

## Parazitológia

A parazitológiai szekcióban 15 előadást jelentettek be, ami több mint másfélszerese volt a korábbi évek átlagának. A szekció elnöke FARKAS RÓBERT volt.

VARGA BÁLINT, GHIDÁN ÁGOSTON és FOK ÉVA „Állat- és közegészségügyi jelentőségű parazitákkal kapcsolatos ismeretek tanulmányozása orvos- és állatorvostan-hallgatók, valamint a praxisban dolgozó állatorvosok körében” c. előadásukban orvostan- és állatorvostan-hallgatók, valamint az állatorvosok körében végzett, a parazitológiai ismeretek felmérését célzó kérdőíves felmérésük eredményeiről számoltak be. Vizsgálataikat 2015. márciustól júniusig végezték, ennek keretében 430 orvostan-, ill. 78 állatorvostan-hallgató, valamint 144 állatorvos vett részt egy több kérdésből álló teszt kitöltésében. A közös kérdések révén lehetőségük volt összehasonlítani a hallgatók, valamint az állatorvosok ismereteit a jelentősebb, zoonózist okozó parazitákkal kapcsolatban. Tizenegy esetben (44%) az állatorvostan-hallgatók, tíz esetben (40%) az állatorvosok, négy esetben (16%) az orvostanhallgatók érték el a legjobb eredményt a helyes válaszokra vonatkoztatva. Az állategészségügyileg jelentős parazitákat érintő témában a hallgatók a kérdések többségénél (61%) értek el magasabb százalékos értéket a jó válasznál, mint az állatorvosok (39%). Az orvostanhallgatók körében olyan kérdések is szerepeltek a kérdőívben, amelyek nem részei a tananyagnak, de az adott paraziták növekvő jelentősége miatt szükségesnek érezték a hallgatók általános tájékozottságának a felmérését is. Összességében elmondható, hogy az állatorvostan-hallgatók tudása frissebb volt a végzett állatorvosokéhoz képest, míg az orvostanhallgatók – akik a mikrobiológia tantárgy keretében, igen alacsony óraszámokban tanulják a parazitológiát – a kérdések zömében kisebb arányban tudták megjelölni a helyes választ.

JUHÁSZ ALEXANDRA „A magyarországi *Schistosoma*-fertőzöttség elterjedtségének vizsgálati lehetőségei” c. előadásában Európa egyetlen őshonos, emlős vérméltelye, a *Schistosoma turkestanicum* hazai előfordulásának vizsgálatáról számolt be. A szarvasok zsigeri szervei közül az erek kimosásával májakat vizsgált. A szövetekben vándorló petéket a szerv szuszpenziójában mutatta ki, és kidolgozott egy módszert azok észrevehetőségének növelésére. A bélsárba jutó petéket az etetőhelyeken összeszedett hullatékokban mutatta ki. A köztigazda csigák élőhelyeit főleg a héjak

alapján azonosította, mivel élő példányokat az utóbbi években alig lehetett találni. A vízben úszó mótelylárvákat attraktánsokat kibocsátó csapdák alkalmazásával igyekezett megtalálni. Noha egyedenként csak egy-egy kis májdarab vizsgálatát lehetett elvégezni, a fertőzöttségi prevalenciát a szarvasokban a gemenci ártéren közel százszázalékosnak találta. Ezzel szemben a hullatékban ritkán voltak megtalálhatók a peték. Fertőzött csigát és cercáriát nem talált, ami részben annak tudható be, hogy a nyári szárazság miatt az élőhelyek tavai kiszáradtak.

KUCSERA ISTVÁN, DANKA JÓZSEF, MEZEI ESZTER ÉS OROSZ ERIKA „Magyarországon diagnosztizált taeniosis esetek a 2000–2014-es időszakban” c. előadásukban a *Taenia saginata* és *Taenia solium* hazai előfordulási gyakoriságáról számoltak be. Az Országos Epidemiológiai Központban (OEK) 12 712 személytől származó székletmintát vagy ürített féreggyanús képletet, ill. a Megyei és Regionális Parazitológiai laboratóriumokkal együtt 328 572 személy mintáját vizsgálták a 2000–2014-es időszakban. A székletmintákat natívan, flotációs (33% ZnSO<sub>4</sub>) és Telemann-féle szedimentációs dúsítással szemrevételezték. Az ürített féreggyanús képleteket makroszkóposan és mikroszkóposan vizsgálták. A *T. solium* cysticercosis szerológiai vizsgálata RIDASCREEN *Taenia solium* IgG EIA (R-Biopharm) vagy NovaLisa *Taenia solium* IgG EIA (NovaTec) és/vagy CYSTICERCOSIS WB IgG (LDBIO Diagnostics) tesztekkel történt. Az OEK Parazitológiai osztályán 12 712 személy mintájának mikroszkópos vizsgálata során *T. saginata*t 16 (0,126%) esetben, *Taenia*-fajt 6 (0,047%) esetben (összesen 22/0,173%) mutattak ki. Összevonva az OEK, valamint a Megyei- és Regionális laboratóriumok eredményeit, 328 572 személy vizsgálatát követően *T. saginata*t 20 (0,006%) és *Taenia*-fajt 19 (0,006%) (összesen 39/0,012%) esetben diagnosztizáltak. *T. solium* egyetlen mintában sem fordult elő. Cysticercosis gyanúja miatt 346 személytől származó 383 savóból és 70 liquorból 519 ellenanyag-kimutatást végeztek el az OEK-ben. 281 személytől csak savót, 5 személytől csak liquort, 60 személytől mindkét mintát kaptak. 32 személynél legalább egy alkalommal pozitív vagy kétes eredmény született (többnyire az EIA-ben). Közülük 17 személynél történt megerősítő WB-vizsgálat, amely csak 1 esetben mutatott kétes mintázatot. Ezért a tévesen pozitív EIA-eredmények nem zárhatók ki. A járványügyi adatbázisból kigyűjtött adatok alapján ebben az időszakban 44 bejelentett taeniosis eset volt, 41 magyar és 3 külföldi személynél, közülük 29 férfi és 15 nő. A bejelentett esetek közül 6 behurcoltként, a többi hazaiaként szerepel a nyilvántartásban. A szerzők szerint Magyarországon a humán taeniosis valószínűleg aluldiagnosztizált és aluljelentett fertőzés. Ennek el-

lenére az enterális taeniosis manapság meglehetősen ritkán fordul elő, a *T. solium* cysticercosis pedig ka-  
zuisztikának számít.

KÁLMÁN CSENGE és FARKAS RÓBERT „Kis és nagy strongylidák okozta fertőzöttség vizsgálata hazai méneselekben” c. előadásukban felmérővizsgálatokról számoltak be. 2015 tavaszán 5 méneselekben összesen 440 lótol egy alkalommal bélsármintákat gyűjtöttek, s ezzel egyidejűleg feljegyezték a tartással és féregtelenítéssel kapcsolatos adatokat. A laboratóriumi vizsgálatok során először McMaster-módszerrel megállapították a strongylida típusú peték grammonkénti számát. A lárvaenyésztést és a lárva izolálását követően mintaként elvégezték a harmadik stádiumú lárva morfológiai vizsgálatát. A vizsgált fonálféreggel a lovak többsége (313/440; 71,1%) fertőzöttnek bizonyult. A parasitosis állományonkénti prevalenciája 38,7–89,6% között változott. A strongylida típusú peték legkisebb grammonkénti száma 50, a legnagyobb 1950 volt. A lovak többségében (313; 71,1%) kis strongylidák okozták a fertőzöttséget, ezek minden fertőzött lóban jelen voltak. Tudomásuk szerint évtizedek óta először került megállapításra, hogy a nagy strongylidák közé tartozó három *Strongylus*-faj továbbra is jelen van a hazai lovakban. Ezek lárvaikat a 440 ló közül 108-ban (24,5%) megtalálták. Leggyakoribb a *Strongylus equinus*, amellyel a lovak egyötöde (98; 22,3%) volt fertőzött. A legnagyobb kórtani jelentőségű *S. vulgaris* 20, míg a *S. edentatus* 7 állat fertőzését okozta. Mindhárom faj egyidejű jelenlétét 3 méneselekben lehetett megtalálni. A kis és nagy strongylidák előfordulása és a lovak kora között nem lehetett összefüggést megállapítani. Az eredmények alapján kijelenthető, hogy a féregellenes kezelések ellenére a vizsgált méneselekben a lovak többsége fertőzött, ami megkérdőjelezi a féregtelenítések hatékonyságát. Továbbá megállapítható az is, hogy a parazitológiai vizsgálatokra alapozva csak a lovak egy részét kellene kezelni, ily módon is csökkenteni annak kockázatát, hogy a fonálféregfajok populációiban rezisztencia alakuljon ki az alkalmazott féregellenes hatóanyagokkal szemben.

MAJOROS GÁBOR „A sertés májak tejfoltosságának vizsgálata” c. előadásában vágóhidakon gyűjtött ún. „tejfoltos” májak vizsgálatáról számolt be. Három év alatt, vágóhidakról származó 204 sertés máj darabot vagy teljes májat vizsgált meg vándorló lárva jelenlétére. A szervek emésztéses, szuszpendálós, kompressziós és szövettani vizsgálatát végezte el. A lárvaikat az elváltozott területeken és az ép májszövetben is kereste. A megvizsgált szervekben egyetlen lárva sem tudott kimutatni annak ellenére, hogy szabad szemmel mindegyik megvizsgált májon jellegzetes elválto-

zások voltak láthatók. A „tejfoltos” májakat gyakorlott húsvizsgálók válogatták ki a legtipikusabb és legsűrűbben előforduló elváltozások alapján. Sem az elváltozott részekben, sem az elváltozásokat nem mutató májparenchymában nem találtak paraziták nyomát, noha a májlebenyek közötti, megszáradt szövetek szövettani szerkezete eosinophil granulocyták bőséges előfordulásáról tanúskodott. Mivel hasonló féreglárvákat más állatok szerveiből sikeresen tudott kimutatni az általa alkalmazott eljárásokkal, továbbá a megvizsgált minták is megfelelőek voltak, feltételezhető, hogy nem módszertani hiba okozta a lárvák megtalálásának hiányát. Elképzelhető annak lehetősége, hogy a tejfoltok megjelenésének idején már egyetlen lárvá se tartózkodjon a májban, de ez valószínűtlen a feltehetően folyamatos invázió és a tejfoltok nagy száma miatt. A legvalószínűbbnek az tűnik, hogy ezt az immunreakcióként létrejövő folyamatot mégsem kizárólag csak az orsóféreglárvák okozhatják, ezért a „tejfoltosság” tényleges oka nem mindig írható az orsóféreg rovására. Szélesebb körű és alaposabb vizsgálat lenne szükséges az ascariosis tényleges károkozásának megállapítására és az ellene való védekezés hatékonyságának fokozására.

ÁCS ZOLTÁN és SUGÁR LÁSZLÓ „Magyarországi szarvasfélékben élő nagy tüdőféreg (Dictyocaulus spp.) populációgenetikai elemzése” c. előadásukban a természetes környezetben levő szarvasféle gazdaállatokban élősködő *Dictyocaulus* tüdőféreg genetikai struktúrájának vizsgálatáról számoltak be. Kifejlett tüdőféregket gyűjtöttek be a vadászatokon elejtett gím (*Cervus elaphus*), ill. dámszarvasok (*Dama dama*) és őzek (*Capreolus capreolus*) légcsövéből és hörgőiből. A minták Magyarország 23 helyéről származtak, és egy gyűjtőhelyről a Keleti-Kárpátokból. Teljes genomi DNS-t vontak ki egyenként a féregpéldányokból. PCR-es felszaporítást, majd szekvenálást végeztek a mitokondriális citokróm c oxidáz 1 alegység (*cox1*) 5' végi „barcode” régiójára (657 bp). A filogenetikai elemzés 3 erősen alátámasztott kládba sorolta a magyarországi tüdőféregmintákat (99% bootstrap támogatás). A DNS-szekvenciadivergenciák kládon belüli (< 2%) és kládok közötti (> 13%) értékeiből következtetve a 3 klád különböző tüdőféregfajoknak felel meg. Az analízis során egy leíratlan faj is előkerült (*Dictyocaulus* sp. n.). A 3 fajból vizsgált 106 magyarországi tüdőféregpéldányban összesen 70 haplotípust azonosítottunk. A *Dictyocaulus capreolus* kisebb genetikai diverzitást mutatott ( $\pi = 0,0086$ ), mint a *Dictyocaulus eckerti* ( $\pi = 0,0184$ ). A vizsgált *D. eckerti* térben elkülönített állományai genetikailag változatosak ( $\pi = 0,0099-0,0239$ ), de a haplotípus-eloszlás látszólag nem mutat populációs különbségeket. A vizsgált *Dictyocaulus*-fajok

két különböző populációgenetikai osztályt mutattak. (1) A *D. eckerti* populációgenetikai elemzése nagyfokú génáramlást mutatott a gyengén strukturált térbeli populációk között, és a tanulmányozott 3 szimpatrikus gazdafaj szerint is. Főbb gazdái (gímszarvas, dámsvad) nagy vándorlási hajlammal rendelkeznek. A magas migrációs érték erős genetikai kapcsolódást jelez a *D. eckerti* állományok között. Az eredmények alapján a *D. eckerti* a vadon élő kérődzők diverz genetikai hátterű, generalista élősködője. (2) A *D. capreolus* közepes populációgenetikai struktúrát, alacsonyabb diszperziós képességet jelez. Gazdaállata az őz, kevésbé vándorló, ill. territoriális fajnak tekinthető, ami magyarázhatja az erősebb genetikai elkülönültséget mintázatban. A *D. capreolus* rejtett genetikai struktúrája távolságfüggő, ami az őz diszperziós életmódjának a következménye.

BACSAI ÁRPÁD, PAPP ATTILA, SZEREDI LEVENTE, TÓTH GERGELY, NEMES CSABA, IMRE VIKTÓRIA, TOLNAI ZOLTÁN, SZÉLL ZOLTÁN és SRÉTER TAMÁS „Paraziták terjedése a változó európai környezetben: a szívféreg példája hazánkból” c. előadásukban retrospektív és periódus prevalencia vizsgálatokról számoltak be, melynek célja a *Dirofilaria immitis* földrajzi elterjedtségének és a terjedés időbeli lefolyásának vizsgálata volt hazánkban. A NÉBIH központi és regionális laboratóriumaiba 2001 és 2015 között beküldött 2622 kutyahulla kórbonctani jegyzőkönyveit dolgozták fel szívférgesség szempontjából. A hazai becsült vörös róka (*Vulpes vulpes*) populáció több mint 1%-ára ( $n = 936$ ) kiterjedő felmérés vizsgálatot végeztek minden megyében a *D. immitis* fertőzöttség felderítése céljából 2013 és 2014 között. A laboratóriumaikba 2007 és 2014 között beküldött összes aranyakál (*Canis aureus*) hullát is megvizsgálták szívféregfertőzöttségre. Az állatok származási helyét térinformatikai adatbázisban rögzítették. Autochton szívférgességet mutattak ki 27 kutyában, 23 vörös rókában és 2 aranyakálban. A 18 súlyosan fertőzött kutyából 11 elhullását okozhatta a parazita. Az időbeli lefolyás vizsgálata alapján a *D. immitis* 2007-ben telepedhetett meg hazánkban. Ezt követően a parazita előfordulási gyakoriságának, ill. földrajzi elterjedtségének növekedése volt megfigyelhető napjainkig. Vizsgálataik alapján a hőmérséklet és a kutyafélék *D. immitis* fertőzöttsége közötti pozitív korreláció alátámasztja, hogy elsősorban a hőmérséklet befolyásolja a parazita hazai elterjedtségét. Emiatt a szívféreg megtelepedésére hazánkban az Alföld éghajlata a legalkalmasabb. Vizsgálataik alapján az Alföld napjainkra *D. immitis* endémiás régióvá vált, ahol a parazita előfordulási gyakorisága hasonló kutyákban (4,6%; 95% CI = 3,0-7,1%) és vörös rókákban (4,5%; 95% CI = 3,0-6,7%). Sporadikus esetek hazánk más régióiban is előfordulnak, de a kutyák klinikai szempontból jelentős fertőzöttségére elsősorban

az Alföldön kell számítani. A *D. immitis* hazai megtelepedésével kapcsolatos eredményink egybevágóak a közelmúltban kifejlesztett, éghajlat alapú előrejelzési modell prognózisával. A szívférgesség és az aranyasakál, mint rezervoár gazda, kelet-európai földrajzi elterjedtségének növekedését és annak időbeli lefolyását összevetve azonban úgy tűnik, hogy a globális felmelegedésen túl az aranyasakál természetvédelmi intézkedéseknek köszönhető növekvő terjedése és egyedszáma is szerepet játszhat a szívféreg térségbeli terjedésében. Fertőzöttségük alacsony intenzitása és a mikrofilariémia hiánya alapján a rókák nem a legalkalmasabb gazdái a parazitának, azonban vizsgálatuk alkalmas az új európai endémiás területek felderítésére, mert a *D. immitis* földrajzi elterjedtsége és előfordulási gyakorisága hasonló kutyákban és rókákban. Tekintettel arra, hogy a változó európai környezet számos parazita elterjedtégét befolyásolja, célszerű lenne a fentiekhez hasonló vizsgálatokat más parazitózisokra is kiterjeszteni.

EGYED ZSUSZANNA, SZÉLL ZOLTÁN, VARGA ISTVÁN és SRÉTER TAMÁS „Új parazitózis és parazitoozózis: az onchocercosis lupi leírása, jellemzése és az azóta történetek” c. előadásukban egy új, növekvő jelentőségű parazitózisról és parazitoozózisról, az onchocercosis lupiról számoltak be. Európában elsőként 2001-ben állapították meg a parazitózis előfordulását. Ezt követően összesen további hét esetben észleltek szem-onchocercosist hazai kutyákban, és megállapították a parazitózis előfordulását Portugáliában, továbbá igazolták görögországi jelenlétét is. Bizonyították, hogy a parazita morfológiája jelentősen eltér minden eddig ismert *Onchocerca*-fajétól, és mind a parazita, mind az abban élő *Wolbachia* endoszimbionták DNS-szekvenciái jelentősen eltérnek a nemzetség többi tagjának szekvenciáitól. Tekintettel a fentiekre és arra a tényre, hogy a kutyákban élősködő nőtény férgeknél minden esetben mikrofilária-ürítés volt megfigyelhető, a kutyák a parazita végleges gazdáinak tűntek. Akkori véleményük szerint a parazita az eredetileg egy kaukázusi farkas szemelváltozásából izolált és orosz nyelven leírt, de valid fajként senki által el nem fogadott *Onchocerca lupi* Rodonaja 1967 volt. Sokáig egyedül voltak véleményükkel. Jellemezték a parazita által okozott klinikai tüneteket, kórtani elváltozásokat, leírták a laboratóriumi kórjelzést, a betegség gyógykezelését és az irodalomban leírt eset alapján valószínűsítették zoonotikus jelentőségét. Az *O. lupi* súlyos heveny, ill. idült szemmegbetegedést okoz kutyákban. A kórjelzés a mikrofiláriák bőrbioptátumból való lárvazólalásos kimutatásával történhet, a betegség gyógykezelése a férgek sebészi eltávolításával lehetséges. Ezt követően a parazita előfordulását megállapították Svájcban,

Németországban, Romániában, Törökországban, Iránban, Tunéziában, Egyiptomban és az Egyesült Államok nyolc tagállamában. A publikált kutyaesetek száma ma már meghaladja a kétszázat. A parazitát három esetben leírták macskából és tizenkét esetben emberből is. A fertőzöttség mind kutyában, mind macskában és érdekes módon két emberben is mikrofilária-ürítéssel járt, azaz úgy tűnik, hogy a kutyán kívül a macska és az ember is végleges gazdája lehet a parazitának. A morfológiai és a genetikai vizsgálatok minden esetben igazolták, hogy a parazita azonos volt az általuk jellemzett parazitával. Mára a parazitológus körökben általánosan elfogadott, hogy a fertőzéseket az *O. lupi* okozza, és új, növekvő jelentőségű parazitózissal és parazitoozissal állunk szemben. Amerikai kutatók a közelmúltban azonosították a parazita vektorát, a *Simulium tribulatumot*. Ennek jelentősége óriási, ugyanis az ember *Onchocerca volvulus* okozta megbetegedése elleni gyógyszer- és vakcinafejlesztések legfőbb gátja, hogy nem rendelkezünk megfelelő laboratóriumi parazita-gazda modellel. SPF kutyák laboratóriumban fenntartott vektorok segítségével való fertőzése lehetővé teszi egy ilyen gazda-parazita modell létrehozását, amely új lökést adhat az ember onchocercosis elleni küzdelemnek. E betegség több mint egymillió ember gyógyíthatatlan vakságáért, ill. végleges látáskárosodásáért felelős világszerte.

SZÉLL ZOLTÁN, BODROGI BERTA és SRÉTER TAMÁS „Növekvő jelentőségű betegségek kevésbé ismert vektorai: a hazai törpeszúnyog felmérő vizsgálat tapasztalatai” c. előadásukban *Culicoides*-fajok hazai elterjedtségével és szezonálisával kapcsolatos felmérő vizsgálataikról számoltak be. A vizsgálatok időtartama alatt (2008–2012, 2014–2015) összesen 82 gyűjtési helyről származó 669 csapdatartalmat vizsgáltak, amelyekben a milliós nagyságrendű ízeltlábú tömegéből 85673 *Culicoides* egyedet azonosítottak fajkomplex vagy faj szinten. A vizsgálatok eredményei alapján a kényelv-betegség legjelentősebb dél-európai vektora, a *Culicoides imicola* hazánkban nem fordul elő. Magyarországon a *Culicoides pulicaris* complex, a kényelv-betegség vírus egyik vektorcsoportja van jelen a legnagyobb hányadban (63,5%), de egyes megyékben az összes csapdázott törpeszúnyog 90%-a ebből a fajkomplexből került ki. A kórokozó másik vektorcsoportja, a *Culicoides obsoletus* complex az összes törpeszúnyog 11,7%-át tette ki. A *Culicoides nubeculosus* complex az összes egyed 12,3%-a, míg a más *Culicoides*-fajok az összes egyed 12,5%-át tették ki. Az egyéb fajok közül a *Culicoides pictipennis*, a *Culicoides festivipennis*, a *Culicoides fascipennis*, a *Culicoides salinarius/circumscrip-tus* és a *Culicoides parroti* hazai előfordulását igazolták. A vizsgált időszak összesített adatai alapján hazánkban

a törpeszúnyogok aktivitása bimodális, bár egyes évek között jelentős különbségek voltak. Hazánkban az első törpeszúnyogok rendszerint áprilisban jelennek meg. Májusban az egyedszámuk jelentősen emelkedik, ekkor figyelhető meg az aktivitásuk első csúcsa. A nyári hónapokban a törpeszúnyogok aktivitása mérséklődik, majd augusztusban figyelhető meg egy újabb, de a májusinál kisebb aktivitási csúcs. Szeptembertől aktivitásuk jelentősen visszaesik, majd decemberben megszűnik, bár sporadikus előfordulásuk alkalmanként télen is megfigyelhető volt. Eredményeik alapján hazánkban a törpeszúnyogok – bár eltérő egyedszámokban és faji összetételben – szinte mindenütt előfordulnak az állattartó telepek közelében. Hazánk az Alpok földrajzi akadály szerepe miatt a Balkán kapujaként jelentős szerepet tölt be a kéknyelv-betegség és más vektorok terjesztette betegségek európai járványtanában, azaz a kórokozó délkeletről északra és nyugatra történő terjedésében. Mindezek ismeretében indokolt lenne a hazai *Culicoides* felmérővizsgálatok folytatása és az entomológiai felmérések kiterjesztése más vektorfajokra, ill. a mediterrán térségben előforduló más kórokozókra is.

HORNOK SÁNDOR, KOVÁTS DÁVID, FLAISZ BARBARA, CSÖRGŐ TIBOR, KÖNCZÖL ÁRPÁD, BALOGH GYÖRGY TIBOR, CSORBA ATTILA és HUNYADI ATTILA „A rovarevés járulékos előnye: az énekesmadarak által felvett ízeltlábú vedlési hormonok károsíthatják kullancsaikat” c. előadásukban az ekdiszteroidok kullancslárvák és nimfák apolysis okozó hatásának vizsgálatáról számoltak be. Három év alatt (2012–2014) kullancsokat gyűjtöttek gyűrés céljából befogott énekes madarakról. A kullancsok fajtáit morfológiai alapon meghatározták, és megvizsgálták az apolysis előfordulását. Véletlenszerűen kiválasztott kullancsfertőzött madarakból alvadásban gátolt vérmintát is gyűjtöttek, amelyek közül 18-at az ekdiszteroidok mérésére folyadékromatográfiával kapcsolt tandem tömegspektrometriás analízisnek (HPLC-MS/MS) vetették alá. Összesen 3330 kullancslárvát és -nimfát gyűjtöttek 1164 énekes madárról, amelyek 46 fajba tartoztak. A kullancsok jelentős része (20,5%) apolysist mutatott. Az apolysis jelenségét szezonális változás jellemezte: gyakorisági csúcsa júliusban volt. Ez szignifikáns összefüggést mutatott a lepkék egyedszám-változásának szakirodalmi adataival, aminek hátterében az állhat, hogy a hernyók a rovarevő madarak legvalószínűbb ekdiszteroid forrásai. A 18 kullancsfertőzött madár vérmintái közül nyolcban legalább egy, legfeljebb hét különféle ekdiszteroidot, ill. ekdiszteroid származékot tudtak kimutatni, gyakran igen magas koncentrációban (akár 8 µg/ml 20-hydroxyecdysone). Az ízeltlábú vedlési hormonok jelenléte (az apolysishez hasonlóan) a nyári időszakban volt a legjellemzőbb.

Eredményeik alapján a természetes úton felvett ízeltlábú vedlési hormonok nagy koncentrációt érnek el a rovarevő énekes madarak vérében. Ezek a (kullancsok szempontjából) exogén ekdiszteroidok valószínűleg kórosan hatnak a madárkullancsokra azáltal, hogy már a gazdán apolysist indukálhatnak, ami élettani körülmények között nem következik be. Mivel a vedlési hormonok az ízeltlábúak táplálkozásának felfüggesztését, nyálmirigysorvadását is okozhatják, feltételezik, hogy a rovarevő madarak vérében jelen lévő ekdiszteroidok le rövidíthetik a kullancsok vérszívási idejét, és így befolyásolhatják a kullancs közvetítette kórokozók átvitelét.

HORNOK SÁNDOR, AGUSTÍN ESTRADA-PEÑA, KONTSCHÁN JENŐ, OLIVIER PLANTARD, BERND KUNZ, ANDREI D. MIHALCA, ADORA THABAH, SNEŽANA TOMANOVIĆ, JELENA BURAZEROVIĆ, TAKÁCS NÓRA, GÖRFÖL TAMÁS, ESTÓK PÉTER, VUONG TAN TU, SZÓKE KRISZTINA, ISABEL G. FERNÁNDEZ DE MERA, JOSÉ DE LA FUENTE, MAMORU TAKAHASHI, TAKEO YAMAUCHI és AI TAKANO „Az Eurázsia-szerte elterjedt három denevérkullancs-faj valószínűleg három fajkomplexet alkot” c. előadásukban az *Ixodes vespertilionis* és az *Ixodes simplex* kullancsfajok taxonómiájának vizsgálatáról és a denevérkullancsok taxonómiai revíziójának elindításáról számoltak be. A vizsgálathoz 21 kullancsot használtak, amelyeket hat európai és négy ázsiai országban gyűjtöttek. Ezekből DNS-t vontak ki, majd három mitokondriális gén (COI, 16S és 12S) egy-egy szakaszának összehasonlításához PCR-t és szekvenálást végeztek. A Spanyolországból és Európa más térségeiből származó *I. vespertilionis* példányok részleges COI-szekvenciája csak 94,6%-ban volt azonos, de ezek között nem volt morfológiai eltérés. E kullancsfaj Vietnámban gyűjtött példánya a COI-génszakasz alapján mindössze 84,1%-ban egyezett az európai mintákkal, és kisebb morfológiai különbséget is mutatott. Egy-egy kullancs Vietnámból és Japánból felépítésében az *Ixodes ariadnae* fajra emlékeztetett, amelyet eddig csak Európában gyűjtöttek. Két ázsiai *I. simplex* is jelentősen eltért genetikailag az ugyanebbe a fajba sorolt európai izolátumoktól. A három kullancsfaj filogenetikai viszonyai denevér gazdafaik filogenetikai viszonyait tükrözték. A három vizsgált kullancsfaj Eurázsia egymástól távoli részeiben gyűjtött, eddig azonos fajúnak tartott példányai a COI-génszakasz alapján 9–16%-ban térnek el, ami meghaladja a fajon belül jellemző legfeljebb 6%-os eltérést. Ezért az *I. vespertilionis*, az *I. ariadnae* és az *I. simplex* esetében is valószínűleg több (kriptikus) fajról, ill. összességében három fajkomplexről van szó, amit részletesebb morfológiai összehasonlításuk tehet egyértelművé.

SZÓKE KRISZTINA, SÁNDOR ATTILA, ESTÓK PÉTER, KOVÁTS DÁVID, BOLDOGH SÁNDOR, GÖRFÖL TAMÁS, BERND KUNZ, FÖLDVÁRI GÁBOR, BARTI LEVENTE, GIANLUCA D'AMICO, ALEXANDRA

CORDUNEANU és HORNOK SÁNDOR „Új adatok a denevérek külső élősködőinek előfordulásáról Közép- és Kelet-Európában” c. előadásukban a denevérek kullancsfanájának vizsgálatáról számoltak be. Magyarországon az elmúlt négy évben (2012–2015), Németországban és Romániában 2015-ben külső élősködőket gyűjtöttek denevérekről és azok környezetéből (főként barlangfalról). A kórokozó-kimutatáshoz történő DNS-kivonást megelőzően a denevérek ectoparazitáit területi és gazdasaj szerinti előfordulás szempontjából rendszerezték. Összesen 214 denevérről 314 kullancsot gyűjtöttek. A hazánkban világvizonylatban először megtalált és leírt új kullancsfaj, az *Ixodes ariadnae* előfordulását először igazolták Közép-Európa tőlünk északnyugatra fekvő térségében, Németországban. Ugyanakkor e kullancsfajt a széles körű romániai denevérekullancs-gyűjtés során egyetlen esetben sem sikerült megtalálni. Az *I. ariadnae* fajt hazánkban barna hosszúfülű-denevéren (*Plecotus auritus*) kívül szinte kizárólag a *Myotis* nem képviselőiről gyűjtötték. Ugyanakkor a *Myotis*-fajokon Erdélyben az *Ixodes vespertilionis* fordult elő. Az *I. vespertilionis* mindkét térségben előkerült tipikus gazdairól, a patkósdenevérekről (*Rhinolophus* spp.). A harmadik kullancsfaj, az *I. simplex* ritka kivételtől eltekintve hosszúszárnýú denevéren (*Miniopterus schreibersii*) fordult elő. Mindhárom kullancsfajnál több új gazdasaj állapítottak meg (amelyekről tudomásuk szerint eddig nem jelentették), így az *I. ariadnae* hat újabb *Myotis*-fajon, az *I. vespertilionis* két újabb *Myotis*-fajon, ill. az *Eptesicus*, *Rhinolophus* genusok egy-egy képviselőjén, továbbá az *I. simplex* nyugati piszedenevéren (*Barbastella barbastellus*) is előfordul. A denevérek környezetéből gyűjtött kullancsok, ill. az óvantagok, atkák, poloskák, bolhák adatfeldolgozását megkezdték. Eredményeik alapján a denevérekullancsok gazdaspektruma két, földrajzilag közeli térség (Magyarország–Erdély) között is jelentős eltéréseket mutathat, valószínűleg a denevérmozgással (vándorlással) összefüggő kapcsolat hiánya miatt, ami további kutatást igényel.

FÖLDVÁRI GÁBOR, SZEKERES SÁNDOR, MAJOROS GÁBOR, JUHÁSZ ALEXANDRA, MÁNDOKI MÍRA, HORNOK SÁNDOR, FOK ÉVA és HEIN SPRONG „*Rickettsia massiliae*-vel fertőzött *Rhipicephalus sanguineus* góc felbukkanása Közép-Magyarországon” c. előadásukban egy hazánkban nem honos kullancsfaj, de számos köz- és állat-egészségügyi jelentőségű kórokozó vektoraként ismert *Rhipicephalus sanguineus* hazai megjelenéséről számoltak be. Tavaly júliusban egy keverék kutyáról nagyszámú kullancs nimfa érkezett vizsgálatra. Augusztusban egy beagle került a Patológiai Tanszékre, amelyről szintén nagy mennyiségű azonos szívoottsági állapotú nimfát távolítottak el. Mindkét állat ugyanarról a Pest megyei ebrendészeti telepről származott, ugyanabból a ken-

nelből. Vedlést követően az adult példányok egyértelműen a *R. sanguineus* faj bélyegeit mutatták, és ezt molekuláris biológiai vizsgálatok is megerősítették. A helyszínen nagy mennyiségben találták meg a kullancsokat mindhárom stádiumban. A kennelt hipóval és Neostomosannal is lekezelték, ennek ellenére a kennel falán, padlóján, a rácsokon és repedésekben sok élő kullancsot is találtak. Az időközben itt elhelyezett három keverék kölyökkutyán is találtak kullancsokat. Mivel a telep anyagi lehetőségei korlátozottak voltak, a kullancsok elpusztítására a felületek lánggal történő perzselését ajánlották. A kennel perzselése után is meg lehetett még figyelni élő példányokat, majd a másodszori perzselés és azt követő Neostomosanos kezelés szeptemberben szüntette meg a kullancsok jelenlétét. A telep környékén és a legelőszőr kullancsosnak talált kutya befogási helyén zászlózással nem találtak *R. sanguineus*-t. A kennel területéről összesen több mint ezer *R. sanguineus* példány gyűjtöttek be. Ezek többsége adult volt, de nimfát és lárvát is gyűjtöttek. A helyszíni megfigyelések és a többszöri sikertelen kiirtás alapján több tízezresre becsülték a kennelben egy időben jelen lévő kullancspopuláció nagyságát. A behurcolt kullancs származási helyét nem sikerült azonosítani, de az előzetes molekuláris adatok alapján lehetséges egy Olaszországból történt behurcolás. Az elsőként fertőzöttnek talált keverék kutyából és a három kölyökkutyából vért vettek, és a belőlük kivont DNS-mintákon végzett, *Rickettsia*-fajokra irányuló molekuláris biológiai vizsgálatok negatív eredményt adtak. A kvantitatív PCR a vizsgált 184 kullancs esetében viszont 68%-os pozitivitást mutatott *Rickettsia*-fajokra. Az egyetlen szekvenálással azonosítható faj a humán patogén *R. massiliae* volt. Az eset felhívja a figyelmet arra, hogy hazánkban is bármikor kialakulhat *R. sanguineus* góc, amely komoly egészségügyi következményekkel járhat mind a kutyákra, mind az emberekre nézve.

TÓTH EVELIN, SZEKERES SÁNDOR és FÖLDVÁRI GÁBOR „*Borrelia miyamotoi* vizsgálata gázolt sünökben és a róluk eltávolított kullancsokban” c. előadásukban a hazánkban élő keleti sün (*Erinaceus roumanicus*), ill. a rajtuk élősködő kullancsok nemrégiben felfedezett, kullancsok által terjesztett, és visszatérő lázat okozó *Borrelia miyamotoi* zoonotikus spirochaetákkal való fertőzöttségéről számoltak be. A keleti sün védett állat, így vizsgálatukhoz csakis elhullott egyedeket használhattak. Sajátos védekezésük miatt gyakran esnek áldozatul a közúti forgalomnak, így kísérletükben nagyrészt gépjárművek által elgázolt és az utakról begyűjtött tetemeiket vizsgálták. A 23 elütött sünt begyűjtés után felboncolták, és az autólízis fokának megfelelően szöveti mintákat vettek a bőrükből, lépükből, izmaikból és egyes esetekben a vérükből, májukból is (összesen 52 minta),

és ezeket vizsgálták molekuláris módszerekkel. A mintákból DNS-kivonó kittel izolálták a DNS-t, majd valós idejű polimeráz-láncreakció (qPCR) vizsgálattal igazolták a kórokozók jelenlétét. A tetemek közül 9 egyedről több mint 400 kullancsot, valamint 5 sünről 400 darab sünbolhát (*Archaeopsylla erinacei*) távolítottak el. Két kullancsfaj, az *Ixodes ricinus* és az *Ixodes hexagonus* példányait azonosították, amelyek között egyaránt találtak adultokat, nimfákat és lárvákat is. A határozás után alkalikus hidrolízissel vonták ki a DNS-t a kullancsokból, majd a szöveti mintákhoz hasonlóan qPCR-rel mutattak ki a *B. miyamotoi* baktériumok jelenlétét. A 23 vizsgált sünből 17 (74%) bizonyult *B. miyamotoi* pozitívnak. Mindkét kullancsfaj egyedei között találtak fertőzötteket, és PCR-negatív sünökről eltávolított *I. ricinus* és *I. hexagonus* példányok is fertőzöttek bizonyultak. A vizsgált viszonylag kis mintaszám alapján előzetes eredményeik arra utalnak, hogy a városi keleti sünök jelentős szerepet játszhatnak a nemrég felfedezett kórokozó, a *B. miyamotoi* járványtani ciklusában.

PIROSS IMRE SÁNDOR, FEHÉRVÁRI PÉTER, VAS ZOLTÁN, HARNOS ANDREA, SZABÓ KRISZTIÁN, BERTÓK PÉTER, SOLT SZABOLCS, PALATITZ PÉTER és RÓZSA LAJOS „Gazdaivar-függő terjedési és fertőzöttségi mintázatok a kék vércsék (*Falco vespertinus*) tolltetveinél” c. előadásukban a tolltetvek szülőkről a hím és nőstény fiókákra való terjedésének vizsgálatáról számoltak be. A vizsgálatot egy fokozottan védett madárfajon, a kék vércsén (*Falco vespertinus*) és tolltetvein végezték 2012-ben és 2014-ben a Cserebökényi, Vásárhelyi- és Csanádi-puszták mesterséges fészektelepeken. Az ektoparazitákat piretrin-tartalmú rovarölő porral gyűjtötték. A fiókák ivarának

meghatározásához PCR-alapú módszert használtak. A gazda tulajdonságainak tolltetű-fertőzöttségre gyakorolt hatását általánosított lineáris modellekkel elemezték. A madarakon négy tetűfajt találtak, melyek közül egyet eddig csak család szintig sikerült meghatározni (Amblycera: Menoponidae), a *Laemobothrion tinnunculinak* pedig ez az első ismert előfordulása kék vércsén. A *Colpocephalum subzerafae* a fejlődő tokos tollak megrágása mellett hámtörmelékkal és vérrel, míg a *Degeeriella rufa* a tollak anyagával táplálkozik. A *C. subzerafae* abundanciáját a fiókákban a gazda ivara befolyásolta, és a tojókon hím fészektestvéreikhez képest szignifikánsan nagyobb volt. A *D. rufa* abundanciáját ugyanakkor a fióka korát és fejlettségét jellemző félszárnyhossz befolyásolta szignifikánsan. A *C. subzerafae* mennyisége az adult madarakon a testméretet jellemző paraméterekkel nő, ill. a költéskezdet óta eltelt napok számával csökken, és a tojókon szignifikánsan több egyed található. A felnőtt madarak *D. rufával* való fertőzöttsége a félszárnyhosszal, a költéskezdet óta eltelt napok számával szignifikánsan nő, és nagyobb a tojók esetében. A kék vércse két leggyakoribb tetűfajánál ivarfüggő fertőzöttségi mintázatokat mutattak ki, a *C. subzerafae* esetében már a vertikális transzmisszió során is. A *D. rufa* feltehetően eltérő terjedési stratégiát alkalmaz, csak akkor terjed át a fiókákra, amikor azok tollazati fejlettsége már megfelelő számára. Az eredmények alapján a gazda ivara önmagában is hatással lehet a paraziták fitnesszére, egyes élősködők ennek megfelelően egyenlőtlen terjedést mutatnak.

Dr. Sréter Tamás