

Bakteriológia

A szekcióban 13 előadást jelentettek be, ami megfelelt a korábbi évek átlagának. A szekció társelnökei NAGY BÉLA, FODOR LÁSZLÓ és MAGYAR TIBOR voltak.

GYURANECZ MIKLÓS, ULLI WERNERY, KREIZINGER ZSUZSA, JUHÁSZ JUDIT, FELDE ORSOLYA és NAGY PÉTER egypúpú tevékből (*Camelus dromedarius*) izolált *Brucella* (*B.*) *melitensis* törzsek összehasonlító genetikai elemzéséről számoltak be. A tevékből, valamint szarvasmarhából, kecskéből és gazellából származó baktériumtörzsek MLVA-8 (multiple-locus variable-number tandem repeat analysis) vizsgálata során azonosított öt genotípus közül kettőt korábban nem írtak le. Az MLVA-16 elemzés további tíz variánsra osztotta ezt az öt genotípust, melyek közül több a *B. melitensis* állományon belüli evolúciójára, mutációjára utal. A tevetörzseket négy különböző MLVA-8 genotípusba sorolták, amelyek a kelet-mediterráni és az afrikai filogenetikai csoportba tartoznak. Ez összefüggésben áll a tevék származási helyével (Egyesült Arab Emírátságok, Szaúd-Arábia, Szudán). A tevetörzsek emellett rokonságot mutattak a vad- és háziállatokból izolált törzsekkel is. Eredményeik alapján az Egyesült Arab Emírátságokban megállapított teve-brucellosis forrása a teveimport és a helyi vadállomány lehet. Az MLVA-módszer megfelelőnek bizonyult a törzsek közötti járványtani viszonyok feltárására, és hasznos eszköze lehet a jövőben a tevefarmokon a mentesítési és betegségmegelőzési programoknak.

KREIZINGER ZSUZSA, SÜLYOK KINGA MÁRIA, MAKRAI LÁSZLÓ, RÓNAI ZSUSZANNA, FODOR LÁSZLÓ, JÁNOSI SZILÁRD és GYURANECZ MIKLÓS *Bacillus* (*B.*) *anthracis* törzsek antibiotikum-rezisztencia profilját határozták meg. A 29, Magyarország különböző területeiről, különböző állatfajokból, 1933 és 2014 között izolált, különböző genotípusba tartozó *B. anthracis* törzs antibiotikum-érzékenységét a minimális gátlókoncentráció-értéket megadó tesztcsíkok (E-teszt) felhasználásával vizsgálták. Valamennyi vizsgált törzs érzékenynek bizonyult amoxicillinnel, ciprofloxacinnal, klindamicinnel, doxiciklinnel, gentamicinnel, penicillinnel, rifampicinnel és vankomicinnel szemben. A törzsek 17,2% (5/29) és 58,6% (17/29) csak mérsékelt érzékenységet mutatott eritromicinre és cefotaximra. A törzsek izolálási helye, ideje, gazdafaja, genotípusa és antibiotikum-érzékenységi profilja között nem volt összefüggés. Az eredmények alapján a penicillin, az amoxicillin, a ciprofloxacinnal és a doxiciklin javasolhatóak elsődlegesen a lépfene-esetek gyógyke-

zelésére Magyarországon, de a gentamicin, vankomicin, rifampicin és klindamicin is megfelelő gyógyszer lehet. Az eritromicin és cefotaxim használata viszont kerülendő.

KREIZINGER ZSUZSA, ERDÉLYI KÁROLY, SULYOK KINGA MÁRIA, FELDE ORSOLYA és GYURANECZ MIKLÓS az Európában előforduló *Francisella (F.) tularensis* ssp. *holarctica* genotípusok (B.FTNF002-00 és B.12) virulenciájának összehasonlító vizsgálatáról számoltak be. Dél- és Nyugat-Európában a B.FTNF002-00 csoport a jellemző, míg a B.12 csoport főként Észak-, Kelet- és Közép-Európában fordul elő. A kórokozó rezervoárjaként számon tartott mezei nyúlban (*Lepus europaeus*) a nyugat-európai országokban többnyire heveny kórbonctani elváltozásokat találnak, míg a közép-európai esetek többnyire félheveny-idült fertőzésre utalnak. A Fischer-féle 344 patkányokon végzett fertőzési kísérlet során több állat pusztult el, ill. mutatott súlyos tüneteket a B.FTNF002-00 genotípus okozta fertőzéstől, mint a B.12 genotípus esetében. A megfigyelt különbség megerősíti a feltételezést, miszerint az Európában előforduló *F. tularensis* ssp. *holarctica* törzsek nemcsak genetikai tulajdonságaikban és földrajzi elterjedtségükben különböznek, hanem virulenciájukban is. Az eredmények magyarázatul szolgálhatnak arra is, hogy miért különbözik a tularaemia kórbonctani képe a kontinens nyugati és keleti felén.

KREIZINGER ZSUZSA, SULYOK KINGA MÁRIA, ERDÉLYI KÁROLY, FELDE ORSOLYA, POVAZSÁN JÁNOS, KÖRÖSI LÁSZLÓ és GYURANECZ MIKLÓS a *Mycoplasma (M.) synoviae* vad és MS-H vakcinatörzseinek, valamint a vakcinatörzs ts+ és ts- változatának elkülönítésére szolgáló molekuláris biológiai módszerek fejlesztéséről számoltak be. A *M. synoviae* *obg* gén ismert pontmutációinak azonosítására olvadási görbék elemzésén alapuló, ill. agarózgél alapú, ún. mismatch amplification mutation assay (melt-MAMA és agaróz-MAMA) rendszereket dolgoztak ki. Az MS-H1 rendszerben az *obg* gén 367. nukleotidján lévő pontmutáció a vad és MS-H vakcinatörzs elkülönítésére alkalmas, az MS-H2 rendszerben pedig a 627. nukleotidon lévő pontmutáció alapján a ts+ és ts- MS-H vakcinatörzseket lehet megkülönböztetni. A kidolgozott módszerek a pontmutációk kimutatásával képesek voltak megkülönböztetni az MS-H1 és MS-H2 rendszerekben a vad és MS-H vakcinatörzset, továbbá a ts+ és ts- MS-H vakcinatörzset. A melt-MAMA eljárások specifikussága 103, az agaróz-MAMA eljárásoké pedig 104 színváltoztató egység. A vizsgálatok során az egyéb, madarakban előforduló *Mycoplasma*-fajok nem mutattak keresztreakciót. A kidolgozott eljárások érzékenysége és specifikussága megfelelő ahhoz, hogy a módszerek a rutindiagnosztikában, a gyakorlatban is használhatóak legyenek. A módszerek

az állatokból vett mintákból közvetlenül kivont DNS-en is elvégezhetőek valós idejű, ill. hagyományos PCR segítségével. A kifejlesztett eljárások segítségével a korábbi módszerekhez képest könnyen, gyorsan és költséghatékonyan különíthetők el a *M. synoviae* vad és vakcinatörzsei.

GRÓZNER DÉNES, KREIZINGER ZSUZSA, HRIVNÁK VERONIKA, RÓNAI ZSUSZANNA, SULYOK KINGA MÁRIA, KECSKEMÉTINÉ TURCSÁNYI IBOLYA, JÁNOSI SZILÁRD, HORVÁTH-PAPP IMRE, THUMA ÁKOS, GYURIS ÉVA és GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.)* sp. 1220 és *M. synoviae* törzsek antibiotikum-érzékenységét határozták meg. A *M. sp. 1220* vízibaromfi-félékben salpingitist és phallusgyulladás okoz, de gyakori a kloáka, a peritoneum és a légzsákgyulladás is. A *M. synoviae* elsősorban a tyúokban és pulykákban okoz megbetegedést. A 2011–2015. között, Magyarország különböző területeiről gyűjtött 37 *M. sp. 1220* és 16 *M. synoviae* törzsre jellemző minimális gátlókoncentráció (MIC) értéket mikrolevességhígítási módszerrel állapították meg. A vizsgált *M. sp. 1220* törzsek többsége rezisztens volt norfloxacin, enrofloxacin és spektinomocin szemben, de több mint 50%-uk az oxitetraciklinre, doxiciklinre, tilozinra és tilmikozinra is rezisztenciát mutatott. A törzsek többsége érzékeny volt tilvalosinnal, tiamulinnal, valnemulinnal és linkomicinnel szemben, míg a florfenikolra az izolátumok többsége mérsékelt érzékenységet vagy érzékenységet mutatott. A *M. synoviae* törzsek többsége rezisztens volt norfloxacin és enrofloxacin szemben. A többi antibiotikum-csoporttal szemben a vizsgált izolátumok többsége érzékenységet mutatott, bár a rezisztenciaprofilok változatosnak bizonyultak. Aggasztó, hogy egy multirezisztens *M. synoviae* törzset is azonosítottak. Eredményeik felhívják a figyelmet az antibiotikum-rezisztencia terjedésére, és a felelősségteljes antibiotikum használat fontosságára.

FELDE ORSOLYA, SULYOK KINGA MÁRIA, KREIZINGER ZSUZSA, BIKSI IMRE, KISS KRISZTIÁN és GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.) hyopneumoniae* törzsek összehasonlító genetikai vizsgálatáról számoltak be. A hazai vágóhidakon gyűjtött sertéstüdőkből izolált *M. hyopneumoniae* törzsek közeli rokonságát a *p146* gén szerintartalmú VNTR (variable number tandem repeat) régiójának ismétlődései alapján vizsgálták. Az MLST (multilocus sequence typing) közepes felbontású, egymástól viszonylag távoli izolátumok tipizálására alkalmas eljárás, mely során a három legnagyobb variabilitást mutató háztartási gént (*adk*, *rpoB*, *tpiA*) elemezték. Az MLVA egymáshoz közel rokon izolátumok rokonsági viszonyainak megállapítására alkalmas módszer, amelynek során 4 VNTR régió ismétlődéseinek számait hasonlították össze. Az MLST-analízis eredményeként a 22 vizsgált

M. hyopneumoniae törzs között 13 szekvenciátípust különböztettek meg. Az egy állományból származó *M. hyopneumoniae* törzsek genotípusai általában azonosak vagy közeli rokonságban álltak, de eltérő genotípusokat is megfigyeltek egyazon állományon belül.

SULYOK KINGA MÁRIA, RÓNAI ZSUSZANNA, KREIZINGER ZSUZSA, NAGY SÁRA ÁGNES, WEHMANN ENIKŐ, MARTON SZILVIA, BÁNYAI KRISZTIÁN, MAKRAI LÁSZLÓ, KECSKEMÉTNÉ TURCSÁNYI IBOLYA, JÁNOSI SZILÁRD és GYURANECZ MIKLÓS *Mycoplasma (M.) bovis* antibiotikum-rezisztencia markereinek kimutatására alkalmas molekuláris biológiai rendszerek fejlesztéséről számoltak be. Az antibiotikum-rezisztenciával összefüggő mutációk azonosítására 35 hazai izolátum, egy referenciatörzs és 36 mesterségesen rezisztenssé nevelt törzs teljes genomját hasonlították össze. Az azonosított pontmutációk detektálására valós idejű PCR és agarózgél alapú MAMA (Mismatch Amplification Mutation Assay) rendszereket, valamint HRM (High Resolution Melt) tesztek fejlesztettek ki. Rezisztenciát okozó mutációkat fluorokinolonok esetén a DNS-giráz, ill. a topoizomeráz IV enzimeket kódoló géneken (*gyrA*, *parC*), a bakteriális riboszóma 50S alegységét gátló antibiotikumok (makrolidok, lincomycin, pleuromutilinok, florfenikol) esetében a 23S rRNS-t kódoló *rrl3* és *rrl4* géneken, a 30S alegységhez kötődő antibiotikumoknál (tetraciklinek, spectinomycin) pedig a 16S rRNS-t kódoló *rrs3* és *rrs4* géneken találtak. Az azonosított mutációkra tervezett MAMA- és HRM-rendszerek eredményei egybevágtak a hagyományos mikrolevessé hígításos módszer eredményeivel. A kifejlesztett rendszerek lehetővé teszik, hogy a baktériumok időigényes és költséges izolálása nélkül elkülönítsék a rezisztens és az érzékeny *M. bovis* törzseket.

SÁRKÖZI RITA, MAKRAI LÁSZLÓ, MATICSEK KRISZTINA és FODOR LÁSZLÓ Magyarország különböző sertéstelepeiről származó *Actinobacillus (A.) pleuropneumoniae* törzsek szerotipizálásának és antibiotikum-érzékenységi vizsgálatának eredményéről számoltak be. A 2012–15. között gyűjtött, 20 *A. pleuropneumoniae* törzset passzív hemagglutinációs próbával vizsgálták, a rezisztencia meghatározásához a korongdiffúziós módszer mellett, a minimális gátlókoncentrációt (MIC) is meghatározták. A törzsek fele a 2-es szerotípusba tartozott, 2–2 törzset 8-as, 9-es, 13-as és 16-os szerotípusként határoztak meg, 1–1 12-es szerotípusú és be nem besorolható törzset azonosítottak. Korongdiffúziós módszerrel az összes törzs érzékeny volt tiamulinra, a törzsek nagy része pedig érzékenységet mutatott florfenikolra, ampicillinre, ceftiofurra és tilmikozinra. Néhány törzs mérsékelten érzékeny volt spektinomycinre, gentamicinre, enrofloxacinra és penicillinre. A törzsek közel fele rezisztenciát mutatott gentamicinnel, oxitetraciklinnel

és spektinomycinrel szemben. Az antibiotikumok minimális gátló koncentrációja széles spektrumban mozgott. Mind a 20 törzs érzékeny volt tilmikozinra, 19 (95%) törzs tiamulinra és florfenikolra, 18 (90%) törzs enrofloxacinra és 17 (85%) törzs pedig ampicillinre mutatott érzékenységet. Tíz (50%) törzs volt mérsékelten érzékeny spektinomycinre, 8 (40%) törzs pedig gentamicinre. Nagyfokú rezisztencia volt megállapítható oxitetraciklin és spektinomycin esetében (40–40%), és a törzsek 35%-a rezisztenciát mutatott gentamicinnel szemben. Az antibiotikumok nagyobb részénél eltérés mutatkozott a két módszer között.

UJVÁRI BARBARA és MAGYAR TIBOR emlősökből izolált *Pasteurella (P.) multocida* törzsek feltételezett virulenciagénjeinek összehasonlító vizsgálatáról számoltak be. A 147, szarvasmarha, sertés és nyúl gazdafajból származó *P. multocida* törzs buroktípusát és a feltételezett virulenciagéneket toxin (*toxA*), vaskötő fehérjék (*tbpA*, *hgbB*), fimbriák és adhezinek (*pfhA*, *fimA*, *hsf-1*, *hsf-2*, *tadD*, *ptfA*) hatására PCR-módszerrel vizsgálták. A leggyakoribb buroktípusok gazdafajtól függetlenül az A (99 törzs, 67%) és D (39 törzs, 27%) voltak. Az F típust a törzsek 6%-ában (9 törzs) azonosították. A toxingén nyulakból származó törzsek esetében nem fordult elő, szarvasmarhákból 11,8%-ban, míg sertésekből 48,8%-ban volt kimutatható. A *fimA*, *hsf-2*, és *ptfA* génszakaszok gazdafajtól függetlenül a törzsek 85,9–100%-ában voltak azonosíthatóak. A szarvasmarhákból izolált törzsek esetében a *tbpA*, *pfhA*, és *tadD* génszakaszok előfordulása gyakori volt (90,6%; 56,5%; 70,6%), a *hgbB* és *hsf-1* gének viszont a törzsek kevesebb, mint 10%-ában voltak detektálhatóak. A sertés és nyúl eredetű törzsek esetében a *hgbB* és *hsf-1* génszakaszok előfordulása 70% felettinek adódott, a *tbpA*, *pfhA*, és *tadD* gének viszont csak a törzsek kevesebb, mint 30%-ában voltak azonosíthatóak. Az emlősökből izolált *P. multocida* törzsek feltételezett virulenciagénjeinek vizsgálata során gazdafaj-adaptációra utaló jeleket sikerült kimutatni, melyek molekuláris epidemiológiai markerként is szolgálhatnak.

SZABÓ RÉKA, WEHMANN ENIKŐ és MAGYAR TIBOR *Ornithobacterium (O.) rhinotracheale* törzseket jellemeztek genotipizáló PCR-módszerekkel. A különböző gazdafaji (24 pulyka, 6 házityúk, egy-egy galamb, héja és karvaly) és földrajzi eredetű törzseket a kitenyészést követően ERIC-PCR-rel (enterobacterial repetitive intergenic consensus PCR; ERIC R1 és ERIC2 primerekkel), valamint RAPD-PCR-rel (random amplified polymorphic DNA PCR; univerzális M13 primerrel) vizsgálták. ERIC-PCR segítségével kilencféle mintázatot azonosítottak. A leggyakoribb típusba 14, a második típusba 7, a harmadikba négy, a negyedikbe

két törzs tartozott, öt törzs pedig a többitől teljesen eltérő mintázatot adott. Az egyes típusok a gazdafajjal nem mutattak összefüggést, bár a házityúk és galamb eredetű törzsek nagyobb változatosságot mutattak, mint a pulyka eredetűek. A vadmadaraktól izolált törzsek a leggyakoribb típusba tartoztak. RAPD-PCR rendszerben hatféle mintázatot különböztettek meg. Az első típusba 25, a másodikba és harmadikba két-két törzs tartozott, négy törzs mintázata pedig egyik csoportba sem volt besorolható. Egyik módszerrel sem találtak összefüggést a törzsek eredete és a mintázat típusa között. Eredményeik alapján a két felhasznált módszer alkalmas az *O. rhinotracheale* törzsek genetikai változatosságának vizsgálatára, így járványtani vizsgálatok során is alkalmazhatók. Az eltérő mintázatok eltérő fertőzési forrást feltételeznek, a vadmadaraktól származó törzsek hasonlósága a pulyka eredetű törzsekhez pedig az előbbieket lehetséges rezervoár és fertőzés közvetítő szerepére utal.

MAKRAI LÁSZLÓ, SÁGI KRISZTINA és BÉKÉSI LÁSZLÓ SZABOLCS a háziméh (*Apis mellifera*) nyúlós költésrothadását okozó *Paenibacillus (P.) larvae* hazai reprezentatív izolátumaiból törzsgyűjteményt hoztak létre annak érdekében, hogy a baktériumfaj tulajdonságait (virulenciaváltozatok, szerotípusok, fenotípusos és genotípusos sajátosságok, fertőtlenítőszerekkel szembeni érzékenység stb.) jobban megismerhetővé tegyék, ami hozzájárulhat a betegség elleni védekezéshez és kártétel csökkentéséhez. Magyarország 19 megyéjéből (142 település és Budapest) gyűjtött 297 mézmintából 82 *P. larvae* izolátumot tenyésztettek ki. A vizsgálatban részt vevő méhészeket tájékoztatták a méhészetük fertőzöttségének állapotáról, és létrehozta egy hazai reprezentatív baktérium-törzsgyűjteményt, amely 82 *P. larvae* izolátumot tartalmaz 17 megye 48 településéről és Budapestről, lehetőséget nyújtva további vizsgálatok elvégzésére.

SVÁB DOMONKOS, BÁLINT BALÁZS, MARÓTI GERGELY és TÓTH ISTVÁN az atípusos *Escherichia (E.) coli* T22 O157:H43 szerotípusú törzs profágjainak teljes genom szekvencia-meghatározással történő azonosításáról és genetikai jellemzéséről számoltak be. Az *E. coli* T22 O157:H43 törzs tíz profág régiót tartalmaz, amelyek együttes hossza 339 kb, ez a teljes genomnak (4,9 Mb) mintegy 7%-át teszi ki, egyedi hosszuk 13 és 51 kb között változik, GC-arányuk 45,5–52,6% közötti. Genetikai felépítésük és génszekvencia-hasonlóságok alapján három profág lambda-szerű, három P2-szerű, egy nem besorolható, a többi három közül pedig egy-egy rendre a PhiP27 és a P4 profággal, valamint egy *Shigella* szerotípus konvertáló fággal mutat részleges egyezést. Négy profágban azonosítottak tényleges és feltételezett virulenci-

agéneket, a korábban részletesen jellemzett citoletális duzzasztó toxin V-ös típusát, a hőlabilis enterotoxin IIc altípusát, valamint a Bor lipoproteint és a Lom-szerű fehérjét, utóbbiaknak feltételezések szerint a szérum-rezisztenciában, ill. az adhéziónban lehet szerepe. Eredményeik alapján az *E. coli* O157:H43 T22 jelzésű atípusos törzsnek a szerocsoport többi ismert tagjához hasonlóan kiterjedt profágkészlete van. E profágok azonban genetikailag jelentősen különböznek a tipikus EHEC és EPEC O157 törzsek profágjaitól, ami mutatja, hogy az *E. coli* T22 törzs a fentiekől eltérő evolúciós utat járt be. A profágok által hordozott virulenciagének a bakteriofágok vektorszerepét jelzik, eltérő GC-arányuk pedig a gazdához való különböző mértékű adaptációra vagy a kromoszómába történő integráció eltérő időpontjára utalhat.

TÓTH ISTVÁN, SVÁB DOMONKOS, BÁLINT BALÁZS, MARYURY BROWN-JAQUE és MARÓTI GERGELY *Shigella (S.) sonnei* Shiga toxin (Stx) konvertáló fágjának első teljes genom leírásáról számoltak be. A Shiga toxin (Stx) termelő *Escherichia (E.) coli* (STEC) súlyos közegészségügyi veszélyt jelent. Az STEC és enterohaemorrhagias *E. coli* (EHEC) kulcs virulenciafaktorát jelentő *stxAB* gének konvertáló fágok genomjában foglalnak helyet, melyet elsőként *S. dysenteriae*-ben mutatták ki több mint 100 éve. Vizsgálataik során a 75/02 *S. sonnei* klinikai törzsből indukciót követően izolálták az Stx1 profágot. A fág morfológiáját elektronmikroszkóppal vizsgálták, és meghatározták a genom nukleotidsorrendjét. A *Podoviridae* morfológiájú *Shigella* 75/02 jelzésű Stx fág indukálhatónak bizonyult, mellyel sikeresen lizogénizáltak három *E. coli* K-12 (C600, DH5 α és MG1655) törzset. A K-12 lizogén törzsek citotoxicitását Vero sejtenyészetben demonstrálták. A 75/02 Stx fágnek cirkuláris genomja van, melynek mérete 60,875 nt. A lambda fág szerveződésű genom, jelentős mozaikszerkezetet mutatott, mely genomban 76 nyitott leolvasási keretet (ORF) azonosítottak. A kódolt fehérjék mindegyike, így a 37 hipotetikus fehérje is jelentős homológiát mutatott egyéb, az adatbankban szereplő fágfehérjékkel. A *S. sonnei* 75/02 Stx1 fág mind a szülői törzsből, mind a lizogénizált K-12 törzsek genomjában az *ynfG* oxidoreduktáz génbe épült be. Az Stx1 profág stabilan replikálódott a lizogénizált törzsekben, és indukálható tulajdonságát is megtartotta. Az a tény, hogy a *Shigella* 75/02 Stx fág nagyfokú hasonlóságot mutat Stx2 fágokkal, azt mutatja, hogy az Stx1 és Stx2 fágokra jellemző régiók képesek egymás között kicserélődni.

Dr. Jánosi Szilárd

Élettan – Biokémia – Kórtan – Gyógyszertan és toxikológia – Morfológia

Idén 42. alkalommal, 2016. január 25–28. között rendezték meg az Akadémiai Beszámolókat a Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Karán. A nyitónapon az élettan és biokémia, patológia, gyógyszer-tan és toxikológia, valamint morfológia szekciók előadásai hangzottak el az élettani előadóteremben. A szekció társelnöki tisztségét SÓTONYI PÉTER, FRENYÓ V. LÁSZLÓ, BARTHA TIBOR és CSÍKÓ GYÖRGY vállalták.

CZEIBERT KÁLMÁN, BAKSA GÁBOR, SZABÓ PÉTER, GRIMM ANDRÁS, NAGY SZILVIA, BOGNER PÉTER, SÓTONYI PÉTER, RÁCZ BENCE és PETNEHÁZY ÖRS szeletanatómiai vizsgálatunkban bemutatták az elmúlt évtizedekben szerepet játszó főbb humán és állatorvosi jelentőségű vizsgálatokat, és összevették azokat a saját kísérletei eredményeikkel. Hagyományos szeleteléses eljárással mutatták be egy pulyka és egy sertés keresztmetzeti képeit: mindkét esetben fix keretrendszerben végzett képalkotó vizsgálatok után poliuretánhabba ágyazták a testeket. A hab egyenletesen tágulva kitöltötte a test melletti területet, és stabilan rögzítette a végtagokat. Az így elkészült blokkokat $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ -os hűtőben tárolták, majd egy héttel később tetemfűrészszel 8 mm-es vastagságú szeleteket készítettek a testekből (a munkapad kontakt felszínét folyamatosan hűtve szárazjéggel), majd rögzített állványú kamerával (Nikon D800) digitalizálták az egyes szeleteket. Véleményük szerint a rétegmarás egyaránt bemutatja és összehasonlíthatóvá teszi a hagyományos képalkotó eljárások leleteit (annak minden előnyével és nehézségével), valamint a valós anatómiai viszonyokat, és az olyan esetekre is le lehet vonni a következtetéseket, amikor egyébként csak *in vivo* vizsgálatra van mód.

BÁRÁNY ZOLTÁN, SOMOGYI VIRÁG, STERCZER ÁGNES és FRENYÓ V. LÁSZLÓ a humán és állatorvosi vonatkozásban is jelentős neuropszichiátriai kórképet, a hepaticus encephalopathiát tanulmányozták. Céljuk egy, a kórkép fennállásakor a gliasejtekben lejátszódó kóros folyamatok vizsgálatára alkalmas primer astrocyta-tenyésztés létrehozása és protokoll kidolgozása volt. A sejtenyésztés előállítására 2 napos Wistar-patkányok nagyagyából nyert sejteket ültettek Petri-csészébe, majd a sejt-kultúra összetételét immunhisztokémiai

eljárással vizsgálták. A kiültetett sejtek kéthetes tenyésztést követően összefüggő, egyrétegű, ép morfológiájú astrocyta-tenyésztetet képeztek, melyben az astrocyták aránya meghaladta a 90%-ot. Ennek alapján megállapították, hogy az általuk kidolgozott és beállított primer astrocyta sejt-kultúra morfológiai jellemzői, életképessége és összetétele az irodalmi adatok alapján megfelelő, alkalmas a rajta elvégzendő vizsgálatok megvalósítására, valamint a későbbiekben tervezett agyi endothel-astrocyta ko-kultúra létrehozásához felhasználható.

JÓCSÁK GERGELY, BARTHA TIBOR, GOSZLETH GRÉTA és ZSARNOVSKY ATTILA kutatásainak középpontjában a zearalenon mint endogén diszruptor állt. Korábban már bizonyítást nyert, hogy az ösztrogén és a pajzsmirigyhormonok képesek saját és egymás receptorainak expresszióját módosítani, amelyet endogén diszruptorok is befolyásolhatnak. Ezért a kutatócsoport primer patkány kisagyi sejtenyésztésen vizsgálta a zearalenon ösztrogén- és pajzsmirigyhormon receptorokra gyakorolt hatását, ill. a kapott eredményeket hasonlította össze *in situ* minták referencia értékeivel. A receptorok expressziójának mértékét PCR és Western blot technikával meghatározva igazolták a receptorokra kifejtett szabályozó hatást mind az említett hormonok, mind a zearalenon esetében, valamint megállapították, hogy a gliasejtek fontos mediátorai ezen folyamatoknak. Eredményeikből arra következtetnek, hogy a kisagy optimális fejlődéséhez az ösztrogén és pajzsmirigyhormonok megfelelő aránya szükséges, de ezt az állapotot exogén hormonhatású vegyületek, mint a zearalenon nagymértékben befolyásolhatják.

TÓTH ISTVÁN, KISS DÁVID SÁNDOR, ASHABER MÁRIA, FRENYÓ V. LÁSZLÓ és ZSARNOVSKY ATTILA előadásából megtudhattuk, hogy a táplálékfelvétel és a szaporodásbiológia irányításában központi szerepet játszó, anatómiaiailag és szövettanilag szimmetrikus felépítésű hypothalamus jobb és bal oldalán helyeződő magcsoportok eltérő metabolikus aktivitásúak, amely függ a tápláltsági állapottól. Kísérleteik során programozottan etetett, intakt hím patkányokat használtak fel, amelyekből az éhezés-jólakottság ciklus különböző időpontjaiban mintát vettek, majd a hypothalamus egyes területeinek aktivitását mitokondriális légzésmérés segítségével vizsgálták. Eredményeik alapján a hypothalamus féltekéi közötti metabolikus különbség dinamikus ingadozást mutat, amely a jólakottság mértékén túl cirkadián ritmussal is összefüggésbe hozható. Annak megállapítására, hogy a két tényező milyen mértékben áll a jelenség hátterében, azok időbeli elkülönítését, valamint további hypothalamikus és vérben keringő faktorok, mint a ghrelin, a leptin és a progeszteron tanulmányozását tervezik.

RÁCZ BENEC, BABITS RÉKA, HALASY KATALIN és SÓTONYI PÉTER munkájuk során a táplálékbevitel-csökkentés indukálta szinaptikus változásokat vizsgálták rágcsálók hippocampusában. Kísérleteik során akut éheztetés hatását elemezték kvantitatív elektronmikroszkópos módszerekkel patkány hippocampusban. Mivel a hippocampalis dendrittüskék alak- és méretváltozásai alapvető szerepet játszanak a szinaptikus hatékonyság kialakításában, vizsgálataikat a hippocampus CA1 stratumban végezték, amely a szinaptikus plaszticitási folyamatok legkedveltebb modellterülete. Eredményeik szerint már az ilyen rövid ideig tartó táplálékmegvonás is specifikus ultrastrukturális változásokat indukál a hippocampusban.

KULCSÁR ANNA, MÁTIS GÁBOR, PETRILLA JANKA, MACKEI MÁTÉ és NEOGRÁDY ZSUZSANNA a szénhidrát-anyagcsere és a növekedés szabályozásában kulcsfontosságú inzulin, ill. a glükózfüggő inzulinotróp polipeptid és glukagon-szerű peptid 1 inkretin hormonok termelődésének változását vizsgálta Ross 308 brojlercsirkéken és Pannon fehér nyulakon, szájon át adagolt butirát hatására. Az állatok bolus formájában különböző koncentrációjú butirátoldatot kaptak szondán keresztül, majd az említett hormonok plazmakoncentrációi több időpontban nyert vérmintákból határozták meg. Az eredmények rávilágítanak arra, hogy a kezelés hatására az egyes hormonok mennyisége eltérő mértékben változik a két fajban, sőt irodalmi adatokkal összehasonlítva akár emlősfajok között is jelentős eltérések lehetnek. Kiemelték továbbá, hogy a butirát alkalmazása a glükóz-homeosztázisra gyakorolt hatása révén új utat jelenthet az anyagcsere és a növekedés endokrin szabályozásának nutritív úton történő befolyásolásában, aminek kiemelt gyakorlati jelentősége van.

KENÉZ ÁKOS, JÜRGEN REHAGE, SVEN DÄNICKE és KORINNA HUBER a tejelő tehének laktáció elején fennálló energiahányos állapotának egy speciális vonatkozását tanulmányozták. Céljuk a zsírszövetben ebben az időszakban jelentkező csökkent inzulinérzékenység hátterében álló történések felderítése az inzulin jelátvitelben kulcsszerepet játszó fehérjék expressziójának és foszforiláltságának jellemzésével. A biopsziás mintákat bőr alatti és hasúri zsírszövetből vették az ellést megelőzően és utána több alkalommal, majd Western blot analízis segítségével megállapították, hogy az ellést követően a vizsgált fehérjék többségének expressziója és/vagy foszforiláltsága csökkenést mutatott, majd lassan visszaállt az ellést megelőző értékre. Ezzel szemben egyes elemek fokozott expressziója jellemezte a bőr alatti zsírszövetet. A csoport eredményeit a zsírszövet megváltozott élettani állapotra adott összehangolt reakciójaként értelmezik, amelynek köszönhetően ellést

követően ugyanazon inzulin stimulus kisebb választ vált ki a zsírszövetben, elősegítve ezzel az energiadeficit okán szükségessé váló katabolikus folyamatokat, ill. megőrzi a glükózt a tejmirigy számára.

MÁTIS GÁBOR, KULCSÁR ANNA, PETRILLA JANKA, ORBÁN KATA és NEOGRÁDY ZSUZSANNA a terpinen-4-ol és a nátrium-n-butirát gyulladáscsökkentő hatékonyságát vizsgálták egy – a kutatócsoport által létrehozott, akut és krónikus gyulladás modellezésére alkalmas – sertés eredetű hepatocita-Kupffer-sejt kokultúra, valamint hepatocita monokultúra sejtmodelleken. A sejteket bakteriális lipopoliszacharid és az említett gyulladáscsökkentő anyagok egyidejű alkalmazásával kezelték, majd ELISA-módszerrel meghatározták a tápfolyadék interleukin-8 koncentrációját. Kimutatták, hogy mind a terpinen-4-ol, mind a butirát hatékonyan csökkentette a gyulladásos citokin termelését hepatocita monokultúrák esetében, ugyanakkor hatástalannak bizonyult az akut és a krónikus gyulladást modellező kokultúráknál. A jelenségre magyarázatul szolgálhat a Kupffer-sejtek emelkedett interleukin-8 termelése a kokultúrákban, így a tesztelt anyagok alkalmazott koncentrációi nem voltak képesek azt szignifikánsan mérsékelni az adott inkubációs idő alatt. Ezzel a Kupffer-sejtek gyulladásos válaszreakciók szabályozásában betöltött központi szerepe is újabb megerősítést nyert, amely nem elhanyagolható gyulladáscsökkentő anyagok hatékonyságának *in vitro* vizsgálata során.

CZIMMERMANN ÁGNES ESZTER, BARNA RÉKA FANNI, MEGYGYESHÁZI NÓRA és PÁSZTINÉ GERE ERZSÉBET transzmembrán szerin-proteázok gátlását vizsgálták sejtrendszerekben. Kísérleteikben célul tűzték ki egy szintetikus 3-amidinofenilalanin alapvázú szelektív TMPRSS2 inhibitor, az I-432 gátlószert és a bélhám interakciójának jellemzését, valamint az inhibitor *in vitro* hatékonyságának meghatározását a metasztázisképződés gátlásában. Kísérletük során az I-432 hatásmódját nem tumorosan transzformált, sertés jejunális eredetű IPEC-J2 sejteken vizsgálták. Az I-432 inhibitor sejtekre gyakorolt toxikus hatását Neutral red, a hidrogén-peroxid mennyiségét Amplex red módszerrel határozták meg. A TMPRSS2 expresszióját immunfluoreszcens festéssel és Western blot módszerrel vizsgálták. A TMPRSS2 proteáz aktivitását fluorogén szubsztrát hozzáadásával fluoriméterrel mérték. A metasztázisgátlás megítéléséhez transzmigrációs kísérletekben humán emlőkarcinóma sejtvonalat, MDA-MB-231 sejteket használtak, amelyeket hCMEC/D3 humán agyi endothelsejtekre helyeztek. Az IPEC-J2 sejtek I-432 inhibitorral való kezelése nem okozott sejtpusztulást. Eredményeik alapján az I-432 inhibitor sikeresen gátolta a TMPRSS2 enzim tripszinszerű aktivitását a sejtek

felülúszójában, valamint csökkentette a TMPRSS2 aktív szerin-proteáz doménjének expresszióját IPEC-J2 sejtekben. Az I-432 gátlóhatása során nem emelkedett meg a hidrogén-peroxid-szint. A transzmigrációs mérés során megállapították, hogy a TMPRSS2 gátlószerek nem volt szignifikáns hatása az emlőkarcinóma-sejtek vándorlására az agyi endothelsejteken át.

JERZSELE ÁKOS, GYETVAI BÉLA, VERES ADRIENN MERCÉDESZ, LANG ZSOLT, VESZPRÉMI VANDA és GÁLFI PÉTER *Staphylococcus pseudintermedius* törzsek 8 napos sorozatpasszálásának hatását vizsgálták marbofloxacin, ill. a marbofloxacin-gentamicin (1 : 1) kombinációval szembeni rezisztencia alakulására. Vizsgálatuk célja az volt, hogy tanulmányozzák kutyákból izolált *S. pseudintermedius* törzsek érzékenységének csökkenését 8 napos, naponta egyszeri passzálást követően, szubinhibitoros koncentrációjú marbofloxacin, ill. gentamicin és marbofloxacin 1 : 1 arányú oldataiban vizsgálva. A vizsgálatokhoz 32 *Staphylococcus pseudintermedius* törzset használtak fel, melyeket kutyák bőr-, ill. fülgyulladásos eseteiből izoláltak. A szubinhibitoros koncentrációban alkalmazott marbofloxacin : gentamicin esetében mért MIC-értékek a sorozatpasszálás során alig növekedtek, szemben a csak marbofloxacin tartalmazó oldatban mért MIC-értékekkel, ahol az összes vizsgált törzs esetében jelentős MIC-növekedés volt tapasztalható. A kombinációnál ugyanakkor a törzsek 25%-ánál egyáltalán nem nőtt a MIC, nem fejlődött ki rezisztencia. A 8. napra a marbofloxacinban passzált törzsek esetében átlagosan 11,67-szeres, míg a marbofloxacin-gentamicin esetében átlagosan 3,0-szoros MIC-érték-növekedést tapasztaltak. A szimultán statisztikai próbával, 5%-os első fajta hiba mellett az első napon nem volt szignifikáns különbség ($p = 0.6570$) az önállóan és a kombinációban alkalmazott hatóanyagok között, a többi napon azonban kivétel nélkül a marbofloxacin trendje volt szignifikánsan nagyobb ($p < 0,0001$).

JERZSELE ÁKOS, VERES ADRIENN MERCÉDESZ, LUKÁCS KÁROLY, BALOGH TAMÁS és GÁLFI PÉTER kutyabőrgyulladás eseteiből izolált *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus pseudintermedius* és *Streptococcus canis* törzsek érzékenységét vizsgálták azitromicinre, mikonazolra és szulfametoxazolra, ill. ezen hatóanyagok szinergizmusát tesztelték. A MIC-értékek meghatározásához a mikrodilúciós módszert alkalmazták. A kombinációk esetében mindig 1 : 1 arányú keveréket használtak. *P. aeruginosa* esetében azitromicin (AZM) esetében a MIC-ek 2-128 µg/ml, szulfametoxazalnál (SMX) 32-256 µg/ml között voltak, mikonazol esetében (M) nem volt gátlóhatás. A MIC-értékek a kombinációkban az alábbiak adódtak: AZM + M 2-128 µg/ml között, AZM + SMX 2-128 µg/ml, míg SMX + M-nél minden törzs

rezisztensnek bizonyult > 256 µg/ml feletti értékekkel. *Staphylococcus*oknál a MIC-értékek a következők szerint alakultak. AZM esetében 0,125-32 µg/ml között, M esetében 1-4 µg/ml között, SMX esetében 8-32 µg/ml között. A kombinációk esetében jóval kisebb MIC-értékeket mértek, amelyek alapján szinergizmust tudtak igazolni. AZM + SMX kombinálásakor 0,03125-0,5 µg/ml közötti, AZM + M esetén 0,125-4 µg/ml közötti, ill. SMX + M esetében 1-4 µg/ml közé estek a MIC-értékek. A három hatóanyag együttes alkalmazásakor a MIC-értékek 0,25 és 0,5 µg/ml között voltak. *Streptococcus canis* vizsgálatokor AZM esetén 0,25-32 µg/ml közötti, SMX esetén > 256 µg/ml (teljes rezisztencia), M esetén 8-32 µg/ml között. A kombinációk vizsgálatokor AZM + SMX esetében 0,25-32 µg/ml között, AZM + M esetén 0,125-16 µg/ml között mozogtak a MIC-értékek, míg SMX + M esetében 8 µg/ml volt a MIC. A *P. aeruginosa* vizsgálatokor nem találtak szinergizmust, parciális szinergizmus előfordult. *Streptococcus*oknál ugyanakkor az AZT + SMX parciálisan szinergistának bizonyult, a másik két kombináció additív maradt. *Staphylococcus*ok esetében azonban AZM + SMX-nál 50%-ban szinergista és 12,5%-ban parciális szinergista volt a kombináció. AZM + M-nél 25%-ban szinergista és 9,4%-ban parciális szinergista volt. SMX + M-nél az addíció dominált. A tripla kombináció 47%-ban teljes szinergizmust mutatott *staphylococcus*ok ellen, antagónizmust egy törzsnél sem találtak.

KARANCSI ZITA, SZABÓ ANDREA, FARKAS ORSOLYA és GÁLFI PÉTER a kvercetin és metoxiszármazékainak oxidatív stresszre gyakorolt hatását vizsgálták IPEC-J2 sejteken. Céljuk az volt, hogy különbséget ismerjenek fel az egyes hatóanyagok között, és bizonyítsák a kvercetin jótékony hatását a LPS és H₂O₂ által indukált oxidatív stresszben. Neutral Red módszerrel vizsgálták, hogy a tesztvegyületek biztonságosan alkalmazhatók IPEC-J2 sejteken. Oxidatív stresszt LPS 10 µg/ml koncentrációjú oldatával, valamint H₂O₂ 0,5 mM-os oldatával váltottak ki. A kísérletben kvercetin (Q), tamarixetin (4'-o-metil-kvercetin, Q1m) és kvercetin-3,7,3',4'-tetrametil-étert (Q4m) 25 és 50 µM-os koncentrációban tesztelték. A kezelt sejteket redoxállapotát 24 óra elteltével DCFH-DA fluoreszcens próba alkalmazásával jellemezték. Az extracelluláris H₂O₂ szintjének meghatározását Amplex Red próbával végezték. A Q1m és Q4m származék 25 µM koncentrációban csökkentette a sejten belüli reaktív oxigénszármazékok (ROS) mennyiségét. Ugyanakkor 50 µM kezelés esetében a szabadgyökök szintjének emelkedését tapasztalták Q1m és Q4m kezelést követően, amely prooxidáns hatást valószínűsít. Az LPS kezelés a ROS-szint növekedését okozta, amelyre a kvercetinszármazékok nem voltak hatással. Hidrogén-peroxidos kezelés a metoxiszármazékok esetében

szintén ROS-csökkenéshez vezetett. Vizsgálataik alapján a kvercetin metoxiszármazékai alkalmasak lehetnek az oxidatív stressz káros hatásának kivédésére.

KOVÁCS DÓRA, PALÓCZ ORSOLYA, KARANCSI ZITA, CSIKÓ GYÖRGY és FARKAS ORSOLYA flavonoidok hatását vizsgálták a citokróm-P450 enzimrendszerre IPEC-J2 sejteken. Vizsgálataik során a bélhám citokróm P450 enzimeit *in vitro* kezelték két flavonoiddal (apigenin és származéka a trimetoxi-apigenin). A kísérlet során egészséges sertésjejunumból származó IPEC-J2 sejteket használtak. Az apigenint 25 μM és 50 μM koncentrációban, a trimetoxi-apigenint 25 μM koncentrációban alkalmazták. A sejteket ismert CYP induktorról (fenobarbitál 1 mM) és CYP gátlóhatású vegyületekkel is kezelték (50 μM naftoflavon + 25 μM ketokonazol). A CYP1A1, CYP1A2 és CYP3A29 enzimek aktivitását kemilumineszcens módszerrel követték nyomon. A CYP-gének kifejeződését qRT-PCR módszerrel vizsgálták. Vizsgálták továbbá a gyógyszer-interakció lehetőségét az apigenin és antipirin esetében. Kimutatták a CYP3A29 enzim aktivitását az IPEC-J2 sejtekben, míg a CYP1A1 és a CYP1A2 enzimek aktivitása nem volt detektálható. Ezzel szemben a transzkripció szintjén mindhárom vizsgált CYP-enzim kimutatható volt. Az apigenin mindkét koncentrációban és a 25 μM trimetoxi-apigenin egyaránt szignifikáns ($p < 0,05$) CYP3A29 gátlónak bizonyult. Az apigenin 50 μM koncentrációja 90% feletti valószínűséggel bizonyult hatékonyabb gátlónak, mint a 25 μM apigenin. A trimetoxi-apigenin nem mutatott erősebb gátlóhatást, mint a 25 μM apigenin. Ugyanakkor a trimetoxi-apigenin induktorról kombinálva szignifikáns CYP3A29 gátlóként viselkedett mind a kontrollhoz, mind a 25 μM apigenin + induktor kombinációhoz viszonyítva. Az antipirin gátlóhatást fejtett ki a CYP3A29 enzimre, mely hatás az apigenin és antipirin együttes alkalmazásakor tovább erősödött. A qPCR-vizsgálatok alapján megállapították, hogy az apigenin a CYP3A gén működését gátolta, míg a CYP1A1 génre 50 μM koncentrációban serkentő hatással bírt.

KÖVÁGÓ CSABA, JAKE OSTER-WEINBERGA, KISS ÉVA, VANCsik TAMÁS és GÁLFI PÉTER vizsgálataikban össze kívánták hasonlítani a modulált elektro-hipertermia (mEHT) 3D sejttenyészetre kifejtett hatását korábbi, *in-vivo* kísérleteik eredményeivel. A kísérletben Matrigél-alapú 3D szövetkultúrát hoztak létre egér-colon-adenocarcinoma eredetű C26-os sejtekből, és négy kísérleti csoportot alakítottak ki, HT (hipertermia), Non-cont mEHT, Cont-mEHT és egy kontrollcsoport. A mintákról a kezelések előtt és 24 órával később natív mikroszkópos, majd hematoxilin-eozinnal (H-E) festett metszeteket készítettek a sejtek morfológiájának, kapcsolatainak felderítése, valamint az élő és elhalt sejtek számának meghatározására.

Immúnhisztokémiai (IHC) festéseket végeztek a HSP60, HSP70 és BAX fehérjék mennyiségének, lokalizációjának megismerésére, ill. Tunel-vizsgálatot hajtottak végre az apoptotikus sejtek kimutatására, a sejtmagokat DAPI-val jelölték. A kultúrák natív képein a daganatsejtekre jellemző, fészkes sejtcsoportokat láttak, amelyek egymással sejtes hidakkal kapcsolódtak, és a tér minden irányába kiterjedtek. A H-E-festett metszetek vizsgálatakor a kezelt mintákban több piknotikus magot, ill. apoptotikus testet lehetett látni. Az IHC-vizsgálatok eredményeként a HSP70 fehérje felülregulációját figyelték meg a kezelt, különösen a „Cont-mEHT” mintákban. A Tunel assay apoptózisra utaló eredmény hozott a kezelt mintákban, és a BAX festés is megerősítette a nagyszámú apoptotikus sejt jelenlétét.

PALÓCZ ORSOLYA, FARKAS ORSOLYA, SZENTMIKLÓSI DIÁNA, NAGY TAMÁS és CSIKÓ GYÖRGY xenobiotikumok hatását vizsgálták házinyúl eredetű citokróm-P450 enzimrendszerre *in vivo* és *in vitro*. Vizsgáltuk célja volt *in vitro* modellrendszer kialakítása a citokróm enzimek vizsgálatára, valamint a rendszer ellenőrzése *in vivo*. Nyúl primer májsejtkultúrát hoztak létre, majd a vizsgált CYP450 enzimekre (CYP1A1, CYP1A2, CYP3A6) specifikus indukáló- (0,5 mM fenobarbitál) és gátlószerekkel (50 μM alfa-naftoflavon, 25 μM ketokonazol), ill. 25 és 50 μM koncentrációjú apigeninnel (flavonoid) egy órán át kezelték a hepatocytatenyészeteket. Továbbá, 12 új-zélandi fehér nyulat három csoportra osztva (kontroll, indukált, gátolt) három napon át kezelték 80 mg/ttkg fenobarbitállal, valamint 40 mg/ttkg ketokonazzal. A harmadik kezelési napon a májakat eltávolították, majd elvégezték a mikroszóma-szeparálást. Az enzimaktivitásukat a kemilumineszcencia módszerével, a citokróm gének kifejeződését, a transzkripció szintjén qRT-PCR-rel mutatták ki. A fenobarbitál mind *in vitro*, mind *in vivo* serkentőként hatott mindhárom vizsgált CYP-enzim aktivitására. A ketokonazol *in vitro* körülmények között erősen gátolta a CYP1A1, valamint a CYP3A6 enzimek aktivitását, amely hatás a CYP3A6 izoenzim esetén *in vivo* is megegyező volt, azonban a CYP1A1 esetében aktivitásnövekedés jelentkezett. Az mRNS szintjén azonban a ketokonazol fokozta a CYP1A1, valamint a CYP3A6 gének expresszióját *in vitro*. A fenobarbitál hatására mindhárom izoenzim génexpressziója növekedett. Az *in vitro* alkalmazott apigenin mindkét koncentrációjában gátlószerként hatott a CYP1A2 és a CYP3A6 izoenzimek aktivitására.

SOMOGYI ZOLTÁN, PALÓCZ ORSOLYA és CSIKÓ GYÖRGY béta-glükán hatását vizsgálták baromfikolera-vakcina védőhatására. A béta-1-3,1-6-glükán (β -glükán) a *Saccharomyces cerevisiae* sejtfalából nyert természetes poliszacharid, amelynek az immunrendszerre több ponton kifejtett serkentőhatása támogathatja a természetes és szerzett immunválaszt. Ennek igazolására végezték az alábbi vizsgálatot. Kísérletükben 50,

napos korú házityúkot 5 csoportra osztottak: kontrollcsoport, előkezelt kis és nagy dózisu, valamint elő- és utókezelt kis és nagy dózisu csoportok (5 mg/ttkg és 50 mg/ttkg β -glükán). A vakcinázást 4 hetes korban végezték. A β -glükán vakcinázásbefolyásoló hatását a csirkék vérből mért *P. multocida* ellen képződött ellenanyag-titer-szintek változásán keresztül vizsgálták, amelyet ELISA diagnosztikai teszt segítségével határoztak meg. Vizsgálatuk eredményei azt mutatták, hogy a β -glükán hatására a baromfikolera elleni vakcina

hatására kialakult ellenanyag-szintek egyenletesebbnek bizonyultak a kontrollcsoporttal összehasonlítva. Az 50 mg/ttkg β -glükánnal kezelt mindkét csoportban és az 5 mg/ttkg adaggal 10 napig kezelt valamennyi egyedben kialakultak a védettség kialakulásához szükséges ellenanyag-titer-szintek, míg a kezelést nem kapó csoportban elégtelen eredményeket is kaptak.

**Dr. Petrilla Janka, Dr. Jakab Csaba
és Dr. Jerzsele Ákos**

HELYREIGAZÍTÁS

A szerző ezúton kéri a Lap 2016. júniusi számában megjelent "*Collyriclum faba* (Bremser, 1831) mótelyfaj előfordulása szigetközi és Rábca menti tőkésrécékben" c. Szerkesztőségnek írt levele tartalmának utólagos helyreigazítását.

"A vizsgált paraziták ismételt morfológiai vizsgálata során egyértelművé vált, hogy azok valójában nem

mótelyek, hanem sarcocystis-tömlők. Számolva azzal hogy vadkacsánál találták, így feltehetően a *Sarcocystis rileyi* faj előfordulását észlelték. A szerző az elhamarkodott diagnózisért ezúttal kérek elnézést mind a Szerkesztőségtől, mind pedig a Tisztelt Olvasótól!"

Prof. Dr. Egri Borisz