

Parazitológia és halkórtan

A szekcióban 8 előadás hangzott el. A szekció társelnökei FARKAS RÓBERT és BASKA FERENC voltak.

HORNOK SÁNDOR, SZŐKE KRISZTINA, SÁNDOR D. ATTILA, GÖRFÖL TAMÁS, ESTÓK PÉTER, KOVÁTS DÁVID, BOLDOGH SÁNDOR ANDRÁS, MARINA MELI ÉS REGINA HOFMANN-LEHMANN „Vector-borne baktériumok kimutatása denevérek kullancsaiból és óvantagjaiból” c. előadásukban denevérek ektoparazitáinak vektor-terjesztette bartonellákkal, rickettsiákkal és haemoplasmákkal való fertőzöttségéről számoltak be. Magyarországon és Romániában 2008 és 2015 között 12 denevérfajról gyűjtöttek 322 kullancsot (*Ixodes* spp.) és még további 5 ország területéről 215 óvantag (*Argas vespertilionis*) lárvát 16 denevérfajról. Ezekből a denevérelősködőkből kivonták a DNS-t és az így kapott mintákból PCR-vizsgálatokat végeztek. A *Bartonella*-pozitív minták száma szignifikánsan nagyobb volt a kullancsok között, mint az óvantagok esetében. Az *Ixodes ariadnae* egyedek 10,4%-a (5/48 egyed), az *Ixodes vespertilionis* 3,8%-a (5/130 egyed), az *Ixodes simplex* 4,8%-a (7/144 egyed) és az *A. vespertilionis* 0,9%-a (2/215 egyed) volt *Bartonella*-pozitív. *Rickettsia* DNS-t csak óvantagokból sikerült kimutatniuk, haemoplasma DNS-t pedig kizárólag az *I. simplex* kullancsfajból. A 215 *A. vespertilionis* egyed 56,2%-a (121/215 egyed) hordozott *Rickettsia* DNS-t, míg a 144 *I. simplex* egyed 1,3%-a (2/144 egyed) volt haemoplasma-pozitív. Először 2010-ben, a világon elsőként hazánkban sikerült *Bartonella* DNS-t kimutatni denevérkullancsból (*I. vespertilionis*). Eredményeik is azt valószínűsítik, hogy a denevérek *Ixodes*-fajai szerepet játszhatnak a denevérek *Bartonella*-fertőzöttségének járványtanában. A rickettsiák DNS-e kizárólag az óvantagok mintáiban volt jelen. Ez a szekvenálások tükrében jelenthet majd újdon-ságot, mivel Franciaországban ezt a kórokozócsoportot már megtalálták *A. vespertilionis*-ban. Vizsgálatukban ugyanakkor először sikerült haemoplasma DNS-t kimutatni denevérkullancsból. Spanyolországi adatok szerint a hosszúsárnyú denevér (*Miniopterus schreibersii*) vérében jelen lévő haemoplasmák filogenetikai rokonságban állnak az embereket fertőző haemoplasma-fajjal. Mivel a PCR-pozitív kullancsot hazánkban is erről a denevérfajról gyűjtötték, ez az eredmény az első közép-európai adat a denevérek kiemelt jelentőségű haemoplasmáinak előfordulása.

JUHÁSZ ALEXANDRA és MAJOROS GÁBOR „A *Schistosoma turkestanicum* vérmétely magyarországi köztigazdájának vizsgálata” c. előadásukban a *Radix auricularia* hazai elterjedtségéről és a csigapopuláció genetikai rokonosságának vizsgálatáról számoltak be. Múzeumok és magángyűjtemények kollekcói alapján összegyűjtötték a *R. auricularia* csiga magyarországi előfordulási helyeit feltüntetett adatokat és összevetették azokat a *S. turkestanicum* eddig felderített gemenci élőhelyén gyűjtött *R. auricularia* adatokkal. Génbanki adatok és saját gyűjtésű példányok génszekvenciái alapján megvizsgálták néhány *R. auricularia* populáció genetikai rokonosságát. Végül a köztigazda egyik nagy gemenci populációjának egyedeiben azonosították a bennük található mételylárvékat. Megállapították, hogy Magyarországon az egyébként fosszilis előfordulásai által bizonyíthatóan őshonos csiga jelenleg jóval több, ember által létrehozott víztestben (halastóban, medencében, csatornában, dísztóban stb.) él, mint természetes élőhelyen (tóban, folyóban). Efemer populációi változó helyeken jelenhetnek meg a különböző években és állandó élőhelyei nagyon ritkák vagy talán nincsenek is. A genetikai vizsgálatok alapján a csiga európai leszármazási vonala közbeékelődik a közép-kelet-ázsiai és a közel-keleti leszármazási vonalának, vagyis úgy tűnik, hogy a Törökországtól Perzsiáig terjedő területre a csiga az európai populációkból jutott el. Az általuk vizsgált példányok *S. turkestanicum* élőhelyén e vérmételyen kívül legalább 6 más mételyfaj cercáriáit hordozták, amelyek kifejlett állapotukban hazai emlősökben, madarakban, békákban és halakban élnek. A csiga tehát jól adaptálódott a magyar fauna sokféle parazitájához, ezért valószínűleg régebben él itt, mint a vérmétely. Északról déli irányba terjedve találkozhatott a *S. turkestanicum* métellyel, ami ott egyaránt fertőzte a vadon élő kérődzőket és a háziállatfajokat is. Ősi élőhelyein a ki nem száradó, bővízű, tiszta állóvizekben élhetett, amelyek manapság a természetes környezetben ritkák vagy emberi tevékenység számára hasznosítottak. A szarvasok és a *S. turkestanicum* kapcsolata tehát régebbi lehet, mint a tülkösszarvúak és a métely kapcsolata, ami megmagyarázná, hogy az agancsos vadban miért nem oly patogén a métely, mint a házi kis- és nagykerődzőkben.

MOLNÁR ATTILA, BALÁS BARBARA, SZEKERES SÁNDOR és FÖLDVÁRI GÁBOR „Sünök szerepe a kullancsok és az általuk terjesztett kórokozók járványtanában: egy elővizsgálat eredményei” című előadásukban közeljövőbeli keleti sün (*Erinaceus roumanicus*) kullancsfaunájával és rezervoár szerepével kapcsolatos előzetes vizsgálati eredményeikről és terveikről számoltak be. A kutatás keretein belül megvizsgálják a sünök szerepét a kullancs által terjesztett kórokozók járványtanában. A keleti sün

valószínűleg több olyan kullancs által terjesztett kórokozó számára lehet alkalmas gazda, amelyeket eddig meg sem próbáltak kimutatni. Különös figyelmet fordítanak a *Borrelia burgdorferi* s. l. és *Anaplasma phagocytophilum* fajokra, mivel ezek ökológiája nagyon összetett és a közegészségügyi szerepük is jelentős. A 4 éves kutatás során a következő kérdésekre szeretnék a fő hangsúlyt helyezni: Milyen kullancsok által terjesztett kórokozókat hordoznak a keleti sünök? Rezervoárként szolgálnak-e a sünök a *B. burgdorferi* s. l. és az *A. phagocytophilum* számára? Hogyan befolyásolja a sünök megjelenése az *Ixodes ricinus* sűrűségét, a kórokozók mennyiségét és diverzitását olyan területen, amelyen korábban nem éltek sünök? A vizsgálat első évében a Budakeszi Vadaspark területén kijelölt, sünök által nem lakott területen végeznek referenciavizsgálatokat zászlós mintavételezéssel. A következőkben erre a területre fognak betelepíteni sünöket, így a további gyűjtések eredményei összevethetőek lesznek a referenciaév adataival. A begyűjtött egyedekből molekuláris biológiai módszerek segítségével fogják kimutatni a kórokozókat. Az előzetes eredmények alapján a területen az *I. ricinus* és *Haemaphysalis concinna* fajok egyedei fordulnak elő. Ezen fajok elsősorban lárva és nimfa állapotban találhatóak meg a területen, azonban ezek aránya a kifejlett példányokhoz képest nyáron növekedett meg jelentősen. Időalapú denzitásbecslést alkalmaztak, amely az egy gyűjtő személy által egy óra alatt gyűjtött kullancs egyedszámot adta meg. Ez az érték májusban 124-et is elérte az *I. ricinus* nimfák esetében. Mivel a közönséges kullancsral ellentétben a *H. concinna* ritkábban táplálkozik sünökön, ezért várhatóan azok betelepítésével a kullancsállományok összetétele, és ebből adódóan a kórokozók változékonysága is jelentős változásokon fog átesni.

BORZÁK RÉKA, MOLNÁR KÁLMÁN, VARGA ÁDÁM és SZÉKELY CSABA „Pontyparazita *Thelohanellus*-fajok molekuláris vizsgálata” c. előadásukban *Thelohanellus*-fajok hazai előfordulásáról és azok molekuláris biológiai vizsgálatának eredményeiről számoltak be. A *Thelohanellus* genusba tartozó édesvízi nyálkaspórák parasiták elsősorban a pontyféléket fertőzik, néhány esetben akár súlyos gazdasági károkat is okozva a tenyésztett állományokban. Távol-keleti országokban (Kína, Korea és Japán) a csoport egyik tagja, a *Thelohanellus kitauei* okoz óriás cisztás megbetegedést a halgazdaságokban. Hazánkban ezt a megbetegedést még nem diagnosztizálták, ugyanakkor aggodalomra ad okot, hogy a Kis-Balaton területéről 2011-ben kimutatták egy kevésértéjű gyűrűsféregből (*Branchiura sowerbyi*) a parazita aktinospóra alakját. A szerzők kutatásának fő célja volt felmérni a hazai *Thelohanellus*-fajok okozta fertőzöttség mértékét pontyban, különös tekintettel a

T. kitauei esetleges előfordulására. Az elmúlt néhány évben *Thelohanellus*-mintákat gyűjtöttek több tógazdasági, ill. természetes vízben fogott pontyokból, továbbá számos oligochaeta köztigazda által kibocsátott aktinospórát is vizsgáltak természetes vizekből és tógazdaságokból. Mind a myxo-, mind az aktinospórát morfológiai és molekuláris módszerek segítségével vizsgálták, hogy ezek segítségével azonosítsák a parazita-fajokat. A *Thelohanellus kitauei* aktinospórát 2016-ban újra sikerült kimutatniuk a Kis-Balaton vízrendszeréből, de a halakban fejlődő alakot, a myxospórát, vagy plazmódiumot, nem sikerült az azonos területről gyűjtött halakban megtalálniuk annak ellenére, hogy több *Thelohanellus*-fajt is sikerrel gyűjtöttek a vizsgált halak úszóiról, pikkelyeiről, szájúregéből, és a bél nyálkahártyáról. A jól ismert *Thelohanellus nikolskii* és *T. hovorkai* mellett, eddig le nem írt fajokat is sikerült kimutatniuk, ami alapján elmondható, hogy a *Thelohanellus*-fajok sokfélesége Magyarországon sokkal nagyobb, mint az a felmérés kezdetén várható volt.

MOLNÁR KÁLMÁN, VARGA ÁDÁM és SZÉKELY CSABA „Új lehetőség a nyálkaspórások szöveti lokációjának megállapítására keresztbe metszett kopoltyúkon” c. előadásában a szerzők a szövettani vizsgálati módszerek fontosságára hívták fel a figyelmet a nyálkaspórás halélősködők szöveti lokációjának meghatározásában. A nyálkaspórások nagy többsége változó méretű cisztákban, plazmódiumokban fejleszt ki spóráit, az ún. myxospórát. Ezek a plazmódiumok igen gyakran a kopoltyúban alakulnak ki. Egy korábbi beszámolóban már ismertették a plazmódiumok kopoltyúlemezekben, kopoltyúredőkben ill., kopoltyúívben való elhelyezkedésének szövettani variációit, és a publikált cikkben vázolt helyeket a szakma ma már alaptéziseknek fogadja el. A kopoltyú hámszövetében, kötőszövetekben, porcokban, ill. vérereiben való fejlődés specifikus voltát azóta számos közlemény igazolta. A leggyakrabban előforduló intra- és interlamellaris, kis cisztákban történő fejlődés a kopoltyúlemezek hosszirányú metszésével könnyen tisztázható, azonban a lemezekben növekvő nagyméretű, 2–10 mm hosszú plazmódiumokat illetően bizonytalan adatok kerültek publikálásra. A szerzők nagy része, köztük az előadás szerzői is úgy vélték korábban, hogy azok a kopoltyúlemezek vérereiben alakulnak ki. Újabb vizsgálataik azonban arra utalnak, hogy ezek, a vérerek mellett, az erek adventitiájában is kifejlődnek, és tézisüket a lemezek, és a bennük lévő plazmódiumok keresztirányú metszésével igazolták. Három balatoni halfaj (bodorka, ponty, csuka) három ismert parazitájának (*Myxobolus rutili*, *M. dispar*, *Henneguya psorospermica*) szövettani helyeződését tanulmányozták. Ezek korábban vérerekben fejlődő fajokként voltak ismertek. A lemezek keresztmetszet-

ben végzett szövettani vizsgálata igazolta, hogy a *M. rutili* plazmódiumai az *arteria branchialis afferens* közepében abban a tömött-rostos kötőszövetben indultak fejlődésnek, amely a vérereket és a porcok lemezsugarát borítja. Később a növekvő ciszta a lemez nagy részét kitöltötte, és körülvette a lemezporcot, azonban az artériában folyó vér szabad áramlását nem befolyásolta. A *M. dispar* plazmódiumai ugyancsak az *arteria b. afferens* adventitiájában indultak fejlődésnek, azonban a plazmódiumok attól a lemezek belső szélei mentén helyezkedtek el. A *Henneguya psorospermica* esetében ugyancsak kötőszöveti lokációt azonosítottak, azonban a plazmódiumok helyeződését az *arteria b. efferens* és a lemezek külső széle között figyelték meg.

SÁNDOR DIÁNA, MOLNÁR KÁLMÁN, SZÉKELY CSABA és CECH GÁBOR „Kísérletes és molekuláris biológiai vizsgálatok halakban metacercaria stádiumban élősködő *Posthodiplostomum*-fajokon” c. előadásukban hazánkban gyűjtött *Posthodiplostomum* mótelyfajok azonosításának és filogenetikai vizsgálatának eredményeiről számoltak be. A *Posthodiplostomum*- (Digenea: Diplostomatidae) fajok őshonos halaink régóta ismert élősködői. Az Európában széles körben elterjedt *Posthodiplostomum cuticola* Nordmann, 1832 (synonim: *Neascus cuticola*) metacercáriái okozzák a halak fekete pettyes betegségét. Észak-Amerikában több *Posthodiplostomum* fajt írtak le, amelyek közül az elmúlt évben a szerzők a *P. centrarchi* Hoffmann, 1958 fajt kimutatták észak-magyarországi víztározóból származó naphalalaktól. A közelmúltban Bulgáriában, Portugáliában és Szlovákiában is kimutatták naphalban ezt a *Centrarchidae*-halfajokra specifikus mótelyfajt. A szerzők célja a *Posthodiplostomum*-fajok Balatonból valamint a Dunából gyűjtött pontyfélékben, ill. naphalakban való előfordulásának felmérése, azok puhatestű köztigazdáiban fejlődő alakjainak kimutatása, és a behurcolt új faj őshonos halfajokra történő esetleges átterjedésének megállapítása volt. Vizsgálataik során a *Posthodiplostomum*-fertőzöttséget dévérkeszeg (*Abramis brama*), bodorka (*Rutilus rutilus*), vörösszárnyú keszeg (*Scardinius erythrophthalmus*), karikakeszeg (*Blicca bjoerkna*) és naphal (*Lepomis gibbosus*) halfajok több száz egyedéből mutatták ki. A fajmeghatározáshoz szükséges adult stádiumokat napos csirkék halakból gyűjtött metacercáriákkal történő fertőzésével nyerték. A különféle fejlődési alakokat morfológiai és molekuláris (ITS régió és COI) vizsgálatoknak vetették alá. Mintáik két elkülönülő filogenetikai csoportba rendeződtek. Az első csoport a hazai faunából ismert és őshonos, pontyfélékből gyűjtött *Posthodiplostomum cuticola* minták szekvenciáival bizonyult azonosnak, szemben a második kládba tömörülő, naphalakból izolált *Posthodiplostomum centrarchi* faj szekvenciáival.

SIPOS DÓRA, URSU KRISZTINA, DÁN ÁDÁM és ESZTERBAUER EDIT „Halfajok fogékonyásával összefüggő különbségek a vérben előforduló *Myxobolus* spp. (Cnidaria, Myxozoa) parazita fejlődési alakok mennyiségében” c. előadásukban a vér szerepét vizsgálták az eltérő patogenitású nyálkaspórák fajok halon belüli fejlődése során. A csalánozók (Cnidaria) közé sorolt nyálkaspórák (Myxozoa), halakban élősködő fajok többsége tünetmentesen fertőzi gerinces gazdáját, azonban néhány faj jellegzetes tüneteket és jelentős gazdasági kárt okoz. Apatogén nyálkaspórák a vázizomzatban spórát képező, ám a vérrel a vesébe is eljutó *Myxobolus pseudodispar*, ami bodorka mellett dévérkeszeget, vörösszárnyú keszeget és egyéb pontyféléket is fertőz. Patogén, és jelentős gazdasági kárt okozó faj a pisztrángok kergekórjáért felelős *Myxobolus cerebralis*, amely a korábbi, szövettanon alapuló vizsgálatok szerint a nyálkaspórák többségétől eltérően elkerüli az érrendszert, és a perifériás idegrendszeren keresztül jut el a spóráképzés helyére, a koponyaporcba. Későbbi *in vitro* kísérletek azt mutatták, hogy a vérszérumban lévő immunrendszeri elemek központi szerepet játszanak a nyálkaspórák gazdafajlagosságában. Míg az apatogén *M. pseudodispar* esetében csak a nem valódi halgazda széruma tudta elpusztítani a parazitát, addig a patogén *M. cerebralis* fejlődési alakokat a fogékony gazda szérummal is eliminálni tudták. A szerzők kutatásuk során arra voltak kíváncsiak, hogy a vér milyen szerepet játszik e két *Myxobolus*-faj halon belüli fejlődési útjában, tapasztalható-e eltérés a gazdák között a paraziták mennyiségében, megfigyelhető-e időrend, és a két faj esetében van-e különbség a fertőzés időbeli változásában. Eltérő fogékonyaságú halfajokat fertőztek egyedileg, majd a fertőzés után 1 nappal, 1 héttel és 1 hónappal vizsgáltak a vérben a fertőzés prevalenciáját és intenzitását. A parazita-DNS mennyiségét valós idejű PCR segítségével becsülték, majd a kapott eredményeket statisztikailag értékelték. A korábbi, szövettanon alapuló vizsgálatokkal ellentétben, a *M. cerebralis* fejlődési alakok jelenlétét mutatták ki pisztrángfélék vérében. A sebes- és szivárványos pisztrángfajok között nem találtak szignifikáns különbséget a fertőzés prevalenciájában. A parazita mennyisége az idő előrehaladtával csökkent, és 1 hónappal a fertőzést követően szivárványos pisztrángok vérében már nem volt kimutatható. *M. pseudodispar* esetében az elsődleges gazda bodorkában volt a legnagyobb a fertőzés prevalenciája, ugyanakkor a másodlagos gazda vörösszárnyú keszegekben volt szignifikánsan a legnagyobb a parazitaszám. Az *M. pseudodispar* mennyisége a fejlődés első hónapjában egyik vizsgált halfaj esetében sem változott jelentősen. Vizsgálatuk egyik fő eredménye, hogy elsőként igazolták *in vivo* kísérletekkel, hogy a kergekórt okozó

M. cerebralis sem kerüli el halon belüli fejlődése során az érrendszert. Kimutatták továbbá, hogy a vizsgált két parazita faj között jól meghatározható különbség van a fertőzés keringési rendszert érintő intenzitásának időbeli lefutásában.

BASKA FERENC, JUHÁSZ TAMÁS, PAPP MELITTA, MIKOLAJ ADAMEK és DIETER STEINHAGEN „A „»Koi sleepy disease« (másnéven CEV: carp edema virus) pontybetegség első hazai kimutatása” c. előadásukban a hazánkban a közelmúltban kimutatott vírusos pontybetegség kórtani és molekuláris biológiai vizsgálatának eddigi eredményeit foglalták össze. A ponty (*Cyprinus carpio*) vírusos megbetegedései Közép-Európában, ahol a ponty fontos tenyésztett hal, mind komolyabb járványtani szerepet játszanak, különös tekintettel arra, hogy volt és aktuálisan is bejelentendő fertőzöttségek is vannak közöttük. A tavaszi viraemia és a kopolyúelhalást okozó koi-herpeszvírus (KHV) mellett folyamatosan fenyeget a szintén herpeszvírus okozta pontyhimlő, valamint az újonnan behurcolt poxvírus kiváltotta, kopolyúhám proliferációval kísért általános vizenyő, vagy más néven a „díszponty álmokórja” (koi sleepy disease). Az Állatorvostudományi Egyetem (ÁTE) Patológiai tanszékére 2015 márciusától behozott különböző méretű pontyok („bojli méretű”, 8–19 kg-os horgászvízi pontyok, egy- és kétnyaras tógazdasági és horgászvízi pontyok, koi díszhalak) többnyire moribund állapotban kerültek vizsgálatra. A tünetek között a tulajdonosok minden esetben megemlégték a halak „aluszékonyságát”, kézzel könnyen megfoghatóak voltak. A nagyobb pontyok a téli időszakban nem vermeltek el, és tavaszra közöttük 5–10%-ban elhullás is jelentkezett. A legjellemzőbb proliferatív jelenségek a kopolyúlemezek alakultak ki, amelyeket másodlagos elváltozások (fokozott nyálkatermelés, elhalás, vérzések, *Saprolegnia* és *Flavobacterium* fajok okozta fertőzöttségek) kísérték. Kórszövettani vizsgálattal a parenchymás szervek közül a máj és a vese mutatott enyhébb-súlyosabb elváltozásokat, ami a kopolyú érintettsége miatt kialakuló oxigénellátási zavar mellett a poxvírus okozta viraemia következménye is lehetett. A NÉBIH Állat-egészségügyi Diagnosztikai Igazgatóságára (NÉBIH ÁDI) 2016-ban a beküldött 16 közönséges pontyból vett mintából háromban a CEV I-es genotípusát mutatták ki. A három pozitív minta közül egy dunántúli, kettő pedig tiszántúli származású volt, vagyis feltételezhetően az ország nagy területén megtalálható volt a vírus. Ugyancsak a Génbanki adatokat figyelembe véve mindhárom vírus a korábban Lengyelországban tipizált vírusokkal mutatott rokonságot. Az ÁTE labor által átadott, Budapest Pest külső kerületeinek különböző dísztavaiban tartott 11 db koi-ból a DNS-szekvenciaadatok alapján 5 halból CEV II/a

genotípusát mutatták ki, amelyek a Génbank adatai alapján lengyelországi és angliai CEV-vírusterminológusokkal voltak rokonok. A 2016-ban az ország négy megyéjéből gyűjtött 17 különböző eset boncolása során 13 mintavételi helyről valamennyi vizsgált hal kifejezett elváltozásokat és tüneteket mutatott. A Hannoverben végzett vírusgenetikai elemzés kimutatta, hogy 9 a lengyel (genocsoport I), 3 a IIb genocsoportéhoz (eredetileg leírt japán koi poxvírus törzs), míg egy minta a IIa genocsoportéhoz tartozott mintáikban. A KHV okozta megbetegedés a PCR-vizsgálatokkal minden csoport esetében kizárható volt. 2017-ben összesen 12 halastóból 110 mintapoolból (660 db hal) 27 volt CEV-pozitív

(24,5%), már hét megyét érintve. A víz hőmérséklete 15–25 °C volt a mintagyűjtés időpontjában. Nyolc tóban a halak CEV-re jellemző tüneteket mutattak és az érintett közönséges ponty állományok 15–90%-a elhullott. Négy esetben az ellenőrző vizsgálatra beküldött egészséges halakból mutattuk ki a vírust. A molekuláris vizsgálatokat a NÉBIH ÁDI Halbetegségek Nemzeti Referencia laboratóriumaiban a DAVID STONE által kidolgozott nested PCR-módszerrel végezték.

Dr. Eszterbauer Edit
Dr. Sréter Tamás