

## Bakteriológia

Az idei Akadémiai Beszámoló Bakteriológia szekcióját NAGY BÉLA megemlékezéssel nyitotta a közelmúltban elhunyt DR. SZABÓ ISTVÁN (1919-2017), az Országos Állategészségügyi Intézet volt igazgatóhelyetteséről.

A szekcióban 15 előadást jelentettek be. A szekció társelnökei NAGY BÉLA, FODOR LÁSZLÓ és MAGYAR TIBOR voltak.

ADORJÁN ANDRÁS, KÖNYVES LÁSZLÓ és TÓTH ISTVÁN a baromfi eredetű atipikus enteropatogén *Escherichia (E.) coli* (EPEC) vizsgálatáról számoltak be. A szerzők célul tűzték ki, hogy az intenzív és extenzív tartási rendszerekben tartott házi tyúkokban található patogén *E. coli*-k előfordulását feltérképezzék, és jellemezzék a kórokozókat. A vizsgálatok során a baktériumokat szelektív táptalajon tenyésztették ki ( $n = 165$ ), frissen levágott baromfi bélszakaszaiból, a vágóhídi hullákról, vágóhídi szennyvízből és környezeti mintákból két mintavételi időpontban (2016, 2017). A coliform baktériumok azonosítását MALDI-TOF módszerrel végezték, majd meghatározták az izolátumok patotípusát, filogenetikai csoportját és szerocsoportját, valamint colicin-termelő és hemolizáló képességüket. Korongdiffúziós módszerrel a patogén *E. coli* törzsek antibiotikum-érzékenységi profilját is megállapították. A vizsgálatok során kizárólag az intenzíven tartott baromfiállományokból származó mintákból tenyésztettek ki patogén *E. coli* törzseket, amelyek a kimutatott törzsek 30%-át tették ki (béltartalom (18/57), hulla (16/57), szennyvíz (1/4)) és egységesen atípusos enteropatogéneknek (aEPEC: *eae*<sup>+</sup>, *bfp*<sup>-</sup>, *eaf*) bizonyultak. Az aEPEC-törzsek különböző szerocsoportokba (O14, O45, O108) és filogenetikai csoportokba (a 35 aEPEC törzs közül 22 az A, 12 a B2 és egy a D csoportba) sorolódtak. A törzsek antibiotikum-érzékenységi profilja is változatosságot mutatott és gyakran multirezisztensnek (MDR) bizonyultak: míg 2016-ban a törzsek 23%-a (3/13), 2017-ben az izolált EPEC törzsek mindegyike (22/22) MDR volt. Az aEPEC nagy gyakorisággal fordult elő intenzíven felnevelt baromfiban és az abból előállított húson, míg az extenzív állományokban patogén *E. coli* törzset nem azonosítottak a szerzők. A baromfi eredetű aEPEC zoonotikus képessége mellett további aggodalomra adhat okot, hogy a vizsgált törzsek gyakran egyszerre több antibiotikummal szemben is rezisztenciát mutattak.

GRÓZNER DÉNES, FORRÓ BARBARA, SÜLYOK KINGA MÁRIA, MARTON SZILVIA, BÁNYAI KRISZTIÁN és GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.)* sp. 1220, *M. anseris*, *M. anatis* és *M. cloacale* törzsek teljes genomjának szekvenálásáról számoltak be. A vízibaromfi-patogén *Mycoplasma*-fajok

társfertőzésben vagy akár önállóan is súlyos megbetegedéseket, ezáltal jelentős gazdasági károkat okozhatnak, ennek ellenére genetikájukról rendkívül kevés ismeretanyag áll rendelkezésre. A szerzők új generációs szekvenálási módszerrel (Illumina NextSeq500) meghatározták négy vízibármfi-patogén *Mycoplasma* faj referens törzsének (*M. anatis*, *M. anseris*, *M. anserisalpingtonis* avagy *M. sp. 1220* és *M. cloacale*), ill. két *M. sp. 1220* klinikai izolátumnak a teljes genetikai örökítőanyagát. A *de novo* genomokat különböző bioinformatikai szoftverekkel illesztették össze, ill. ellenőrizték, valamint azonosították a kódoló és nem kódoló géneket. A genomokat Sanger-féle szekvenálással cirkularizálták. A *de novo* meghatározott *M. sp. 1220* genom 908 787 bp, a *M. anatis* genom 956 093 bp hosszú. A *M. anseris* genom 750 010 bp, a *M. cloacale* genom 659 552 bp nagyságúak. A genomok méreteiben és a kódolt gének tekintetében, ezen kívül fenotípusos jegyek alapján is hasonlóság figyelhető meg a *M. sp. 1220* és a *M. anatis*, ill. a *M. anseris* és a *M. cloacale* között, amely közeli rokonsági viszonyt feltételez. A *de novo* létrehozott vízibármfi-patogén *Mycoplasma* teljes genomok elősegítik e kevésbé vizsgált fajok megismerését és alapul szolgálnak további genetikai kutatásoknak.

GRÓZNER DÉNES, SÜLYOK KINGA MÁRIA, KREIZINGER ZSUZSA, RÓNAI ZSUZSANNA, JÁNOSI SZILÁRD és GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.) sp. 1220*, *M. anseris*, *M. anatis* és *M. cloacale* *specifikus PCR-rendszerek fejlesztéséről számoltak be*. A vízibármfi-patogén *Mycoplasma*-fajok gyakran együttesen fertőzik a gazdaállatokat. A kórokozók hasonló tulajdonságaik miatt hagyományos bakteriológiai módszerekkel nem különíthetők el egymástól, az azonosításukra szolgáló molekuláris módszer (közös DNS-szakasz szekvenciájának meghatározása) pedig pénz- és időigényes folyamat. A vizsgálatok során a szerzők olyan molekuláris módszereket (fajspecifikus polimeráz láncreakció rendszerek) terveztek, amelyek gyorsan, megbízhatóan és költséghatékonyan képesek közvetlenül a klinikai mintákból kimutatni és elkülöníteni a *M. sp. 1220*, a *M. anatis*, a *M. anseris* és a *M. cloacale* vízibármfi-patogén baktériumokat. A fajspecifikus régiókra tervezett primerek szekvenciáját az adatbázisokból elérhető madárpatógén *Mycoplasma*-genomok és a kutatócsoport által *de novo* létrehozott vízibármfi-patogén *Mycoplasma*-genomok alapján határozták meg, amelyhez a Geneious szoftvert ill. a NetPrimer és a BLAST internetes programokat használták. A *M. sp. 1220* fajnál az RNS polimeráz béta alegységét kódoló (*rpoB*) génre, a *M. anatis* és *M. cloacale* fajoknál a DNS polimeráz III gamma és tau alegységeket kódoló (*dnaX*) génre, míg a *M. anseris* esetében az ATP-függő DNS-helikázt

kódoló (*uvrD/pcrA*) génre terveztek fajspecifikus primereket. A PCR-rendszerek specificitását 15 madárpatógén *Mycoplasma*-típustörzsön, 29 klinikai izolátumon és 26 klinikai mintán tesztelték, keresztreakciót nem tapasztaltak. A PCR-rendszerek érzékenységét hagyományos géralapú és EvaGreen-típusú real-time PCR-eken is vizsgálva megállapították, hogy a rendszerek  $10^1$ - $10^3$  DNS-templát kimutatását is lehetővé teszik. Az új rendszerek alkalmazása a diagnosztikában elősegítheti a célzott beavatkozást a fertőzött telepeken.

JÁNOSI KATALIN, BEKŐ KATINKA, KREIZINGER ZSUZSA, SÜLYOK KINGA MÁRIA, FELDE ORSOLYA, GRÓZNER DÉNES és GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.) gallisepticum* törzsek *genotipizálására szolgáló multi-locus sequence typing (MLST) és multi-locus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) rendszerek fejlesztéséről számoltak be*. A *M. gallisepticum* világszerte előfordul, elsősorban krónikus légzőszervi megbetegedéshez és sinusitishez vezet, jelentős gazdasági kártételt okozva a tyúk- és pulykaágazatban. A vizsgálatok során a szerzők a baktériumtörzsek genetikai jellemzésére szolgáló, könnyen ismételtető, egyszerű és költséghatékony molekuláris módszereket terveztek. A módszerek fejlesztése összesen 44 – földrajzilag és gazdaspektrumát tekintve is változatos eredetű – *M. gallisepticum* DNS-mintán történt, emellett három vakcinatörzs (F törzs, 6/85, ts11) és a referens törzs (ATCC-19610) DNS-mintája is bekerült a vizsgálatokba. Az MLST-rendszer fejlesztése során a genomban egyenletesen elhelyezkedő, nagy változatosságú háztartási gének, míg az MLVA fejlesztése során a genomban fellelhető tandem ismétlődő régiók vizsgálatára szolgáló polimeráz láncreakción alapuló rendszereket állítottak be. A PCR-vizsgálatokat az MLST során szekvenciavizsgálat követte; az MLVA során pedig a termékek méretét határozták meg. Az újonnan fejlesztett MLST-rendszert hat háztartási gén alkotja: az *atpG*, *dnaA*, *fusA*, *rpoB*, *ruvB* és az *uvrA*. A rendszer 36 szekvenciatípust különített el a 48 vizsgált törzsben, a Simpson-féle diverzitási indexe nagy, 0,983 volt. Az MLST-törzsfajta kisebb csoportjaira jellemző, hogy ezekbe nagyrészt ugyanazon földrajzi régióból származó törzsek kerültek. Az MLVA-rendszerben öt régió bizonyult alkalmasnak a vizsgált minták jellemzésére. A módszerek alkalmasak lehetnek a *M. gallisepticum* törzsek közötti rokonsági viszonyok feltárására és járványtani nyomozás céljára.

KREIZINGER ZSUZSA, GRÓZNER DÉNES, SÜLYOK KINGA MÁRIA, KRISTIN NILSSON, HRIVNÁK VERONIKA, DUŠAN BENČINA és GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.) synoviae* törzsek *antibiotikum-érzékenységi profiljának meghatározásáról számoltak be*. A *M. synoviae* világszerte elterjedt, komoly gazdasági károkat okozó baktérium, amely lég-

zöszervi megbetegedéseket, fertőző ízületgyulladást és tojásbél-elváltozást okozhat a baromfi- és pulyka-állományokban. A fertőzés elleni védekezés egyik pillére az antibiotikumos kezelés, amely elsősorban a tünetek enyhítésére, s a gazdasági károk mérséklésére szolgál. A szerzők a közép-kelet európai régióból származó, 2015 és 2016 között gyűjtött, összesen 41 baktériumtörzs antibiotikum-érzékenységét határozták meg mikroleves-hígítási módszerrel. Eredményeik alapján a *M. synoviae* törzsekkel szemben a leghatékonyabb antibiotikumok: a tetraciklinek (doxiciklin, oxitetraciklin és klórtetraciklin), a makrolidok (tilvalozin, tilozin és tilmikozin), a pleuromutilinek (tiamulin és valnemulin), a linkomicin és a linkomicin-spektinomycin (1 : 2 arányú) kombinációja. Emelkedett minimális gátlókoncentráció-értékeket állapítottak meg azonban számos törzs esetében fluorokinolonokkal (enrofloxacin és difloxacin), neomicinnel, spektinomocinnel és florfenikollal szemben. A *M. synoviae* esetében az antibiotikum-érzékenységi vizsgálatok körülményesek és időigényesek, így a szerzők javasolják a rezisztenciaprofilok időszakos felmérését, s telepi adatbázisok felállítását. Ezek hiányában pedig eredményeik adhatnak támpontot a közép-kelet európai régióban az állományok kezeléséhez.

SULYOK KINGA MÁRIA, FORRÓ BARBARA, MARTON SZILVIA, BÁNYAI KRISZTIÁN ÉS GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.) gallisepticum* vakcina- és vad törzsek elkülönítésére alkalmas molekuláris biológiai rendszerek fejlesztéséről számoltak be. A *M. gallisepticum* elleni védekezésben a hajlamosító tényezők kiiktatása mellett fontos szerepe van a vakcinázásnak. A gyakorlatban élő, csökkentett virulenciájú vakcinákat alkalmaznak, mint a ts-11 (Vaxsafe® MG, Bioproperties Pty Ltd.), a 6/85 (Nobilis® MG6/85, MSD Animal Health) és az F (Ceva® MG-F, Ceva-Phylaxia Zrt.) vakcinatörzsek. A vakcinázási programok eredményes kivitelezéséhez kulcsfontosságú a vakcinázott vagy fertőzött állatok megkülönböztethetősége. A szerzők a vakcinatörzsek két-két génjében előforduló mutációk kimutatására alkalmas PCR-alapú rendszereket fejlesztettek a vad és vakcinatörzsek elkülönítésére. Ehhez először elvégezték a ts-11 és a 6/85 vakcinatörzsek teljes genomszekvencia-meghatározását új generációs szekvenáló platform segítségével és összehasonlították a GenBank-ban elérhető F-vakcina és további 11 *M. gallisepticum* törzs teljes genomszekvenciájával. Az azonosított, aminosavszinten is kifejeződő pontmutációk kimutatására ún. mismatch amplification mutation assay (MAMA) tesztet, míg a deléciók, ill. addíciók kimutatására ún. high resolution melt (HRM), vagy egyszerű PCR-t követő agarózgél-elektroforézisen alapuló rendszereket dolgoztak ki. A rendszerek hatékonyságát 200 különböző eredetű

*M. gallisepticum* törzs és klinikai izolátum DNS-én, ill. kevert mintákon is tesztelték. Emellett vizsgálták a reakciók érzékenységét és specificitását is. A ts-11 esetén a *plpA* és *glpK* gének, míg az F-vakcinatörzsnél a *hlp2* és *crmA* gének 1-1 pontmutációját célzó MAMA-rendszereket terveztek. A 6/85 vakcina kimutatására a *gapA* génben elhelyezkedő pontmutációt célzó MAMA és a *crmA* gén 3' végét vizsgáló HRM-rendszert fejlesztettek. Az összes MAMA-rendszer azonos hőprofilon, egy időben futtatható. A szerzők által kidolgozott molekuláris biológiai módszerek segítségével a rutindiagnosztikában az állatokból vett mintákból közvetlenül kivont DNS felhasználásával könnyen, gyorsan és költséghatékonyan megkülönböztethetők a *M. gallisepticum* vad, ts-11, 6/85 és F vakcina törzsek.

SZMOLKA AMA, PÁSZTI JUDIT, HORTON ROBERT, KARPÍŠKOVÁ RENATA, PRUKNER-RADOVIC ESTELLA, MIĆUNOVIĆ JASNA, PENCHEV KRASEN ÉS NAGY BÉLA közép-európai *Salmonella (S.) Infantis* törzsek molekuláris jellemzéséről számoltak be. Az elmúlt két évtized során a *S. Infantis* endémiássá vált a hazai broilerállományokban és egyúttal a humán szalmonellózisokat okozó harmadik leggyakoribb szerovariáns. A *S. Infantis* törzsek 2000-es évek elejére tehető hazai elterjedése egybeesett az ún. B-klaszter (PFGE) megjelenésével, amelynek legfontosabb jellemzője a nalidixin-szulfonamid-tetraciklin (Nal-Sul-Tet) rezisztencia, amit egy ~277 kb méretű pSI54/04 prototípus plazmid határoz meg. A szerzők 2006–2010-es adatai szerint a B-klaszter és plazmidos törzsei más európai országokban is gyakoriak voltak, legutóbbi adataik szerint pedig a B klaszter dominanciája a frissen (2011–2013) gyűjtött hazai *S. Infantis* törzsek között is stabilizálódott. A szerzők a vizsgálatok során meghatározták a környező közép-európai országokból (Bulgária, Cseh Köztársaság, Horvátország, Németország, Lengyelország, Románia és Szlovénia) származó, 2010–2016 között gyűjtött *S. Infantis* törzsek antibiotikum-érzékenységi profilját és elvégezték molekuláris jellemzésüket, hogy az eredményeket összevegyék a hazai törzsek adataival. Összesen 116 *S. Infantis* törzset vizsgáltak, amelyek főként broilerekből származtak ( $n = 87$ ), de emellett humán klinikai mintákból ( $n = 25$ ) és tojókból ( $n = 4$ ) származó törzseket is elemeztek. A törzsek antibiotikumrezisztencia-fenotípusának ismeretében – az egyes fenotípusok és országok képviselőiben – 39 törzs klonalitását és plazmidmintázatát határozták meg PFGE-analízissel és Kado-Liu szerinti plazmidprofil-vizsgálattal. A pSI54/04 plazmidot antibiotikum-rezisztencia- (*tetA-merA-int11-aadA1-sul1-tehA*) és virulencia- (*irp1-fyuA-htrE-faeI-pefC*) marker génekre tervezett PCR-rendszerek segítségével tipizálták. A törzsek ~70 %-a bizonyult multi-rezisztensnek (MDR), ezen belül a Nal-Sul-Tet vagy a Nal-Sul-Tet-trimetop-

rimrezisztencia-fenotípusok domináltak (63%-ban a broiler és 49%-ban a humán törzsek között). Hasonlóan a hazai törzsekhez, a környező országokból kimutatott MDR-törzsek túlnyomó többsége a PFGE-vizsgálat alapján a multirezisztens B-klaszterbe tartozott, és a pSI54/04 MDR plazmid is jellemzően ezekben a törzsekben fordult elő. Emellett a szerzők leírták az ampicillin-rezisztencia megjelenését is, ami a pSI54/04 plazmidnak a *bla*<sub>TEM-1</sub> plazmidokkal való társulását mutatja. A törzsek 21%-a csak Nal-rezisztenciát mutatott vagy valamennyi antibiotikum iránt érzékeny volt, s ezek képezték a horvátországi izolátumok 80%-át.

SVÁB DOMONKOS, LINDA FALGENHAUER, MANFRED ROHDE, SZABÓ JUDIT, TRINAD CHAKRABORTY ÉS TÓTH ISTVÁN új, élelmiszer-eredetű T5-szerű bakteriofágok jellemzéséről számoltak be. Világszerte egyre nagyobb gondot jelent a bakteriális kórokozók, köztük az élelmiszer közvetítette patogének antibiotikum-rezisztenciája. Az ellenük történő védekezés lehetőségeinek kutatásában megnőtt az érdeklődés a lítikus bakteriofágok, mint antibakteriális ágensek élelmiszerbiztonsági célú, ún. biokontroll alkalmazására. A szerzők célul tűzték ki az elsősorban enteropatogén *Escherichia* (*E.*) *coli* törzseket oldani képes bakteriofágok kimutatását és jellemzését. A vizsgálatokhoz a bakteriofágok izolálása az élelmiszerminták elődúsítását követően *E. coli* K-12 C600 törzsön történt lágyagaros rétegzéssel (spot assay). Ugyanezen módszerrel határozták meg a fágok gazdaspektrumát és gazdaspecifikus oldási hatékonyságát (EOP, efficiency of plating). Jellemezték a fágok szaporodási hatékonyságát egylépéses növekedési kísérlettel és stabilitásukat különböző pH-értékek és hőmérsékletek mellett. A fágok morfológiáját transzmissziós elektronmikroszkópiával állapították meg. A genomszekvencia meghatározása új generációs, Illumina NextSeq platformon történt, a szekvenciaillesztést CLC Genomic Workbench 9.0 programmal, az annotációt a RAST-szerver segítségével végezték. A filogenetikai vizsgálatok a MEGA5 és a VICTOR programokkal történtek. Összesen 12 új bakteriofágot mutattak ki, amelyek morfológiájuk alapján a *Siphoviridae* családba tartoznak, genomi jellemzők alapján pedig két új genetikai csoportot képviselnek a korábban jelentős modell-fágként ismert T5-fág rokonai közt. A fágok genomja 120 618 és 121 986 bp közti hosszúságú, 164 és 168 közti számú ORF-et és 18 tRNS gént tartalmaz, átlagos GC tartalmuk 39,5%. A bakteriofágok alkalmas gazdájának bizonyult számos, különböző patotípusú (köztük enterohemorragiás O103:H2 szerotípusú, enteroinvazív és enterotoxikus), valamint multirezisztens *E. coli* törzs, továbbá *Shigella sonnei*, *S. dysenteriae*, és több serovart képviselő *Salmonella enterica* törzsek. A szerzők által leírt bakteriofágokat

széles, jelentős enterális kórokozókat felölelő gazdaspektrumuk, szigorúan lítikus életciklusuk, ismert virulencia- és rezisztenciagénektől való mentességük jó jelöltté teszi biokontrollalkalmazást vizsgáló jövőbeni kísérletekhez.

UJVÁRI BARBARA, WEICZNER ROLAND, DEIM ZOLTÁN, TERHES GABRIELLA, URBÁN EDIT, TÓTH ANITA RÉKA ÉS MAGYAR TIBOR *Pasteurella* (*P.*) *multocida* humán klinikai izolátumok vizsgálatáról számoltak be. A *P. multocida* egy széles gazdaspektrummal rendelkező, főként állatokat megbetegítő baktériumfaj, mely emberre elsősorban karmolás vagy harapás (macska, kutya) révén juthat át, leggyakrabban felületi sebeket, vagy seb körüli tályogokat képezve. A szerzők humán eredetű törzseket jellemezték és meghatározták a törzsek antibiotikum-érzékenységi profilját, valamint az eredményeket összevetették macskaeredetű törzsek adataival. A leggyakoribb buroktípus gazdafajtól függetlenül az „A” típus volt (93%), amelyet PCR-rendszerek segítségével határoztak meg. Agargél-precipitációs módszerrel az általánosan előforduló 1-es és 3-as szerotípusok mellett a ritkán felbukkanó, 6-os és 8-as típusokat is azonosították. Az alfajok meghatározásához a 16S rDNS PCR-RFLP-módszert alkalmazták, így a vizsgált törzsek 80%-a a *septica* alfajba sorolódott. Multi-lókusz szekvencia-tipizálással (MLST) térképezték fel a törzsek közötti filogenetikai viszonyokat, amelyek során összesen 11 új szekvenciatípust határoztak meg. A humán és macskaeredetű törzsek azonos, vagy közeli rokon szekvenciatípusokat képviseltek. A vizsgált törzsek virulenciagén-profilja (*toxA* toxin, *tbpA*, *hgbA* és *hgbB* vaskötő fehérjék, *nanH* neuraminidáz és *pfhA*, *fimA*, *hsf-1*, *hsf-2*, *tadD* adhezinek vizsgálatával) és antibiotikum-rezisztencia mintázata nagymértékű hasonlóságot mutatott. A törzsek antibiotikum-érzékenységi vizsgálata minimális gátlókoncentráció-értéket megadó tesztsíkok segítségével készült, ami alapján az összes törzs ellenállónak bizonyult eritromicinnel, klindamicinnel és szulfametoxazollal szemben, valamint az izolátumok 87%-a tilmikozinnal szemben is rezisztenciát mutatott. A vizsgálatok során hatékonyan bizonyult az ampicillin, a cefazolin, a cefpodoxim, a kloramfenikol, a florfenikol, a doxiciklin, a tetraciklin, a streptomycin, a gentamicin és az enrofloxacin. Az eredmények arra utalnak, hogy a házi macskák a *P. multocida* rezervoárjaként szolgálnak, és így humán megbetegedések forrásai lehetnek.

HAJTÓS ISTVÁN, BACSADI ÁRPÁD, KECSKEMÉTNÉ TURCSÁNYI IBOLYA ÉS MINÁR GYULA juhok és kecskék fertőző elapasztásának Borsod-Abaúj-Zemplén megyében történt megállapításáról számoltak be. A kecskék és a juhok fertőző elapasztása (contagious agalactia: CA) első-

sorban a mediterrán térség országaiban fordul elő, a fertőzésre gyanút keltő „hármastünetcsoport” a mastitis/agalactia, arthritis és kerato-conjunctivitis. A fertőzés hazai megállapításáról 20 évvel ezelőtt Bajmóczy és mtsai (Magyar Állatorvosok Lapja, 1998. 120. 390–394.) számoltak be. Az idei beszámolóban a szerzők a 2015 szeptember elején egy nagylétszámú (445 juhból és 13 kecskéből álló) állományban megállapított CA-kitörés tapasztalatait ismertették. A fertőzött állományban végzett helyszíni járványügyi, klinikai és kórbonctani vizsgálatokat kiegészítették egy elhullott anyajuh szerveinek intézeti kórbonctani és bakteriológiai vizsgálatával. Az állományban a fertőző elapasztásra gyanút keltő „hármastünetcsoport” mellett láz, bágyadság, étvágytalanság és lesóványodás volt megfigyelhető a juhokon és a kecskéken is, ill. elhullás is történt. Az antibiotikummal nem kezelt, elhullott anyajuh szerveiből *Mycoplasma agalactiae* törzset izoláltak, amely tilozinra rezisztensnek bizonyult. A szerzők megállapították, hogy a *M. agalactiae* fertőzést valószínűleg az egyik szomszédos megyéből vásárolt, tünetmentes tenyészkosokkal és/vagy növendék kecskékkal hurcolták be, és a fertőző elapasztással más hazai juh- és kecskeállományban is számolni lehet. Javasolják továbbá a tenyésztésre szánt juhok és kecskék belföldi forgalomba hozatalának állategészségügyi feltételeit meghatározó 87/2012. (VIII. 27.) VM rendelet módosítását, összhangban a 91/68/EGK tanácsi irányelv 6. cikkének előírásaival.

Az előadás tisztelgés DR. ÁLDÁSY PÁL (1928–1988), a Miskolci Állategészségügyi Intézet első igazgatójának emléke előtt születésének 90. évében.

SZEREDI LEVENTE, RAUSCH FERENC, SZELECZKY ZSÓFIA ÉS JÁNOSI SZILÁRD felnőtt juhokban Bibersteinia (B.) trehalosi okozta tömeges elhullásokról számoltak be. A *B. trehalosi* egy fakultatív patogén kórokozó baktérium, amely a 6–12 hónapos korú juhokban okozhat szisztémás megbetegedést. A kórkép hazánkban szórványosan fordul elő. A szerzők egy olyan esetről számolnak be, ahol a *B. trehalosi* kizárólag a felnőtt állatokban okozott heveny vérfertőzést és tömeges elhullást (70/628). Az elhullások 2017 májusának elején nyolc nappal a nyírás és három nappal a parazitaellenes kezelés (Dectomax inj, Zoetis, Vermitan oral, CEVA) valamint vakcinázás (Coglamune vaccine, CEVA) után kezdődtek, és hat napon át tartottak. Az elpusztult állatok előzetes klinikai tüneteket nem mutattak, vagy rövid megbetegedést (láz, savós orrfolyás, nyálzás, hasmenés), esetleg vetélést követően hullottak el. A juhászatban a szomszédos karámokban tartott vágásra szánt állatokat (200 db), ill. előző évben született bárányokat (146 db) nem érintette a megbetegedés. A vizsgálatok során öt kifejlett juhhulla (4 db nőstény, 1 db kos) kórbonctani és kór-

szövettani lelete alapján valamennyi esetben heveny vérfertőzésre utaló elváltozásokat találtak (lép- és nyirokcsomó-duzzanat, testszerte vérzések, tüdőben és májban baktérium-embólusok frisskeletű elhalással). Immunhisztokémiai vizsgálatokkal nagy mennyiségű pasteurella-antigént mutattak ki a tüdőben és a májban. A bakteriológiai vizsgálattal a tüdőből és a lépéből valamennyi esetben dús, színtenyészetben *B. trehalosi* izoláltak. A tüneteket mutató állatokban, hasonlóan más, heveny pasteurellosis kórképekhez az antibiotikumos kezelés (Draxxin 100 mg/ml inj., Cobactan 2,5% inj, Enroxil 50 mg/ml inj.) nem bizonyult hatékonynak. A járvány kitörését elősegíthették az állatok immunrendszerét hátrányosan befolyásoló körülmények (nyírás, parazitaellenes kezelés, vakcinázás).

BEKŐ KATINKA, FELDE ORSOLYA, KREIZINGER ZSUZSA, KISS KRISZTIÁN, BIKSI IMRE, HRIVNÁK VERONIKA ÉS GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma* (M.) *hyorhinitis* törzsek antibiotikum-érzékenységi profiljának meghatározásáról számoltak be. A *M. hyorhinitis* sertésekben a felső légutak nyálkahártyájának felszínén előforduló alapvetően kommenzalista kórokozó, de képes szisztémás megbetegedést is előidézni, amely leggyakrabban a 3 hónapnál fiatalabb sertésekben az ízületek és savóshártyák gyulladásában nyilvánul meg. A *M. hyorhinitis* ellen hatékony vakcina jelenleg nem áll rendelkezésre, így a kórokozó elleni küzdelem legfontosabb eszköze az antibiotikum-terápia. A szerzők elsősorban hazai sertésállományokból származó, 2014 és 2017 között gyűjtött *M. hyorhinitis* törzsek ( $n = 36$ ) antibiotikum-érzékenységi profilját határozták meg mikrolevess-hígítós módszerrel. A vizsgálatok során az összes törzs rezisztensnek bizonyult fluorokinolonokkal (enrofloxacin, marbofloxacin) és spektinomocinnal szemben. A tetraciklinek (doxiciklin, oxitetraciklin), makrolidok (tilozin, tilmikozin, tilvalozin, tulatromicin, gamitromicin), linkomicin és florfenikol esetében a vizsgált törzsek többsége az érzékeny vagy mérsékelten érzékeny kategóriába tartozott, azonban előfordultak ezekkel a hatóanyagokkal szemben rezisztenciát mutató törzsek is. Leghatékonyabbnak a gentamicin, tiamulin és valnemulin bizonyultak. A szerzők aktuális adatokat szolgáltatnak a hazai *M. hyorhinitis* izolátumok antibiotikum-érzékenységéről, amely segítséget nyújthat a fertőzött sertésállományok gyógykezelésében. Az eredmények alapján azonban különösen fontosnak tartják hangsúlyozni az antibiotikum-érzékenységi profil meghatározás és célzott antibiotikum-kezelés jelentőségét a gyakorlatban.

BEKŐ KATINKA, FELDE ORSOLYA, SÜLYOK KINGA MÁRIA, KISS KRISZTIÁN, BIKSI IMRE, HRIVNÁK VERONIKA ÉS GYURANECZ MIKLÓS *multi-locus sequence typing* (MLST-) módszer segítségével végzett *Mycoplasma* (M.) *hyorhinitis* törzsek

genotipizálásáról számoltak be. A *M. hyorhina* okozta megbetegedés heveny és idült formája is előfordul a sertésállományokban, mindkét esetben jelentős az anyagi kár. A kórokozó terjedése, a fertőzés módja még napjainkban sem teljesen tisztázott, ezen kérdések megválaszolásához egy hatékony genotipizáló módszer használata nélkülözhetetlen. A szerzők 2014 és 2017 között gyűjtött, 32 hazai *M. hyorhina* törzs genetikai jellemzését végezték el összesen hat háztartási gén (*dnaA*, *rpoB*, *gyrB*, *gltX*, *adk*, *gmk*) szekvenciájában előforduló pontmutációk alapján, MLST-módszer segítségével. A vizsgálatok során az izolátumokat összesen 25 szekvenciatípusba sorolták, amelyek között 22 új, az online MLST-adatbázisban még nem szereplő szekvenciatípust találtak (nyolc esetben új kombináció, 14 esetben pedig új allél variáns). A törzsek között tapasztalt viszonylag nagy genetikai variabilitás bizonyítja, hogy egy igen változékony kórokozóról van szó. Megfigyelhető volt az ugyanazon vagy egymáshoz közeli sertésstelepekről származó törzsek szoros rokonsága is.

FELDE ORSOLYA, KREIZINGER ZSUZSA, SÜLYOK KINGA MÁRIA, KISS KRISZTIÁN, BIKSI IMRE, MARTON SZILVIA, BÁNYAI KRISZTIÁN, KORBULY KATALIN ÉS GYURANECZ MIKLÓS *p146* gén szekvenciaelemzésével, *multi-locus sequence typing* (MLST) és *multiple-locus variable-number tandem repeat analysis* (MLVA) módszerekkel végzett *Mycoplasma* (M.) *hyopneumoniae* törzsek genotipizáló vizsgálatáról számoltak be. A *M. hyopneumoniae* világszerte elterjedt baktérium, az enzootiás pneumonia kórokozója, amely jelentős gazdasági károkat okoz a sertéságazatban. A szerzők három különböző molekuláris tipizáló módszer segítségével vizsgálták a hazai vágóhidakról származó 44 *M. hyopneumoniae* törzset a rokonsági viszonyok feltérképezésére és a módszerek összehasonlítására. Mindhárom módszerrel a hazai törzsek nagy változottságát tapasztalták. A *p146* gén szekvenciaelemzése során a tandem ismétlődő szerinegységek számát, valamint a pontmutációkat elemezték és 25 genotípust különítettek el. Az MLST során hét háztartási gén (*efp*, *metS*, *recA*, *pgiB*, *adk*, *rpoB*, *tpiA*) pontmutációinak vizsgálatával 27 szekvenciatípust különböztettek meg. Legnagyobb felbontóképességgel az MLVA rendelkezik, a felhasznált négy lókuszt segítségével 38 különböző genotípusba sorolódottak a törzsek. Bár az azonos eredetű izolátumok többsége azonos genotípusba került mindhárom rendszer szerint, a szerzők beszámoltak azonos származású, mégis eltérő genotípusú törzsekről, amelyek hátterében a kórokozó változékonysága

mellett az is állhat, hogy egy sertésstelepen akár több törzs is jelen lehet egyszerre. A szerzők eredményeik alapján tett javaslataikkal segítséget nyújtanak az egyes felhasználási célokra megfelelő tipizáló módszerek kiválasztásában: filogenetikai célokra a hét gén pontmutációit elemző MLST-vizsgálat javasolt; a *p146* gén járványtani nyomozás céljára az MLST kiegészítéseként megfelelő; az MLVA segítségével sikeresen tovább bonthatók az MLST alapján azonos szekvencia típusba sorolt törzsek, ennek megfelelően a diagnosztikában a két módszer kombinációját javasolják.

FELDE ORSOLYA, KREIZINGER ZSUZSA, SÜLYOK KINGA MÁRIA, KISS KRISZTIÁN, BIKSI IMRE, HRIVNÁK VERONIKA ÉS GYURANECZ MIKLÓS hazai *Mycoplasma* (M.) *hyopneumoniae* törzsek mikrolevess-hígítós módszerrel végzett antibiotikum-érzékenységi profiljának vizsgálatáról számoltak be. A *M. hyopneumoniae* okozta megbetegedés jelentős gazdasági károkat okoz a fajlagos takarmányértékesítés romlásán, a vágósúly csökkenésén, valamint a megelőzés és mentesítés többlet költségein keresztül a sertéságazatban. A megfelelő antibiotikus gyógykezelés egyes esetekben elengedhetetlen a gazdasági károk csökkentése érdekében. A szerzők hazai vágóhidakról származó, összesen 44 *M. hyopneumoniae* törzs antibiotikum-érzékenységi profilját határozták meg, amelyek során a törzsek többsége érzékenynek bizonyult a 15 vizsgált antibiotikumra (fluorokinolonok, tetraciklinek, pleuromutilinok, makrolidok, linkozamid, aminoglikozid, aminociklitol és fenikol). Az eredmények alapján leghatékonyabbnak a gentamicin, tilozin, tilvalozin és valnemulin bizonyultak, de a linkomicin, tiamulin és florfenikol is kis minimális gátlókoncentráció-értékeket mutatott. Ezzel szemben a fluorokinolonok (enrofloxacin, marbofloxacin) esetében csökkenő hatékonyságot tapasztaltak, és makrolidokkal (tilozin, gamitromicin, tulatromicin) és linkomicinnel szemben is kifejezetten magas értékeket mutató, rezisztens tartományba tartozó törzset is találtak. A baktérium izolálásának nehézségei, ill. a vizsgálat időigényessége miatt a telepeken jelenlévő törzsek antibiotikum-érzékenységi profiljának felmérése nem számít rutin diagnosztikai eljárásnak, ezért az eredmények fontos támpontot adhatnak a hazai sertésstelepek *M. hyopneumoniae* fertőzésének célzott antibiotikum kezelése során.

**Kreizinger Zsuzsa**