

Bakteriológia

A szekcióban 8 előadást jelentettek be. A szekció társelnökei NAGY BÉLA, FODOR LÁSZLÓ és MAGYAR TIBOR voltak.

KREIZINGER Zs., SULYOK K. M., BEKŐ K., SZABÓ Z. és GYURANECZ M. a *Mycoplasma (M.) synoviae* MS1 vakcina törzs elkülönítésére alkalmas DIVA (*differentiating infected from vaccinated animals*) rendszer fejlesztéséről számoltak be. A *M. synoviae* HIT-szerű fehérjéjét kódoló gén ismert pontmutációjának kimutatására ún. MAMA (mismatch amplification mutation assay) rendszert dolgoztak ki. Az MS 1 vakcina törzset kimutató rendszer azonos hőprofilon működik a korábban már ismertetett, MS-H vakcina törzs elkülönítésére alkalmas MS-H1 és MS-H2 rendszerekkel. Az eljárás során a HIT-szerű fehérje gén 11. nukleotidján előforduló, az MS 1 vakcina törzsben stop kodont eredményező pontmutációját olvadási görbék elemzésén alapuló, ill. agaróz gél alapú MAMA módszerekkel azonosítják, amelyekkel képesek megkülönböztetni a *M. synoviae* vad és MS 1 vakcina törzset, valamint az MS 1 és MS-H vakcina törzset és párhuzamosan alkalmazható az MS-H vakcina elkülönítésére szolgáló rendszerekkel. A módszer segítségével a rutin diagnosztikában az állatokból vett mintákból közvetlenül kivont DNS alapján megfelelő érzékenységgel és specifikussággal elkülöníthetők a *M. synoviae* vad és vakcina törzsek.

SULYOK K. M., KREIZINGER Zs., BEKŐ K., FELDE O. és GYURANECZ M. hazai és európai *Mycoplasma (M.) synoviae* törzsek genetikai jellemzéséről számoltak be. A megbetegedés diagnosztikájában és a járványtani nyomozások esetén fontos eszköz a minták molekuláris biológiai vizsgálata, az egyes állományokból származó, ill. az állományon belül előforduló törzsek rokonsági fokának megállapításához. A vizsgálatok során 22 hazai és 8, környező országokból származó vad *M. synoviae*, valamint 2 vakcina törzs (MS-H és MS 1) és a referens törzs (NCTC 10124) genetikai tulajdonságait jellemezték. Az MLST (multi-lókuszes szekvencia tipizálás) során 5 háztartási gént (*lepA*, *nanA*, *ruvB*, *ugpA* és *uvrA*) vizsgáltak, míg a *vlhA* (variábilis lipoprotein és haemagglutinin) gén jellemzésére egy 330 bázispárból álló szakaszt használtak. Az MLVA (multiple-locus variable-number tandem repeat analysis) fejlesztés során 7 tandem ismétlődő egységet választottak ki, amelyek hagyományos gél-elektroforézissel elkülöníthetőek. Az összesen 33 *M. synoviae* törzs háromféle genoti-

pizálási módszerrel kapott törzsfái hasonló elrendeződést mutattak. A *vlhA* gén tipizálása során 9 fő csoportot tudtak elkülöníteni a törzsek között. Az MLST módszerrel 16 féle genotípust különböztettek meg, míg az újonnan kidolgozott MLVA módszer 7 lókusznak vizsgálata alapján 15 típust különítettek el. Vizsgálataik eredményeként sikerrel azonosítottak egy 2016-ban több hazai és külföldi telepen járványt okozó genotípust.

SZABÓ R., WEHMANN E. és MAGYAR T. *házi- és vadmadarakból izolált Ornithobacterium (O.) rhinotracheale törzsek jellemzéséről számoltak be.* 37 mezei *O. rhinotracheale* izolátumot és 5 típustörzset vizsgáltak. A törzsek szerotípusát agargél-precipitációs módszerrel határozták meg. A genomális DNS-eket ERIC-PCR-el (enterobacterial repetitive intergenic consensus PCR), valamint 3 különböző RAPD eljárással (random amplified polymorphic DNA assay) vizsgálták. Meghatározták és filogenetikai elemzésnek vetették alá a törzsek 16S rRNS-ének részleges szekvenciáját (1334 nukleotida). A mezei izolátumok legnagyobb része A szerotípusú volt, egy törzset B és egyet pedig D szerotípusúként határoztak meg. Egy törzs az A-E szerotípusok ellen termelt savók egyikével sem reagált. A 16S rRNS filogenetikai elemzése két klaszterre osztotta az izolátumokat. ERIC-PCR segítségével 13 mintázatot azonosítottak, a RAPD vizsgálat M13 primerrel 10 típusba sorolta a vizsgált törzseket. A másik két RAPD vizsgálat nem volt alkalmas a törzsek csoportosítására. A mintázatok egyik módszer esetében sem mutattak összefüggést az izolálás helyével vagy idejével. Az ERIC-PCR-t alkalmazva, a csirkéből származó izolátumok nagyobb változatosságot mutattak, mint a pulykából származóak. Eredményeik alapján az ERIC-PCR a legalkalmasabb az *O. rhinotracheale* törzsek genetikai változatosságának vizsgálatára.

SÁRKÖZI R., MAKRAI L., PÁL Zs. és FODOR L. *Actinobacillus (A.) pleuropneumoniae* sertés és vaddisznó tonsillából történő izolálására alkalmas szelektív táptalaj fejlesztéséről és vizsgálataik eredményéről számoltak be. A mandulában nagy számban fordulnak elő az *A. pleuropneumoniae* baktériumnál gyorsabban növekvő mikroorganizmusok, ezért szelektív táptalajra van szükség az izoláláshoz. A vaddisznó fogékony a kórokozóra és bár a betegséggel kapcsolatos klinikai tüneteket ebben a fajban eddig még nem írtak le, potenciális rezervoár lehet. 68 vaddisznóból és 3 sertéstelep 40 állatából származó tonsillát vizsgáltak meg. Az általuk fejlesztett és a JACOBSEN és NIELSEN (1995) által leírt szelektív táptalajok közül az utóbbin sikerült egy vaddisznó mandulából

NAD-függő *A. pleuropneumoniae* törzset izolálniuk, amelyet passzív hemagglutinációval a 12-es szerotípusba soroltak. Meghatározták a törzs minimális gátló koncentrációját 16 féle antibiotikum esetében. A törzs érzékenynek bizonyult ampicillinre, amoxicillin-klavulánsavra, enrofloxacinra, tulatromicinre, tilmikozinra, klóramfenikolra és flórfenikolra, viszont rezisztens volt penicillinnel, amoxicillinnel, gentamicinnel, spektinomocinnel, oxitetraciklinnel és tilmikozinnal szemben. Házi sertés mandulából három *A. pleuropneumoniae* törzset izoláltak, amelyek közül kettő a 16-os szerotípusba, egy pedig a 13-as szerotípusba tartozott. A vágóhídról származó *A. pleuropneumoniae* pozitív tonsillák esetén a tüdőből is sikerült izolálni az azonos szerotípusba tartozó baktériumtörzset.

UJVÁRI B., MAKRAI L. és MAGYAR T. *Pasteurella (P.) multocida* multirezisztenciáját vizsgálták. A *P. multocida* antibiotikum rezisztenciájáról egyre több tanulmány számol be, és olyan multirezisztens törzsek is azonosításra kerültek, amelyek az állatorvosi gyakorlatban használt antibiotikum csoportok legtöbbszörével szemben rezisztenciát mutattak. A korábbi tanulmányok a multirezisztencia kialakításáért felelős rezisztencia plazmidokat, ill. a kromoszómába épült integratív és konjugatív elemeket írták le. Munkájuk során egy borjú tüdőgyulladásos megbetegedéséből izolált *P. multocida* törzs antibiotikum érzékenységi profilját határozták meg, és tanulmányozták a rezisztencia genetikai hátterét. A molekuláris fajazonosítást követően a buroktípust PCR segítségével határozták meg. A szomatikus szerotípust az agargél precipitációs módszerrel azonosították, és a kórokozó biokémiai profilja alapján a biotípust is meghatározták. A filogenetikai viszonyokat a háztartási gének szekvencia analízisén alapuló multi-lókuszos szekvencia tipizálással (MLST) térképezték fel. Meghatározták a vizsgált törzs antibiotikum érzékenységi profilját, majd a rezisztencia gének azonosításához PCR reakciókat használtak fel. Az izolátumot A buroktípusú, 3-as szomatikus szerotípusú *P. multocida*-ként azonosították, és a 9-es biotípusba sorolták be. Az MLST vizsgálat során kapott adatok alapján a törzs a 79-es szekvenciatípusba tartozott. A vizsgált törzs érzékeny volt ampicillinre, cefalotinre, ciprofloxacinra, kolisztinre, florfenikolra, gentamicinre, penicillinre, spektinomocinre, trimetoprim-szulfometoxazolra, és vancomycinre. Rezisztenciát mutatott kloramfenikollal, klindamicinnel, doxiciklinnel, enrofloxaccinnel, erythromicinnel, nalidixsavval, streptomocinnel, szulfamethoxazollal és tetraciklinnel szemben. A rezisztencia gének PCR vizsgálata során a kloramfenikol

(*catAIII*), a szulfonamid (*sulII*), a streptomycin (*strA*) és a tetraciklin (*tetB*) rezisztencia kialakításáért felelős génszakaszokat, ill. a *parC* génszakasz esetében a kinolon rezisztencia előidézésében szerepet játszó pontmutációt azonosítottak. A vizsgált törzs nem rendelkezett plazmiddal. A kromoszómába integrálódott, rezisztencia géneket hordozó mobilis genetikai elemeket célzó PCR vizsgálatokban is negatív eredményt kaptak. Eredményeik arra utalnak, hogy a *P. multocida* több lépésben képes antibiotikum rezisztenciát kódoló génszakaszok kromoszómába integrálására.

UJVÁRI B., MAGYAR T., SZEREDI L., VIRSINGER N., ALBERT E., NÉMET Z., CSUKA E. és BIKSI I. *vérzésem vérfertőzés ismételt hazai előfordulásáról számoltak be. A Pasteurella (P.) multocida* burkát alkotó különböző mukopoliszacharidok alapján ötféle (A, B, D, E, és F) burktípus, míg a sejtfal lipopoliszacharid antigénjei alapján 16 féle szomatikus szerotípus (1-16) különíthető el. A különböző burk- és szerotípusok előfordulása összefüggésbe hozható az egyes betegségtípusokkal és gazdafajokkal. A B:2 és E:2 típusú törzsek szubtrópusi területeken a kérődzők vérezsem vérfertőzést idézik elő, amely egy akut, gyakran fatális kimenetelű megbetegedés. 2013-ban háztáji sertéseket érintő vérfertőzemes pasteurellosist állapítottak meg hazánkban, majd 2016. nyarán a B:2 típusú *P. multocida* törzsek által okozott vérezsem vérfertőzés újból megjelent egy hazai szarvasmarha állományban. A kitenyésztett kórokozó biokémiai profilja alapján meghatározták a biotípust, majd polimeráz láncreakciókkal (PCR) a fajt, és a burktípust is azonosították. A szomatikus szerotípus meghatározásához az agargél precipitációs módszert és egy multiplex PCR reakciót alkalmaztak. A filogenetikai viszonyokat a háztartási gének szekvencia analízisén alapuló multi-lókusz szekvencia tipizálással (MLST) térképezték fel. Két *P. multocida* törzset sikerült izolálniuk. A törzsek mindegyike ornitin-dekarboxiláz aktivitással rendelkezett és a xilóz és a szorbitol fermentálására is képes volt. Negatív reakciót adtak az arabinóz, laktóz, maltóz, trehalóz és dulcitol fermentációt vizsgáló reakciókban, így a törzseket a 3-as biotípusba sorolták. A törzsek mindegyike B burktípusúnak és 2-es szomatikus szerotípusúnak bizonyult. Az MLST vizsgálat során kapott adatok alapján egy új szekvenciatípust azonosítottak (ST64). A B:2 szerotípusú *P. multocida* törzsek vizsgálata során megállapították, hogy a vérezsem vérfertőzést előidéző izolátumok fenó- és genotípusos diverzitása rendkívül alacsony, és gazdafajtól függetlenül egy jól elkülönülő filogenetikai vonalat képviselnek a fajon belül.

SVÁB D., BÁLINT B., MARÓTI G. és TÓTH I. *Shiga-toxin termelő Shigella (S.) sonnei (STSS) 75/02 törzs teljes genom szekvenciájának meghatározásáról számoltak be.* A Shiga toxinok (Stx) AB₅ típusú fehérjeszintézis-gátló toxinok, melyek a *Shigella dysenteriae* 1-es típusának, valamint patogén *Escherichia coli* törzsek közül több patotípusnak (enterohemorragiás – EHEC, Stx termelő – STEC) kulcs-virulencia faktora. A *S. sonnei* 75/02 genomja a 4.891.717 bp méretű kromoszómából és hét plazmidból áll. Ezek közül legfontosabb a 214 kb méretű inváziós plazmid (pIn_v_75/02), mely a III-as típusú szekréciós rendszer és a kapcsolódó effektorok génjeit hordozza, utóbbiak közül legfontosabb a *Mxi-Spa* régió és a 2-es típusú *Shigella* enterotoxin (Shet2). A további plazmidok mérete rendre 60 és 2,7 kb közötti, a p75/02_3 jelzésűn (6,3 kb) megtalálható a bla_{TEM-52} széles spektrumú béta-laktamáz gén is. A kromoszómában 23, összesen csaknem 500 kb méretű profág-régió található, köztük legfontosabb a Stx1 géneket hordozó, korábban jellemzett konvertáló lambdoid profág. A pIn_v_75/02 virulencia faktorain kívül a kromoszómában kódolt több jelentős *Shigella* virulenciafaktor, köztük öt példányban az inváziós plazmid antigén (*IpaH*), továbbá a *sigA* immunoglobulin proteáz, a *senB* enterotoxin, a gazda gyulladásmegválasztást befolyásoló *ShiA*, valamint egy profághoz kapcsolódóan a szérumrezisztencia faktor (*iss*). Munkájuk során elsőként határozták meg egy hibrid patotípusú, Stx termelő *S. sonnei* (STSS) törzs teljes genomját. A *S. sonnei* 75/02 rendelkezik a *S. sonnei* faj minden tipikus virulencia faktorával, ennek fontos kiegészítője a Stx1 termelő képesség. Mivel az Stx1 géneket hordozó profágról korábban megállapították, hogy képes transzdukcióra, további hasonlóan virulens MDR *S. sonnei* törzsek megjelenésére lehet számítani.

SZMOLKA A., SZABÓ M., KISS J., PÁSZTI J., OLASZ F. és NAGY B. *a multirezisztens Salmonella (S.) Infantis klónok nagyméretű endémiás plazmidjának jellemzéséről számoltak be.* A *Salmonella* serovarok közül a *S. Infantis* a hazai broiler állományok fertőzöttségének elsődleges forrása. A 2000-es évek elejére eső klonális áthangolódás során az ún. B klón terjedt el, amit elősegíthetett a multirezisztenciáért felelős pSI54/04 plazmid hordozása. A 2011-2013. között izolált *S. Infantis* törzsek molekuláris epidemiológia jellemzése során meghatározták a plazmid hordozás-rezisztencia mintázat-klonalitás közötti összefüggéseket. A pSI54/04 plazmid genetikai variabilitását illetve egyéb plazmidokkal való társulásait a nagyplazmidos törzsekben vizsgálták. A plazmid valamint a SPI₁-2 patogenitásban

betöltött szerepének vizsgálatára *in vitro* és *in vivo* rendszereket használtak. A pSI54/04 (~277 kb) plazmid a MDR *S. Infantis* törzsek „prototípus plazmidjának” tekinthető, amely a recens broiler és humán MDR *S. Infantis* törzsek között is a leggyakoribb. A plazmidot leginkább a Nal-Tet-Sul fenotípusú és a B klónba tartozó MDR törzsekben mutatták ki. A pSI54/04 tipizálására egy, a plazmid specifikus rezisztencia és virulencia régióra tervezett PCR rendszert állítottak össze, melynek eredményeként főként a pSI54/04 prototípus plazmidot azonosították, ugyanakkor néhány deléciós változatát is kimutatták. A specifikus régiók szekvencia elemzése alapján a pSI54/04 plazmid nagyfokú homológiát mutat az izraeli humán *S. Infantis* törzsekben elter-

jedt pESI plazmiddal. Néhány törzsben a pSI54/04 a bla_{TEM-1} gént hordozó plazmiddal társultan fordult elő. A pSI54/04 plazmid bevitele nem járt együtt az alaptörzs sejt-inváziós és vakbél-kolonizációs képességének növekedésével, míg a SPI1 deléciója a CEF-invázió szignifikáns csökkenéséhez vezetett. Adataik alapján úgy tűnik, hogy a pSI54/04 MDR plazmid kevésbé befolyásolja a törzsek patogenitását mint a SPI1, de fontos lehet a környezeti túlélésben és a *S. Infantis* törzsek terjedésben. Eredményeik, az, egyébként igen elterjedt C csoportú non-invazív szerovarovok esetében, mint pl. a *S. Infantis* a baromfi és a *Salmonella* bizonyos fokú adaptációját is jelzik.

Dr. Jánosi Szilárd