

## Current situation of rabies in bats in Hungary

B. Forró<sup>1\*</sup>

K. Bányai<sup>1</sup>

E. Sós<sup>2</sup>

Á. Hornyák<sup>3</sup>

1. MTA ATK

Állatorvos-tudományi Intézet,  
H-1142 Budapest, Hungária krt. 21.

\*e-mail: forro.barbara@agrar.mta.hu

2. Fővárosi Állat- és Növénykert,

H-1146 Budapest, Állatkerti krt. 6-12.

3. NÉBIH Állategészségügyi

Diagnosztikai Igazgatóság,

H-1149 Budapest, Tábornok utca 2.

# A denevérveszetheg aktuális helyzete Magyarországon

Forró Barbara<sup>1\*</sup>, Bányai Krisztián<sup>1</sup>, Sós Endre<sup>2</sup>, Hornyák Ákos<sup>3</sup>

## ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők közleményükben bemutatják a denevérveszetheggel kapcsolatban végzett felmérő vizsgálataik eredményeit. Az elmúlt 40 évnvi időszakból mindössze hét veszethegvírussal fertőzött denevért sikerült azonosítaniuk. A vizsgálatok minden esetben közönséges késeidenevérből (*Eptesicus serotinus*) mutatták ki az EBLV-1 fertőzethegét. A nukleoproteint kódoló gén részleges szekvenciáiból végzett filogenetikai számítások szerint a kimutatott vírusok az EBLV-1a klaszterbe tartoznak. Valószínűsíthető, hogy a denevér lyssavírusra irányuló passzív szűrővizsgálatokból nyert adatok nem adnak valós képet a vírus valódi gyakoriságára vonatkozóan. Egy átfogóbb ismeretanyag megszerzésének érdekében, valamint a denevérveszetheg lehetséges állatorvosi és közegészségügyi vonatkozásai miatt a jövőben érdemes lenne a jelenlegi vizsgálatokat az aktív surveillance módszertanával kiegészíteni.

## SUMMARY

**Background:** The European bat lyssavirus types 1 and 2 (EBLV-1 and EBLV-2) belong to the *Lyssavirus* genus within the *Rhabdoviridae* family. Although bats are considered the ancestral and often the primary hosts for EBLVs, interspecies transmission events affecting non-reservoir hosts (e.g. cats, martens, foxes and humans) have been reported.

**Objectives:** This retrospective study gives an overview of the isolated bat lyssaviruses in Hungary. Study results rely on passive surveillance that dates back to the late 1970s.

**Materials and Methods:** Samples of bat origin samples were examined by using three classical methods. Brain sections were examined by fluorescent antibody test and haematoxylin-eosin staining to detect lympho-histiocytic inflammation, in addition, mouse inoculation test was implemented in all cases whenever human contact had been reported. The partial nucleoprotein coding region of the genomic RNA was sequenced for further examination. Phylogenetic analysis was conducted by maximum-likelihood method using the MEGA6 software.

**Results and Discussion:** Passive surveillance for EBLV identified seven positive animals out of 144 tested specimens over a four decade period. All bats that tested positive were serotine bat (*Eptesicus serotinus*), whereas the identified virus isolates could be classified into the EBLV-1 species and the EBLV-1a genetic cluster. Surveillance results suggest that bat lyssavirus infection is rare among species of the Hungarian bat fauna. Future studies should aim at gaining deeper insight into viral transmission, host spectrum and incidence of symptomatic and asymptomatic infections.

A veszettség egy idegrendszert érintő betegség, amely agy- és gerincvelő-gyulladás formájában jelentkezik szinte kizárólag emlősökben. A veszettség kórokozója lövedék alakú, negatív egyszálú RNS-vírus, rendszertanilag a *Mononegavirales* renden és a *Rhabdoviridae* családon belül a *Lyssavirus* nemzetségbe tartozik. Jelenleg 14 lyssavírus-fajt különítenek el ebben a vírusnemzetségben, ezek a következők: *Rabies virus* (RABV), *Lagos bat virus* (LBV), *Mokola virus* (MOKV), *Duvenhage virus* (DUVV), *European bat lyssavirus-1* (EBLV-1), *European bat lyssavirus-2* (EBLV-2), *Australian bat lyssavirus* (ABLV), *Aravan virus* (ARAV), *Khujand virus* (KHUV), *Irkut virus* (IRKV), *West Caucasian bat virus* (WCBV), *Shimoni bat virus* (SHIBV), *Bokeloh bat lyssavirus* (BBLV), *Ikoma lyssavirus* (IKOV). További két faj – *Lleida bat lyssavirus* (LLEBV) és *Gannoruwa bat lyssavirus* (GBLV) – besorolásának véglegesítése függőben van (1, 10, 23).

**A veszettség agy- és gerincvelő-gyulladással járó, emlősökben előforduló betegség**



**1. ÁBRA.** Európában azonosított denevérveszetségesetek földrajzi eloszlása

Forrás: <https://www.who-rabies-bulletin.org/site-page/queries>

**FIGURE 1.** Geographic distribution of the identified bat lyssavirus cases in Europe

Source: <https://www.who-rabies-bulletin.org/site-page/queries>

**A Lyssavirus nemzetségbe tartozó vírusfajok ősi gazdájának a denevéreket tekintik**

A nemzetség típusfaja a RABV, ez a vírus felel a legtöbb emberi megbetegedésért, valamint a háziállatok körében megfigyelt veszettségesetekért egyaránt (17, 39). A *Lyssavirus* nemzetségbe tartozó vírusfajok ősi gazdájának a denevéreket tekintik, és ennek megfelelően – a MOKV és az IKOV kivételével – az összes lyssavírust kimutatták már denevérekben (5, 6, 8, 13, 42). Ezzel összefüggésben a RABV-ra vonatkozó adatok érdekes földrajzi eltérést mutatnak, ugyanis míg az amerikai kontinensen denevérekben és szárazföldi hűsevő fajokban egyaránt kimutatták már ezt a vírusfajt, addig Euráziában, Afrikában és Ausztráliában nem írtak le denevérben RABV-fertőzést (6).

**Az Európában denevérben azonosított négy lyssavírus-fajból hazánkban csak az EBLV-1 előfordulása ismert**

Európában napjainkig négy lyssavírus-fajt azonosítottak denevérekből (EBLV-1, EBLV-2, BBLV és LLEBV), amelyek közül hazánkban csak az EBLV-1 előfordulásáról tudunk. A WHO veszettségre vonatkozó hivatalos jelentése szerint 1977 óta több mint 1100 denevérfertőződést dokumentáltak (1. ábra; <http://www.who-rabies-bulletin.org/site-page/queries>). A leggyakrabban azonosított denevér-lyssavírusok az EBLV-1 és EBLV-2 fajba tartoznak, amelyek filogenetikai vizsgálatokkal további két-két csoportba sorolhatóak (EBLV-1a és EBLV-1b, valamint EBLV-2a és EBLV-2b) (4, 14).

**2. ÁBRA.** Az EBLV-1-vírust a közönséges késeidenevérből (*Eptesicus serotinus*) azonosítják az esetek jelentős részében  
Forrás: <http://www.hunbat.hu> és DR. GÖRFÖL TAMÁS

**FIGURE 2.** EBLV-1 vírus is detected mostly from serotine bat (*Eptesicus serotinus*)  
Source: <http://www.hunbat.hu> and DR. TAMÁS GÖRFÖL



**Az EBLV-1-vírust az esetek 95%-ában közönséges késeidenevérben azonosították**

Az EBLV-1-vírust az esetek 95%-ában közönséges késeidenevérben (*Eptesicus serotinus*) azonosították. A közönséges késeidenevér Európában és Magyarországon is gyakori, lakott területek jellegzetes denevérfaja. A faj tavasszal és nyáron aktív; szálláshelyét padlásokon, templomtornyokban alakítja ki. A közönséges késeidenevér nagytermetű faj, felismerhető a hátoldalán barna, hasi oldalon világosabb szürkésbarna színű bundájáról és a nem túl hosszú, de alapjában széles füléről (2. ábra). Jóval kevesebb EBLV-1-vírussal összefüggésbe hozható esetet dokumentáltak a közel rokon Izabella-késeidenevérből (*Eptesicus isabellinus*) és a közönséges denevérből (*Myotis myotis*) (3, 49). Jelenlegi ismereteink szerint az EBLV-2 ritkábban fordul elő, jellemző gazdafaja a vízi denevér (*Myotis daubentonii*) és a közel rokon tavi denevér (*Myotis dasycneme*) (37). Az EBLV-1 természetes körülmények között képes megfertőzni és megbetegedést okozni macskában, juhban, és nyestben, kísérleti körülmények között pedig sikeresen fertőztek vadászgörényeket is (12, 32, 45, 48). Rókák EBLV-1- és EBLV-2-vírussal történt kísérletes fertőzése érdekes eredményeket hozott; míg az EBLV-1-vírussal intramuscularisan fertőzött egyedek 14%-a klinikai tüneteket mutatott, addig az EBLV-2 vírussal fertőzött egyedek egyáltalán nem produkáltak tüneteket. Intracranialis injektálást követően viszont a kísérletbe vont állatok mind elpusztultak, függetlenül attól, hogy mely vírussal végezték a fertőzést (11). A denevérveszettség humán-egészségügyi vonatkozásai nem pontosan ismertek; napjainkig mindössze öt halálos kimenetelű esetet dokumentáltak (2, 7, 19, 29, 36, 41, 43).

A BBLV és LLEBV két, újonnan felfedezett denevér-lyssavírus. A BBLV-t először 2010-ben írták le Németországban, majd 2012-ben Franciaországban is igazolták jelenlétét. A BBLV valószínűsíthető gazdafaja a horgasszőrű denevér (*Myotis nattereri*) és a közönséges törpedenevér (*Pipistrellus pipistrellus*) (20, 35). A BBLV fajon belül filogenetikai analízissel két leszármazási vonalat különítettek el (16).

**A denevérek veszettsége testtömeg-csökkenésben, megváltozott viselkedésben nyilvánul meg**

Az LLEBV lyssavírust 2012-ben izolálták hosszúszárnyú denevérből (*Miniopterus schreibersii*) Spanyolországban (10). A BBLV és LLEBV állat- és közegészségügyi vonatkozásai ma még nem ismertek.

A denevérek veszettsége testtömeg-csökkenésben, megváltozott viselkedésben (pl. fénykerülő magatartás eltűnése, nyelési képesség megszűnése) nyilvánul meg. Ezen felül a fertőzött állatok az izommozgások koordinációjának zavarából adódóan kényszermozgást végeznek és gyakran agresszív viselkedést mutatnak. Csökken a táplálék- és vízfelvételük, végül nehézlégzés, bénulás és fulladásos halál következik be. A denevérekben tapasztalt hosszú lappangási idő valószínűsíthetően a téli álommal és a nappali hibernációs (torpor) periódussal is összefügg (27). A klinikai tünetek hiánya nem feltétlenül jelenti a fertőzés hiányát. Franciaországban és Angliában végzett felméréző vizsgálatok során azt tapasztalták, hogy szerológiailag áthangolódott denevérek nem mutattak klinikai tüneteket és a levett szájúregi kenetmintákból virális RNS nem volt kimutatható (24, 27, 34).

A Magyar Állatorvosok Lapja hasábjain utoljára egy évtizede jelent meg tudományos közlemény a denevérveszetségről (31). Jelen tanulmányunk célja az, hogy aktualizáljuk a denevérveszetség hazai helyzetéről szerzett ismereteket és adatokat szolgáltatassunk az azonosított vírusok taxonómiai hovatartozásáról.

## ANYAG ÉS MÓDSZER

### RUTIN-DIAGNOSZTIKA

A veszettség rutin diagnosztikáját hagyományos módszerekkel hajtottuk végre, amely a következőket foglalja magában: immunfluoreszcens mikroszkópia, hematoxilinnal és eozinnal végzett festés és kórszövettani vizsgálat, valamint egérben végzett kísérleti állatoltás.

Az immunfluoreszcens festés alkalmas a veszettségvírusok (beleértve a RABV, az EBLV-1 és az EBLV-2) közvetlen kimutatására. Az agyszövetből (beleértve a kisagy, ammonszarv, agykéreg, híd, thalamus és a nyúltvelő régióit) lenyomatot készítettünk és láng felett fixáltuk, majd 100 µl 1/20 hígítású specifikus konjugátummal (SIFIN, Berlin, Germany) festettük egy órán keresztül 37°C-on. Ezt követően az agyszövet mintákat kétszer öt percen keresztül foszfát pufferes oldatban mostuk, majd desztillált vizes öblítést követően mikroszkóp alatt vizsgáltuk. A vizsgálat során alkalmazott specifikus konjugátum fluoreszceinnel (FITC) jelölt monoklonális ellenanyag, amely a vírusantigénhez kötődve immunkomplexet képez és fluoreszcens mikroszkóppal vizsgálva sárgás-zöld, kerekded vagy ovális alakú, belül egyneműen, a széli részen intenzívebben, gyűrű alakban festődő képleteket (vírusreplikációs helyek) tesz láthatóvá a fertőzött sejtek citoplazmájában (3. ábra).

**3. ÁBRA.** a, Hematoxin-eozin festéssel kimutatott lymphocitózis agyvelőgyulladás

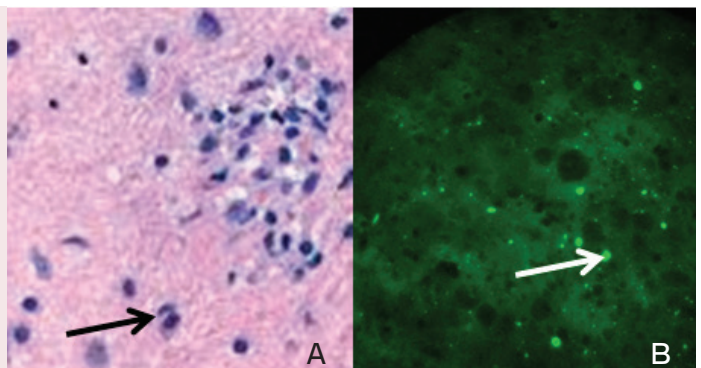
b, Negri-testek, veszettségantigénre pozitív (nyíl) immunfluoreszcens festést követően

(DR. HORNYÁK ÁKOS és DR. JUHÁSZ TAMÁS felvétele)

**FIGURE 3.** a, Lymphocytic encephalitis revealed by using haematoxylin and eosin staining.

b, Visualisation of Negri bodies by immunofluorescence staining (arrow)

(Photo: DR. ÁKOS HORNYÁK and DR. TAMÁS JUHÁSZ)





**A kórszöveti vizsgálatok során hematoxilinnal és eozinnal festett metszeteken keresték az agyvelőgyulladás jeleit**

**Kísérleti állatoltást kizárólag azokban az esetekben végeztek, amikor a kórelőzményben emberi érintettség szerepelt**

**A molekuláris vizsgálatokat agyvelő-homogenizátumból kivont RNS-en végezték**

A kórszöveti vizsgálatok során a beküldött denevérek agyvelőmintáit 8%-os pufferolt formaldehid-oldatban fixáltuk, majd víztelenítést és paraffinos beágyazást követően a metszeteket hematoxilinnal és eozinnal (HE) festve kerestük az agyvelőgyulladás jeleit (26) (3. ábra).

Kísérleti állatoltást kizárólag azokban az esetekben végeztünk, amikor a kórelőzményben emberi expozíció szerepelt. Ezekhez a vizsgálatokhoz az egereket négy hetes korban CO<sub>2</sub>-os bódítás mellett intracerebrálisan oltottuk be agyvelő-homogenizátummal, majd 28 napig megfigyelés alatt tartottuk őket. Az elhullott egyedekből, valamint 28 nap után a megmaradó, túlaltatott egerekből nyert mintákból a korábban említett módszerekkel végeztük el a veszettség differenciáldiagnosztikáját.

### MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATOK

A virális RNS kivonását agyszövet-homogenizátumból végeztük a QIAamp Viral RNA kit (Qiagen) felhasználásával, a gyártó útmutatása szerint. Kvantitatív SYBR Green alapú RT-PCR-t (qRT-PCR) alkalmaztunk a gyors kórjelzés érdekében (18, 50). Pozitív kontrollként részben a CVS (azaz Challenge Virus Standard), részben általunk korábban kimutatott denevérveszetségi vírus RNS-mintái szolgáltak.

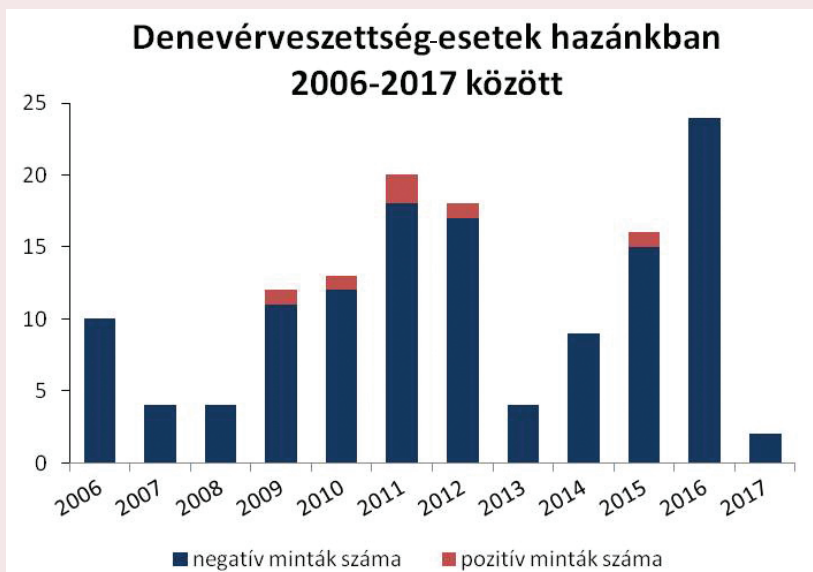
A qRT-PCR eredményének ellenőrzésére, valamint a minták genetikai jellemzésére agarózgél alapú RT-PCR-t használtunk; ennek során a nukleoproteint kódoló régióban egy 606 bázispár hosszú szakaszt erősítettünk fel (33). A felszaporított DNS-termékek gélből való tisztításához a QIAquick Gel Extraction Kit-et (Qiagen) használtuk. Ezt követően a Sanger-szekvenálást a Szegedi Biológiai Kutatóközpontban végeztettük el.

A szekvenciavizsgálat során a részleges nukleoprotein-génszakaszokat (570

bázispár) a G9 program MAFFT algoritmusával rendeztük össze. A filogenetikai fát Maximum-Likelihood módszerrel generáltuk, Tamura-Nei szubsztitúciós modellt és 1000 bootstrap ismétlést alkalmazva a MEGA6 szoftver segítségével (25, 44).

### EREDMÉNYEK

1977 és 2017 között 144 denevérminta feldolgozását és veszettségvírusra irányuló vizsgálatát végezte el a NÉBIH ÁDI. Ebből hét minta (4,9%) volt pozitív denevérveszetségre (4. ábra). Az első hazai esetet MOLNÁR és mtsai azonosították 1999-ben (31). A következő 10 év során nem találtunk újabb denevérveszetségi esetet. Ezt követően évente átlagosan egy-két denevérből mutattuk ki a vírust. A legutolsó eset regisztrálására 2015-ben került sor. Mind a hét esetben közönséges késeidenevérből (*Eptesicus serotinus*) azonosítottuk a vírust (Táblázat). A szekvenciaelemzés eredményei szerint a kimutatott vírusok taxonómiailag az EBLV-1 fajhoz tartoztak.



**4. ÁBRA.** Denevérveszetségre vizsgált minták száma hazánkban 2006 és 2017 között éves bontásban

<http://www.who-rabies-bulletin.org>

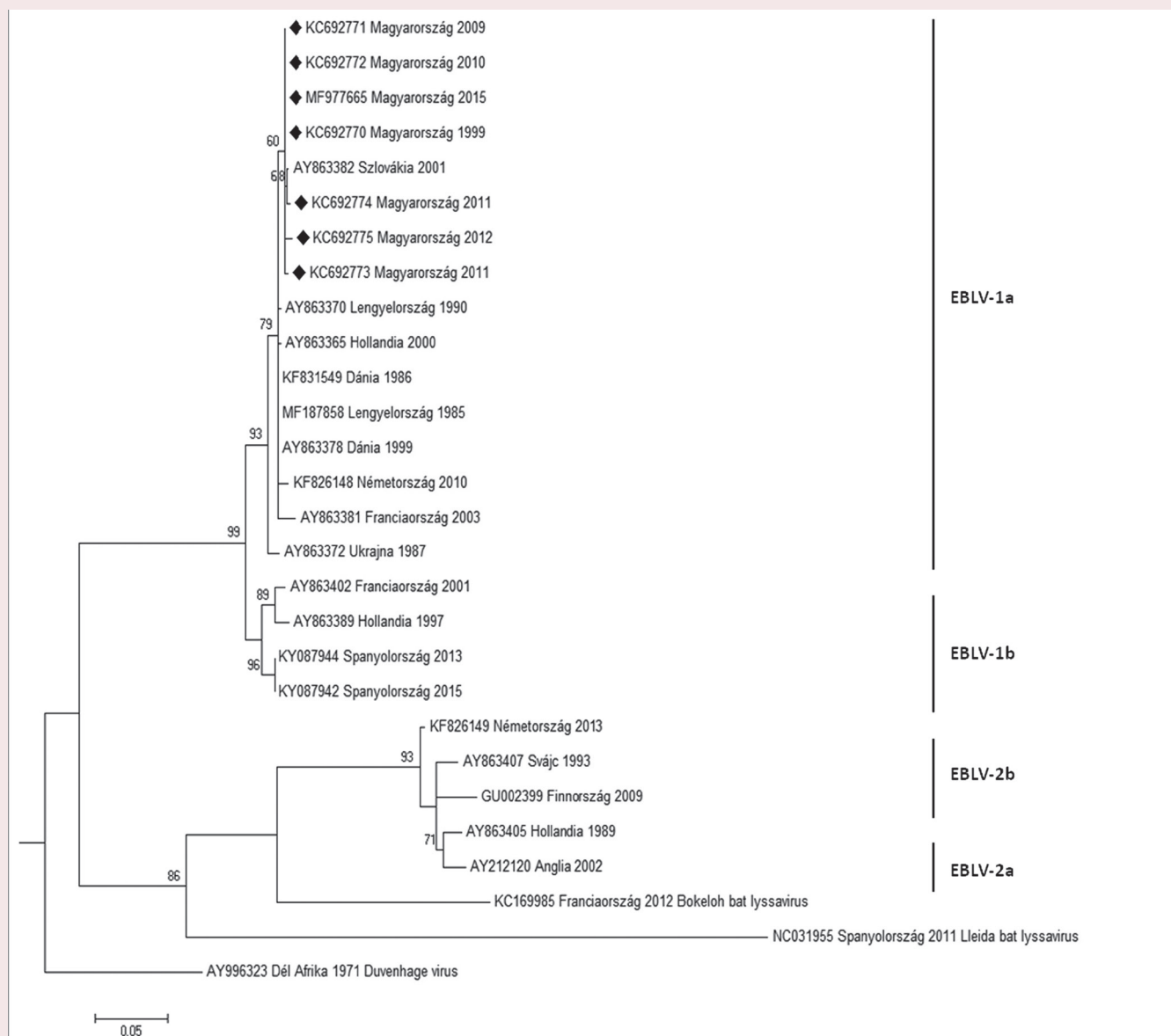
**FIGURE 4.** Number of bat samples tested for lyssavirus infection between 2006 and 2017 in Hungary

<http://www.who-rabies-bulletin.org>

**TÁBLÁZAT.** Összefoglaló táblázat a hazánkban azonosított denevérveszetség esetekről

**TABLE.** Summary of bat lyssavirus cases identified in Hungary

Izolálás éve	Pozitíveset szám	Helyszín	Humán kontaktus	Génbanki azonosító
1999	1	Budapest XVIII. kerület	harapás nem történt	KC692770
2009	1	ismeretlen	harapás nem történt	KC692771
2010	1	Cegléd	harapás nem történt	KC692772
2011	2	Budapest XV. kerület Budapest XIII. kerület	harapás nem történt	KC692773; KC692774
2012	1	Budapest IV. kerület	harapás nem történt	KC692775
2015	1	Budapest X. kerület	harapás nem történt	MF977665



**5. ÁBRA.** Magyarországi denevérveszetség-vírusok genetikai rokonságát mutató filogenetikai fa

**FIGURE 5.** Phylogenetic tree showing the genetic relationship of the Hungarian EBLV strains

**1977 és 2017 között a vizsgált 144 denevér-minta közül 7 volt pozitív**

**Valamennyi vírustörzs az EBLV-1a klaszterbe tartozott**

**Kolónián belül a vírus a társas érintkezés során, nyállal, esetleg belélegzéssel terjedhet**

**Az EBLV-1 különböző genetikai változatai egyaránt jól adaptálódtak a közönséges késeidenevérekhez**

A részleges nukleoproteingén-szekvenciákat felhasználva törzsfát készítettünk annak megállapítására, hogy a hazánkban kimutatott EBLV-1-izolátumok melyik filogenetikai csoportba tartoznak. A törzsfá alapján az összes eddigi Magyarországon dokumentált denevérvészesség-esetből kimutatott vírus az EBLV-1a klaszterbe tartozott és a legközelebbi genetikai rokonságot szlovákiai és lengyelországi EBLV-1-vírusokkal mutatták. Az EBLV-1a klaszteren belül a filogenetikai elemzéshez (5. ábra) felhasznált szekvenciák azonossága 97,2 és 100% között változott, míg az EBLV-1a és 1b klaszterek között a szekvenciaazonossági érték 94,3–96,1% közé esett. A jelenleg elérhető szekvenciaadatok alapján az EBLV-1a klaszter földrajzi elterjedése felöleli Nyugat-, Közép- és Kelet-Európát, míg az EBLV-1b klaszter reprezentatív izolátumai csupán néhány nyugat-európai országból ismertek. Ugyanakkor a két klaszter tagjainak elterjedése legalább Franciaországban és Hollandiában egymással átfedést mutat (5. ábra) (4).

## MEGVITATÁS

A denevér-lyssavírusok kolónián belüli terjedésére több feltevés is született. Valószínűsíthető, hogy a vírus terjedésében az egyedek kolónián belüli társas viselkedése (pl. nőstények ivadékgondozási magatartása, hímek közötti területi dominanciaharcok a párzási időszakban) alapvető fontosságú. A társas érintkezés során a denevér-lyssavírus feltehetően nyállal terjed, bár egyes feltevések szerint a fertőzés belélegzéssel is bekövetkezhet (21). Laboratóriumi körülmények között a veszettség tüneteit mutató állatokkal való érintkezés is közvetítheti a fertőzést (21, 28). A nyálban kimutatható EBLV fertőzőképességével kapcsolatban azonban kevés adat áll rendelkezésre és a virális RNS diagnosztikai, ill. monitorozási célú kimutatására vonatkozóan is ellentmondásos adatok láttak napvilágot. Nagy-Britanniában (EBLV-2) és Franciaországban (EBLV-1) végzett felmérő vizsgálatok szerint a szerológailag áthangelődött egyedek nyálmintáiban nem volt kimutatható denevér-lyssavírus (34, 40). Ugyanakkor, Spanyolországban és Németországban végzett kutatások arról tudósítanak, hogy az EBLV-1 genom RNS-e kimutatható denevérnyalból is. Érdekesnek bizonyult az a megfigyelés, amely szerint a vizsgált egyedek nyálában talált virális RNS az agyszövetből nem volt kimutatható. Mindez arra utal, hogy a veszettség vírusa a hagyományos terjedési móddal ellentétben nem axonális transzporttal jut a nyálmirigyekhez (15, 38). Élő állatoktól vett mintákból végzett víruskimutatási vizsgálatok szerint egészségesnek tűnő állatok nyálában is kimutatható a denevér-lyssavírus (15, 38, 46, 47). Ezek a ma még ellentmondásos adatok a fertőzés körfejlődésének jobb megértése érdekében további vizsgálatok elvégzését indokolják.

A dokumentált esetek alapján az EBLV-1 jóval elterjedtebb az EBLV-2-vírusnál. Feltételezhetően az EBLV-1 csoportjainak térhódítása kétirányú; az EBLV-1b Észak-Afrika irányából Dél-Spanyolországban keresztül terjedt el Európa más, nyugati fekvésű országaiban, míg az EBLV-1a esetében nyugat-keleti irányú elterjedés figyelhető meg (4, 14, 16). Franciaországban és Hollandiában mindkét csoport reprezentatív törzseit megtalálták. A genetikai diverzifikálódás mögötti szelekciós hatásokat még meg kell érteni, mindazonáltal a vírust az esetek nagy részében közönséges késeidenevérből mutatták ki, ami azt sejteti, hogy az EBLV-1 különböző genetikai változatai egyaránt jól adaptálódtak ehhez a gazdafajhoz. A közönséges késeidenevér nem vándorol, ezért az EBLV-1 földrajzi elterjedését feltehetően a közönséges késeidenevérral együtt élő egyéb, a vírusra fogékony denevérfajok segítik elő. Példának okáért a durvavorlájú törpedenevérről (*Pipistrellus nathusii*) feltételezhető, hogy szerepet játszik az EBLV-1 terjesztésben, mert nagy területeken vándorló és igen elterjedt denevérfaj Európában, azonban ezt a lehetőséget a továbbiakban meggyőző adatokkal szükséges alátámasztani (14). A többi európai denevérvészesség vírusfajról készített eset-

*Az EBLV-1 különböző genetikai változatai egyaránt jól adaptálódtak a közönséges késeidenevérekhez*

*A lakott területre tévedt, sérült, kábult denevéreket védett állatok mentésére jogosult mentőhelyek és egyes állatkertek fogadják megfigyelés és további vizsgálatok elvégzése céljából*

*Az elpusztult denevéreket a NÉBIH-ÁDI Virologia laboratóriumába kell eljuttatni*

*Denevérral közvetlen kapcsolatba került háziállatot célszerű elkülöníteni és megfigyelni*

*Jelenlegi ismereteink szerint az EBLV-fertőzés háziállatokra és emberre is átvihető*

leírások ritkasága miatt nem lehet következtetni sem a földrajzi elterjedtségük nagyságára, sem a lehetséges terjedés irányaira; hazánkban az eddigi vizsgálatok nem igazolták sem az EBLV-2, sem a BBLV vagy az LLEBV vírusok jelenlétét.

Az EBLV-1- és EBLV-2-vírusok más emlősfajokat, többek között az embert is megbetegíthetik. Bár arra vonatkozóan nincsenek pontos adatok, hogy a denevérveszetséggel összefüggő halálozási arány vajon a szilvatikus formával összevethető-e, a vírus zoonotikus lehetősége és a dokumentált halálesetek diktálta óvatosság miatt a hazai állatorvosi gyakorlat ma az, hogy a lakott területre (pl. lakásba) tévedt, sérült, kábult denevéreket védett állatok mentésére jogosult mentőhelyek és egyes állatkertek fogadják megfigyelés és további vizsgálatok elvégzése céljából. Az elpusztult denevéreket a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal Állategészségügyi Diagnosztikai Igazgatóságának (NÉBIH-ÁDI) Virologia laboratóriumába kell eljuttatni, ahol elvégzik a diagnosztikai vizsgálatokat. Ennek során az elsődleges feladat a veszetség kizárása.

Mindazon személyek, akik rendszeresen érintkeznek denevérekkel (pl. szakbiológusok, állatorvosok, denevérvédelmi szakemberek) megelőző oltásban kell, hogy részesüljenek. Vizsgálatok azt mutatják, hogy a RABV ellen adható humán diploid sejteken előállított vakcina (HDCV) védelmet nyújt az EBLV-1 és EBLV-2 ellen is (9, 16, 30). Az Egészségügyi Világszervezet ajánlása szerint a profilaktikus oltóanyag izomba vagy bőrbe adható. A pre-expozíció során a vakcinát három adagban a 0., és 7. napon, valamint a 21. és 28. nap között, az ismétlést pedig egy év múlva kell beadni. Pre-expozíciós profilaxisban nem részesült személyt, denevértől elszenvedett harapást vagy karmolást követően, továbbá ha az érintett egyén sérült bőrfelülete, szeme vagy nyálkahártyája denevér nyálával vagy agy-gerincvelői folyadékával érintkezett, posztexpozíciós védőoltásban kell részesíteni. Posztexpozíciós védőoltás során az izomba történő oltásnak két módja is elfogadott: az Essen-séma öt, a Zágráb-séma négy adag beadását írja elő (Essen: 0., 3., 7., 14. és 28. napokon egy-egy adag; Zágráb: 0. napon két, továbbá 7. és 28 napokon egy-egy adag) (37). Amennyiben az érintett személyt nem részesítették pre-expozíciós profilaxisban, humán immunglobulint kell kapnia, lehetőleg a védőoltás-sorozat megkezdésekor. Azokban az országokban, ahol emberi veszetség elleni immunglobulin-készítmény nem elérhető, lóban termelt rabies-specifikus immunglobulint használnak (22).

Amennyiben háziállatok kerülnek közvetlen kapcsolatba denevérek élő vagy elhullott példányaival, az állattartónak tanácsos megfigyelés céljából elkülöníteni a kitett egyedeket és ésszerűnek tűnik a profilaktikus védőoltás beadása is.

Összefoglalva, a denevérveszetség hazai előfordulásáról nyert ismereteinket passzív surveillance-ből származó vizsgálatokból szereztük. Az elmúlt 40 év alatt izolált hét denevérveszetség vírus molekuláris vizsgálata minden esetben az EBLV-1 faj, azon belül is az EBLV-1a klaszter előfordulását igazolta. Jelenleg hazánkban kevés a denevérek mentésével foglalkozó szervezet, így nincsen megfelelő gyűjtési pont és diagnosztikai háttér a fővárostól távolabbi országrészekben; ugyanakkor egy szervezett, egész országra kiterjedő aktív, felmérő jellegű vizsgálatosorozat hiánypótló lenne. Ehhez a szűréseket minél több hazai denevérfajra érdemes lenne kiterjeszteni. A begyűjtött állatok nyál-, vér- és ürülék-mintáiból végzett molekuláris vizsgálatok jelenthetnek hatékony megközelítést a különböző denevérveszetség-vírusfajok hazai előfordulásának felmérésére, amit szerológiai vizsgálatok elvégzésével lehetne kiegészíteni a rezervoárfajok meghatározása érdekében. Jelenlegi ismereteink szerint az EBLV-fertőzés háziállatokra és emberre is átvihető. Így, a szilvatikus veszetségtől való mentesülés után sem szabad megfeledkezni arról, hogy idegrendszeri tüneteket mutató házi- és vadállatok virológiai differenciáldiagnosztikájában a veszetségvírusok (EBLV-1, EBLV-2, BBLV, LLEBV) irányába továbbra is szükséges lehet majd vizsgálatokat végezni.



## IRODALOM

1. AFONSO, C. L. – AMARASINGHE, G. K. et al.: Taxonomy of the order Mononegavirales: update 2016. *Arch. Virol.*, 2016. 161. 2351–2360.
2. ANONYMOUS: Bat rabies in the Union of Soviet Socialist Republics. *Rabies Bulletin Europe*, 1986. 10. 12–14.
3. AMENGUAL, B. – BOURHY, H. et al.: Temporal dynamics of European bat Lyssavirus type 1 and survival of *Myotis myotis* bats in natural colonies. *Plos One*, 2007. 2. 566.
4. AMENGUAL, B. – WHITBY, J. E. et al.: Evolution of European bat lyssaviruses. *J. Gen. Virol.*, 1997. 78. 2319–2328.
5. BADRANE, H. – TORDO, N.: Host switching in lyssavirus history from the chiroptera to the carnivora orders. *J. Virol.*, 2001. 75. 8096–8104.
6. BANYARD, A. C. – EVANS, J. S. et al.: Lyssaviruses and bats: emergence and zoonotic threat. *Viruses*, 2014. 6. 2974–2990.
7. BOHR, L. – CHRISTENSEN, L. S. – CHRISTIANSEN, A. H.: Potential rabies exposure after a bat bite, Denmark, June 2006. *Eurosurveillance.*, 2006. 11. 44.
8. BOURHY, H. – KISSI, B. et al.: Ecology and evolution of rabies virus in Europe. *J. Gen. Virol.*, 1999. 80. 2545–2557.
9. BROOKES, S. – M. PARSONS, G. et al.: Rabies human diploid cell vaccine elicits cross-neutralising and cross-protecting immune responses against European and Australian bat lyssaviruses. *Vaccine*, 2005. 23. 4101–4109.
10. CEBALLOS, N. A. – MORÓN, V. Z. et al.: Novel lyssavirus in bat, Spain. *Emerg. Infect. Dis.*, 2013. 19. 793–795.
11. CLIQUET, F. – PICARD-MEYER, E.: Experimental infection of Foxes with European bat Lyssaviruses type-1 and 2. *BMC Vet. Res.*, 2009. 5. 19.
12. DACHEUX, L. – LARROUS, F. et al.: European Bat Lyssavirus Transmission among Cats, Europe. *Emerg. Infect. Dis.*, 2009. 15. 280–284.
13. DAVIS, P. L. – BOURHY, H. et al.: The evolutionary history and dynamics of bat rabies virus. *Infect. Genet. Evol.*, 2006. 6. 464–473.
14. DAVIS, P. L. – HOLMES, L. C. et al.: Phylogeography, Population Dynamics, and Molecular Evolution of European Bat Lyssaviruses. *J. Virol.*, 2005. 79. 10487–10497.
15. ECHEVARRIA, J. E. – AVELLON, A. et al.: Screening of Active Lyssavirus Infection in Wild Bat Populations by Viral RNA Detection on Oropharyngeal Swabs. *J. Clin. Microbiol.*, 2001. 39. 678–683.
16. EGGERBAUER, E. – TROUPIN, C. et al.: The Recently Discovered Bokeloh Bat Lyssavirus: Insights Into Its Genetic Heterogeneity and Spatial Distribution in Europe and the Population Genetics of Its Primary Host. *Adv. Virus Res.*, 2017. 99. 199–232.
17. FOOKS, A. R. – BROOKES, S. M. et al.: European bat lyssaviruses: an emerging zoonosis. *Epidemiol. Infect.*, 2003. 131. 1029–1039.
18. FOOKS, A. R. – JOHNSON, N. et al.: Emerging technologies for the detection of rabies virus: challenges and hopes in the 21st century. *PLoS Negl. Trop. Dis.*, 2009. 3. 530.
19. FOOKS, A. R. – McELHINNEY, L. et al.: Case report: isolation of a European bat lyssavirus type 2a from a fatal human case of rabies encephalitis. *J. Med. Virol.*, 2003. 71. 281–289.
20. FREULING, C. M. – BEER, M. et al.: Novel lyssavirus in Natterer's bat, Germany. *Emerg. Infect. Dis.*, 2011. 17. 1519–1522.
21. GIBBONS, R. G.: Cryptogenic rabies, bats, and the question of aerosol transmission. *Ann. Emerg. Med.*, 2002. 39. 528–536.
22. Guide for post-exposure prophylaxis. WHO 2017 <http://www.who.int/rabies/human/postexp/en/>
23. GUNAWARDENA, P. S. – MARSTON, D. A. et al.: Lyssavirus in Indian flying foxes, Sri Lanka. *Emerg. Infect. Dis.*, 2016. 22. 793–795.
24. HARRIS, S. L. – AEGERTER, J. N. et al.: Targeted surveillance for European bat lyssa-viruses in English bats (2003–06). *J. Wildl. Dis.*, 2009. 45. 1030–1041.
25. KEARSE, M. – MOIR, R. et al.: Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 2012. 28. 1647–1649.
26. KRUTSAY, M.: Szövettani technika, *Medicina kiadó*, Budapest, 1980.
27. KUZMIN, I. – BOTVINKIN, A.: The behaviour of bats *Pipistrellus pipistrellus* after experimental inoculation with rabies and rabies-like viruses and some aspects of pathogenesis. *Myotis*. 1996. 34. 93–99.
28. LOLLAR, A – FRENCH, B.: Captive Care and Medical Reference for the Rehabilitation of Insectivorous Bats. *Bat Conservation Intl*. 1998.
29. LUMIO, J. – HILLBOM, M. et al.: Human rabies of bat origin in Europe. *Lancet*, 1986. 327. 378.
30. MALERCZYK, C. – FREULING, C. et al.: Cross-neutralization of antibodies induced by vaccination with Purified Chick Embryo Cell Vaccine (PCECV) against different Lyssavirus species. *Hum. Vaccin. Immunother.*, 2014. 10. 2799–2804.
31. MOLNÁR V. – PÁLFI V. – BEREGI A. – MOLNÁR Z.: Denevérvészetségi hazai kimutatása. *Magy. Állatorvosok Lapja*, 2008. 130. 629–634.
32. MÜLLER, T. – COX, J. et al.: Spill-over of European Bat Lyssavirus Type 1 into a Stone Marten (*Martes foina*) in Germany. *J. Vet. Med.*, 2004. 51. 49–47.
33. PICARD-MEYER, E. – BRUYÈRE, V. et al.: Development of a hemi-nested RT-PCR method for the specific determination of European Bat Lyssavirus 1 Comparison with other rabies diagnostic methods. *Vaccine*, 2004. 22. 1921–1929.
34. PICARD-MEYER, E. – DUBOURG-SAVAGE, M. J. et al.: Active surveillance of bat rabies in France: A 5-year study (2004–2009). *Vet. Microbiol.*, 2011. 151. 390–395.
35. PICARD-MEYER, E. – SERVAT, A. et al.: Isolation of Bokeloh bat lyssavirus in *Myotis nattereri* in France. *Arch. Virol.*, 2013. 158. 2333–2040.
36. RACEY, P. A. – HUTSON, A. M. – LINA, P. H.: Bat rabies, public health and European bat conservation. *Zoonoses Public Health*, 2013. 60. 58–68.
37. REN, J. – YAO, L. et al.: Zagreb regimen, an abbreviated intramuscular schedule for rabies vaccination. *Clin. Vaccine Immunol.*, 2015. 22. 1–5.
38. SCHATZ, J. – OHLENDORF, B. et al.: Twenty years of active bat rabies surveillance in Germany: a detailed analysis and future perspectives. *Epidemiol. Infect.*, 2014. 142. 1155–1166.
39. SINGH, R. – SINGH, K.P. et al.: Rabies epidemiology, pathogenesis, public health concerns and advances in diagnosis and control: a comprehensive review. *Vet. Q.*, 2017. 37. 212–251.

40. SMITH, G.C. – BROOKES, S.M. et al.: EBLV-2 prevalence in the United Kingdom as determined by surveillance testing. *Dev. Biol. (Base)*, 2006. 125. 265–271.
41. STANTIC, P.M.: Public health concerns in bat rabies across Europe *Eurosurveill.*, 2005. 10. 217–20.
42. STREICKER, D. G. – TURMELLE, A. S. et al.: Host phylogeny constrains cross-species emergence and establishment of rabies virus in bats. *Science*, 2010. 329. 676–679.
43. TAKUMI, K. – LINA, P. H. C. et al.: Public health risk analysis of European bat lyssavirus infection in The Netherlands. *Epidemiol. Infect.*, 2009. 137. 803–809.
44. TAMURA, K. – STECHER, G. et al.: MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.*, 2013. 30. 2725–2729.
45. TJORNEHOJ, K. – FOOKS, R. et al.: Natural and Experimental Infection of Sheep with European Bat Lyssavirus Type-1 of Danish Bat Origin. *J. Comp. Pathol.*, 2006. 134. 190–201.
46. VAZQUEZ, S. – IBANEZ, C. et al.: EBLV1 circulation in natural bat colonies of *Eptesicus serotinus*: a six year survey. *First International Conference on Rabies in Europe*, 2006. 125. 257–261.
47. VÁZQUEZ-MORÓN, S. – JUSTE, J. et al.: Asymptomatic rhabdovirus infection in meridional serotine bats (*Eptesicus isabellinus*) from Spain. *Dev. Biol. (Base)*, 2008. 131. 311–316.
48. VOS, A. – MÜLLER, T. et al.: Susceptibility of Ferrets (*Mustela putorius furo*) to Experimentally Induced Rabies with European Bat Lyssaviruses (EBLV). *J. Vet. Med.*, 2004. 51. 55–60.
49. VOS, A. – KAIPF, I. et al.: European bat lyssaviruses –an ecological enigma. *Acta. Chiropt.*, 2007. 9. 283–296.
50. WAKELEY, P. R. – JOHNSON, N. et al.: Development of a real-time, TaqMan reverse transcription-PCR assay for detection and differentiation of Lyssavirus genotypes 1, 5, and 6. *J. Clin. Microbiol.*, 2005. 43. 2786–2792.

Közlésre érck.: 2018. márc. 14.



## V.ORSZÁGOS ÁLLATORVOS-AGRÁR SPORTNAP ÉS CSALÁDI HÉTVEGE

Tata, 2018. szeptember 22.



Asztalitenisz



Fogathajtás



Futás



Kispályás Labdarúgás



Sárkányhajó



Streetball



Tenisz



Strandröplabda

**SPORTNAP MENETRENDEJE**

07:30-TÓL REGISZTRÁCIÓ  
09:00 ÜNNEPÉLYES MEGNYITÓ  
10:00 - 18:00 VERSENYEK  
12:00 - 14:00 EBÉD  
17:00 ÍJÁSZ BEMUTATÓ  
19:00 ÜNNEPÉLYES EREDMÉNYHIRDETÉS, DÍJKIOSZTÁS  
20:00 MEGLEPETÉS VENDÉG, ÁLLÓFOGADÁS, ÉLŐZENE, TÁNC

**CSALÁDI PROGRAMOK: SÉTAHAJÓZÁS, VÁROSNEZÉS „DOTTÓ KISVONATTAL”, NÉPI JÁTÉKOK, USZODA, MÁSZÓFAL, KALANDPARK STB.**

———— *Fővédnök* ————  
**Dr. Sótornyai Péter**  
 REKTOR-ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM

———— *Védnökök* ————  
**Dr. Bognár Lajos**  
 országos főállatorvos  
**Dr. Gönczi Gábor**  
 elnök, Magyar Állatorvosi Kamara  
**Dr. Magyar Zoltán**  
 a Nemzet Sportolója,  
 kétszeres olimpiai bajnok tornász, állatorvos  
**Gyórfly Balázs**  
 országos elnök, Nemzeti Agrárgazdasági Kamara  
**Czene Attila**  
 olimpiai bajnok úszó, Magyar Szabadidősport Szövetség elnöke  
**Michl József**  
 Tata város polgármestere

———— *A rendezvény Nagykövete* ————  
**Dr. Hargitay András**  
 világ- és Európa-bajnok úszó, állatorvos

Immmár **5.** alkalommal várom az agrárium minden területéről a sportolni, igényesen kikapcsolódni, szórakozni vágyó szakembereket, családjaikat.

Idén is igyeksem minden korosztálynak érdekes, látványos programokat kínálni.

Kitűnő helyszínül szolgál erre az eseményre **Tata**, a vizek és virágok városa, a gyönyörű **Olimpiai Edzőtáborral**, Öreg-tóval, Angolparkkal.

Dr. Bándy Pál

———— Főtámogató ————



**tolnagro**  
CSOPORT

———— Kiemelt támogatók ————




———— Támogatók ————







———— Médiapartner: ————  

 MEGŐSZEMLÉZÉS  
 MEŐSZEMLÉZÉS KFT.



[www.OAAS.hu](http://www.OAAS.hu)

TALÁLKOZZUNK TATÁN, AZ OLIMPIAI EDZŐTÁBORBAN  
2018. Szeptember 22-én!

Regisztráció, további információ:  
Tel.: +36 20 941 2342, E-mail: [info@oaas.hu](mailto:info@oaas.hu)  
[www.OAAS.hu](http://www.OAAS.hu)