivarú egyedekkel, kiderült, hogy mindhárom faj esetén a tojók vonultak át később nagyobb arányban, illetve a tojók vonulása szignifikánsan később zajlik, mint a hímeké. Ezt a mintázatot az is okozhatja, hogy a kotlófoltot tovább lehet észlelni, mint a kloákadudort. Az ivarok között biometriai különbségeket is ki lehetett mutatni, a hímek átlagos szárnyhossza nagyobbnak bizonyult. Az is kiderült, hogy az átlagosan rövidebb szárnyú egyedek vonultak át a területen korábban a fiatal énekes és foltos nádiposzáta esetén. Ha igaz, hogy a tojók később vonulnak ennél a két fajnál, akkor a megfigyelt mintázatot feltételezhetően a hosszabb szárnyú, északabbi költőterületekről átvonuló egyedek okozhatják. A cserregő nádiposzáta esetén mind a két korcsoportban az átlagosan hosszabb szárnyúak vonulnak korábban, amit okozhat az ivarok eltérő vonulása. A további minták feldolgozása és összegzése szükséges a pontosabb eredményekhez, és részletesebb statisztikai elemzésekhez.

FILOGEOGRÁFIAI ÉS POPULÁCIÓ-GENETIKAI VIZSGÁLATOK A KÁRPÁT-MEDENCEI RÉTISAS-POPULÁCIÓBAN (HALIAEETUS ALBICILLA)

Nemesházi Edina, Szabó Krisztián, Kövér Szilvia

A 20. század első felében Európa rétisas-populációi drasztikus mértékű egyedszám-csökkenésen estek át, mely az 1970-es évekre érte el a mélypontját. Ekkor Magyarország területének teljes költőállománya kb. 10 párból állhatott, és csak a dél-dunántúli régióban volt ismert. Védelmi intézkedéseknek köszönhetően, Európa-szerte, így hazánk területén is növekedésnek indult az állomány, mely napjainkban meghaladja a 220 költőpárt. A faj más populációiban végzett genetikai vizsgálatok során, meglepő módon, nem találták nyomát palacknyak-hatásnak. Ez feltehetően a faj hosszú generációs idejéből, és az állományok közti génáramlásból adódik, habár más vizsgálatok alapján a faj egyedeire filopatria jellemző.

A korábbiakban kilenc polimorf mikroszatellita marker alapján (továbbiakban: ms) vizsgáltuk a mai Kárpát-medencei állomány genetikai diverzitását, illetve összehasonlítottuk a délnyugati és az újonnan visszatelepült tiszántúli állományt. Hiányosak azonban az ismereteink a terület költőállományának más populációkhoz való viszonyairól.

Kutatásunk hosszabb távú céljai a következőek. 1) Megállapítani a Kárpát-medence újrakolonizált területeinek alapvető forráspopulációit, Európa más állományaival való összehasonlítás révén (ms, és mtDNS). 2) Megvizsgálni az ismert populációméret-csökkenés hatásait a Kárpát-medencei állomány genetikai diverzitására nézve, a mai költőpopuláció múzeumi példányokkal való összehasonlítása révén (ms, és mtDNS). 3) Rövid távú territórium-dinamika vizsgálata, melyről igen kevés ismerettel rendelkezünk a fajra nézve. A vizsgálati terület a Boronka-melléki Tájvédelmi Körzet (továbbiakban BTVK) és környéke. E területen kiemelkedő egyedsűrűségben költ a rétisas (terepi megfigyelés alapján 2013-ban 10 vagy 11 revír az 12000 hektáros területen). Ehhez egyedi azonosításra van szükség (ms).

Jelenlegi célkitűzésünk az egyedi azonosítás és a mtDNS-régió szekvenálásának módszertani kidolgozása volt. Megkezdtük a múzeumi példányok felkutatását, illetve a mintagyűjtést, és folytattuk a genotipizálást a Kárpát-medencei állomány újabban mintázott területein.

Eddig összesen 53 fészek alól gyűjtött vedlett tollat (közülük 34 a BTVK -ből), valamint 200 fiókától származó tollmintát (közülük kilenc a BTVK-ből) vizsgáltunk meg, melyet 2010 és 2013 között, az éves gyűrűzési program keretében gyűjtöttek az illetékes nemzeti parkok engedéllyel rendelkező munkatársai Magyarország, Horvátország és Szerbia területén. Az egyedi szintű azonosításhoz a korábban használt kilenc ms marker mellett nyolc újat vizsgáltunk meg, melyek közül fragmens-analízisek során kiválasztottuk a legalkalmasabbakat (összesen 13).

Eddigi eredményeink alapján megállapítható, hogy 2013-ban 11 különböző pár költött a vizsgálati területen. A mitokondriális marker szekvenálása során több különböző módszert próbáltunk ki, melyek közül kiválasztottuk a legeredményesebbet, amit a továbbiakban alkalmazni fogunk.

Az eddigiekben elvégzett PhD munkát az NKB finanszírozta.

Szent István Egyetem, ÁOTK, Biológiai Intézet[1]
MTA-ELTE-MTM, Ökológiai Kutatócsoport[2]
Szent István Egyetem, ÁOTK, Biomatematikai tanszék[3]
Pécsi Tudományegyetem, ÁOK, Farmakognóziai Tanszék[4]
Szent István Egyetem, MKK, Növénytani és Ökofiziológiai Intézet[5]

Állattan

A KIS APOLLÓ-LEPKE ÁLTAL FOGYASZTOTT NEKTÁROK

Szigeti Viktor[1], Kőrösi Ádám[2], Harnos Andrea[3], Farkas Ágnes[4], Nagy János[5], Kis János[1]

Bevezetés: A nappali lepkék nagy részénél a lárvakori táplálkozás mellett a felnőtt egyedek táplálkozása is fontos a rátermettség növelésében. Kevés ismerettel rendelkezünk a lepkék imágóinak táplálkozásáról, pl. hogy örökölt szín-, illat preferenciával rendelkeznek-e, és képesek-e ezek tanulására. A nektárnövény választásban szerepet játszhat a virág színe, illata, mintája, típusa, mélysége, a nektár mennyisége és minősége. Kevés olyan vizsgálatot ismerünk, ami számos növénytulajdonságra kiterjedően próbálná meg feltárni a nektárnövény választást meghatározó tényezőket. A kis Apolló-lepke (Parnassius mnemosyne) egynemzedékes, április végétől július elejéig repül. Mindkét ivar sok időt tölt táplálkozással. Nektárnövény fogyasztásáról csak kevés ismeretünk van, noha fontos beporzója lehet a domb- és hegyvidéki rétek néhány tavaszi virágos növényének.

Cél: Megérteni a kis Apolló-lepke nektárnövény választását.

Módszer: Vizsgálatainkat a Visegrádi-hegységben, egy 0,6 hektáros kaszálóréten végeztük 2008–2013 között. Háromnaponta becsültük a növényfajok virág-gyakoriságát. Naponta jegyeztük az egyedileg jelölt lepkék nektárfogyasztását. A rovarporozta növények nektártermelését, valamint virág méretét 2013-ban vizsgáltuk: három gyakran fogyasztott növényfajból nektármintát gyűjtöttünk, a minták elemzése folyamatban van.

Eredmény: A lepke a vizsgált területen rendelkezésre álló ~65 nektárnövény-fajnak csak egy részén (39 fajon) táplálkozott. Az évente leggyakrabban fogyasztott 4 faj kumulatív fogyasztási aránya minden évben 72% fölött van, a többi fajon csak ritkán láttuk e lepkéket. A nektárnövény választást befolyásolja a virág színe (lila-kék), típusa („mély-korong”, ajakos) és mélysége, a nektártermelés és a nektárnövény kínálat. A legtöbb nektárt a Silene viscaria nyújtotta. A három vizsgált, kis Apollók által gyakran fogyasztott virág (*Ajuga genevensis, Dianthus giganteiformis ssp. pontederae, Silene viscaria*) nektárja előzetes eredményeink alapján szacharóz és fruktóz többletet mutat. A lepkék általában szacharózban gazdag nektárt termelő fajokat választanak.

Következtetés: A kis Apolló-lepke válogat a nektárnövény kínálatból. A fogyasztási mintázat alapján ez a lepke képes a felnőttkori táplálékforrás váltásra. A növények közti választást még nem értjük teljesen. A lepke valószínűleg a több és jobb minőségű nektárt nyújtó, elérhető mennyiségben jelen lévő nektárnövényeket fogyasztja nagy arányban. Az egyes növénytulajdonságok valószínűleg nem függetlenek egymástól és a választást több tényező is befolyásolja. A jövőben laborkísérleteket tervezünk, melynek során vizsgálni kívánjuk a lepkék örökölt színpreferenciáját, és tanulási képességeit.

Köszönetnyilvánítás: Támogató: NKB 4185/59/2012 & 4533/53/2013). Danka Csilla, Lang Zsolt, Tóth Zsuzsa, Dr. Turcsányi Gábor, Dr. Turcsányiné Siller Irén, Dr. Zajácz Edit.

SzIE Állatorvos-tudományi Kar, Biológiai Intézet Parazitológia, állattan

NICHE ELKÜLÖNÜLÉS VIZSGÁLATA TALAJLAKÓ ÁLLATOK MOZGÁSMINTÁZATÁNAK ELEMZÉSÉVEL

Szabó Péter, Csonka Diána, Hornung Erzsébet

A biodiverzitás magyarázatára létrehozott ökológiai niche elmélet azt mondja ki, hogy azok a fajok tudnak egy közösségen belül stabilan együtt élni egymással, amelyek különböző táplálékot fogyasztanak, vagy ugyanazt a táplálékot hasznosítják, de másféleképpen. Jelen kutatás során a niche elkülönülésnek eme utóbbi változatát vizsgáltuk Isopoda fajok mozgásmintázatán keresztül. A vizsgálat alapelképzelése az volt, hogy – bár az ászkarákok, mint lebontó fajok táplálékbázisa erősen átfed – az egyes fajok mozgásmintázatán keresztül kimutatható lesz a forrásfelhasználást alapvetően befolyásoló viselkedésbeli különbség. A vizsgálat erősen támaszkodik a számítógép-intenzív adatgyűjtési és automatikus digitális képfeldolgozási módszerekre; a cél egyben ezeknek az újszerű módszereknek a tesztelése, illetve gerinctelen ízeltlábúakra való alkalmazhatóságának kidolgozása volt.

A kísérletek kivitelezése céljából több száz egyedből álló Isopoda tenyészeteket hoztunk létre (*Armadillo officinalis*, *Cylisticus convexus*). A kísérleti elrendezés egy nagyjából fél négyzetméteres, sávokra osztott tálca volt. A kísérlet során az egyedeket egyesével vagy többedmagukkal helyeztük a sávokba, és mozgásukat a tálca fölé helyezett webkamerával digitálisan rögzítettük. Következő lépésként az elkészített képekből egy erre a célra írt szoftver segítségével kinyertük az egyedek különböző időpontokban mért helyzetét. Az így nyert adatok lehetővé tették különböző térbeli leíró és összehasonlító statisztikák elvégzését a különböző faji és egyedi jellemzők mozgásbeli viselkedésre való hatására vonatkozóan. A következő tényezők vizsgálata van folyamatban: magányos/társas mozgás, hím/női egyedek, különböző humiditású környezet, feromonok.

A tervezett kezelési típusok vizsgálatából egyelőre a magányos, illetve a társak jelenlétében való mozgás összehasonlítása valósult meg. Az előzetes adatok alapján elmondhatjuk, hogy habár a vizsgált gerinctelen ízeltlábúak nem tekinthetők a hagyományos értelemben szociális élőlényeknek, mozgásmintázatukat alapvetően meghatározza az egyedek közti aggregációs hajlam. Ennek az aggregációs viselkedésnek a mértéke azonban erősen környezetfüggő. A kísérleti elrendezés és automatizált adatgyűjtés alapvetően jól működött, de az eddigi eredmények rávilágítottak a kísérleti elrendezés némely – előre nem látható - gyenge pontjára, melyeket tervezünk rövidesen kiküszöbölni.

Köszönetünket fejezzük ki az NKB pályázati támogatásért, mely nagyban megkönnyítette a modern kísérleti infrastruktúra kialakítását.