

## Parazitológia és állattan

A szekcióban 19 előadást jelentettek be, ami megfelelt a korábbi évek átlagának. A szekció társelnökei BASKA FERENC, FARKAS RÓBERT és HORNUNG ERZSÉBET voltak.

SZÉLL ZOLTÁN, MARUCCI GIANLUCA, TOLNAI ZOLTÁN, POZIO EDOARDO és SRÉTER TAMÁS: *A Trichinella-fajok hazai elterjedtsége c.* előadásukban a 2003/99/EK irányelv szerint kötelező *Trichinella*-monitoringprogram eredményeiről számoltak be. Ennek keretében 2006–2014 között a hazai becsült róka-populáció 5%-ából gyűjtöttek izommintát. Ebben az időszakban a hazai vágóhídi vizsgálóhelyek több mint 25 millió sertés és 320 ezer vaddisznó *Trichinella*-vizsgálatát végezték el. A rókáktól származó, ill. a vágóhídi *Trichinella* pozitív minták esetében emésztéses módszerrel meghatározták a fertőzöttség intenzitását és multiplex PCR-rel elvégezték az izolátumok faji azonosítását. *Trichinella*-fertőzést a közfogyasztásra levágott sertések vizsgálata során nem találtak. Ugyanakkor egy családi járványkitörés kapcsán négy háztáji sertés *Trichinella spiralis* fertőzöttségét állapították meg. A vaddisznókban a trichinellák előfordulási gyakorisága 0,016%, a rókákban 2,1% volt. Mindkét gazdafajban a *Trichinella britovi* fertőzöttség dominált, a *T. spiralis* ritkábban fordult elő, *Trichinella pseudospiralis* fertőzöttséget egy-egy egyedben mutattak ki. A paraziták térbeli eloszlása szélsőségesen egyenlőtlen volt, a *T. britovi* izolátumok többsége közp-hegységeinkből, a *T. spiralis* izolátumok pedig túlnyomórészt a déli és keleti határvidékről származtak. A *T. britovi* fertőzöttség esetében a térinformatikai elemzés a nem mezőgazdasági területekkel és az évi középhőmérséklettel mutatott ki kapcsolatot. E kapcsolat egyrészt a rezervoár gazda rókák nem mezőgazdasági területeken való generalista táplálkozási viselkedésével, azaz nagyobb dögevési hajlandóságával magyarázható. Másrészt a hőmérséklet csökkenésével nő a dögevési hajlandóság és a trichinellák túlélési ideje a hullákban. A térinformatikai elemzés a rókák, ill. a vaddisznók *T. spiralis* fertőzöttsége és a környezeti tényezők között nem mutatott ki összefüggést. Ugyanakkor az országhatár közelsége és a rókák, ill. vaddisznók fertőzöttsége között szoros összefüggés volt. Mindezek alapján úgy tűnik, hogy a *T. spiralis* hazai előfordulása a környező endémiás országokból a vadon élő állatokkal határon át való átvitelétől függ. Ez jelentős járványtani kockázatot jelent hazánk számára.

SRÉTER TAMÁS, SZÉLL ZOLTÁN, POZIO EDOARDO és a körvizsgálati résztvevők: *Trichinella-lárvák mesterséges emésztéssel való kimutatására irányuló 2014. évi jártassági körvizsgálatok tapasztalatai c.* előadásukban a 882/2004/EK rendelet által kötelezően előírt körvizsgálatokról

számoltak be. A szerzők 2011 óta minden évben jártassági körvizsgálatot szerveztek a nagy mintaszámú *Trichinella*-vizsgálóhelyek számára, az összes hazai vizsgálóhelyet először 2014-ben vonták be a körvizsgálatba. A jártassági körvizsgálat célja a részt vevő vizsgálóhelyek kompetenciájának értékelése. A körvizsgálatban érintett 114 vizsgálóhely többsége ( $n = 58$ ) nem ért el megfelelő eredményt annak ellenére, hogy egy részük ( $n = 47$ ) már korábban is részt vett a körvizsgálatokban, ill. továbbképzéseken. A körvizsgálati kiírások során nem megfelelő eredményt elért vizsgálóhelyek számára a módszer kritikus pontjait ismertető anyagot, valamint ellenőrző mintákat biztosítottak. Ezt követően ismételt jártassági körvizsgálatot szerveztek. Az ismételt jártassági körvizsgálaton nem megfelelő eredményt elért vizsgálóhelyek ( $n = 30$ ) számára gyakorlati továbbképzést rendeztek, újabb ellenőrző mintákat biztosítottak, majd számukra ismételt jártassági körvizsgálatot szerveztek. A második ismételt körvizsgálatban a vizsgálóhelyek közül már csak kisszámú ( $n = 12$ ) vizsgálóhely teljesítménye volt nem megfelelő. E vizsgálóhelyek többségénél az eszközök nem megfelelősége állhat a háttérben. A körvizsgálatok egyértelműen rámutattak, hogy a vizsgálóhelyek többsége a módszer kritikus pontjainak ismerete és a megfelelő képzés nélkül nem képes a trichinellák európai uniós követelményeknek megfelelő kimutatására. Mindezek és egyes környező országok aggodalomra okot adó járványtani helyzete miatt a *Trichinella*-vizsgálóhelyek minőségbiztosítási rendszereinek kiépítése kiemelkedően fontos hazánk járványvédelme szempontjából.

SZÉLL ZOLTÁN, CASULLI ADRIANO, TOLNAI ZOLTÁN, POZIO EDOARDO és SRÉTER TAMÁS: Az *Echinococcus multilocularis* hazai elterjedtsége c. előadásukban a 2003/99/EK irányelv szerint kötelező *Echinococcus multilocularis* monitoringprogram eredményeiről számoltak be. A béltartalom dekantálásával 2008–2009, ill. 2012–2013 között a hazai becsült rókapopuláció 1–1%-ának *E. multilocularis* fertőzöttségét vizsgálták. Az *E. multilocularis* előfordulását 16 megyében és Budapesten állapították meg. A fertőzöttség átlagos prevalenciája a két vizsgálati periódusban 10,7%, ill. 7,9%, a fertőzöttség átlagos intenzitása 746, ill. 243 féreg/róka volt. Az *E. multilocularis* területi eloszlása szélsőségesen egyenlőtlen volt, a fertőzött egyedek többsége az Északi-középhegységből és az Észak-Dunántúlról származott. A mikroszatellit-elemzés az öt európai profil közül négy hazai jelenlétét mutatta ki. Hazánkban a H profil volt a domináns (55%), a többi profil előfordulási gyakorisága jóval alacsonyabb volt. A genetikai és a földrajzi távolság között nem volt összefüggés. Az eredmények arra utalnak, hogy hazánk az európai endémiás góc perifériás területe, ahova a parazita a közelmúltban terjedt, és számottevő genetikai

sodródás még nem alakult ki. A rókák *E. multilocularis* fertőzöttsége és a környezeti tényezők vizsgálata során a térinformatikai elemzés az évi középhőmérséklettel és az évi csapadékmennyiséggel mutatott ki kapcsolatot. Ez az *E. multilocularis* peték magas hőmérsékletre és kiszáradásra való érzékenységevel magyarázható. Annak ellenére, hogy 2002-től 2009-ig a parazita terjedése volt hazánkban megfigyelhető, a két vizsgálati periódus között a prevalencia és az intenzitás nem változott szignifikáns mértékben. Ennek magyarázata, hogy 2012–2013 az utóbbi száz év egyik legszárazabb időszaka volt, ami az *E. multilocularis* peték kiszáradásra való érzékenysége miatt nem kedvezett a parazita terjedésének. A parazita 2002-ben való megjelenése, majd gyors hazai terjedése aggodalomra ad okot, mert az általa okozott humán alveoláris echinococcosis az északi félteke legveszélyesebb parazitozoonózisa.

CASULLI ADRIANO, INTERISANO MARIA, SZÉLL ZOLTÁN, SRÉTER TAMÁS és POZIO EDOARDO: Az *Echinococcus granulosus sensu lato* genotípusok hazai elterjedtsége – előzetes adatok c. előadásukban a 2003/99/EK irányelv szerint kötelező *Echinococcus granulosus* monitoringprogram előzetes eredményeiről számoltak be. A vágóhídi rutin húsvizsgálatok során fertőzöttnek talált szerveket a hatósági állatorvosok a szerzőknek továbbították, akik morfológiai vizsgálatokkal támasztották alá a húsvizsgálati lelet helyességét, meghatározták a ciszták lokalizációját, számát, méretét és fertőzőképességét. A faj-, ill. a genotípus-meghatározás mitokondriális DNS (cox1 gén) szekvenciaelemzésével történt. A szarvasmarhából származó összes izolátumot *E. granulosus sensu strictoként* (G1 és G3 genotípus) azonosították. A ciszták zömmel a tüdőben helyezkedtek el, bennük degeneratív elváltozások voltak megfigyelhetők, és az állatok túlnyomó többségében nem voltak fertőzőképesek. A sertésből származó minták esetében a diagnózist csak négy esetben tudták alátámasztani, további tíz esetben cysticercosis tenuicollist állapítottak meg. A sertésizolátumok többségét *E. canadensisként* (G7 genotípus), egyet pedig *E. granulosus sensu strictoként* (G1 és G3 genotípus) azonosították. A ciszták a májban helyezkedtek el, részben degeneratív elváltozásokat mutattak. Az *E. canadensis* ciszták fertőzőképesek voltak. A juhból gyűjtött izolátumokból egyet *E. granulosus sensu strictoként* (G1 genotípus), egyet pedig *E. canadensisként* (G6 genotípus) azonosítottak. A ciszták a tüdőben és a májban helyezkedtek el, degeneratív elváltozásokat nem mutattak, és fertőzőképesek voltak. Az izolátumok döntő többsége hazánk Dunától keletre eső régiójából származott. Az eddigi eredmények (*E. canadensis* jelenléte és az *E. ortleppi* hiánya) alapján úgy tűnik, hogy az *E. granulosus sensu lato* járványtana hazánkban eltér a Nyugat-Európában megfigyelttől.

A vizsgált izolátumok kis száma miatt további vizsgálatok szükségesek a parazitozoonózis hazai járványtanának alaposabb megismeréséhez és az eredményesebb védekezés megszervezéséhez.

HORNOK SÁNDOR, KONTSCHÁN JENŐ, ISABEL G. FERNÁNDEZ DE MERA, KOVÁTS DÁVID, KOVÁCS RICHÁRD, ANGYAL DOROTTYA, GÖRFÖL TAMÁS, KALMÁR ZSUZSA, ANDREI MIHALCA, AGUSTÍN ESTRADA-PENA ÉS JOSÉ DE LA FUENTE: *Van még új a föld alatt: egy tudományra nézve új kullancsfaj, az Ixodes ariadnae sp. nov. felfedezése hazánkban* c. előadásukban a címben szereplő új denevérkullancs leírásáról számoltak be. Európában, így hazánkban is, eddig két, denevér-gazdakörhöz adaptálódott kullancsfajt ismertek. Az egyik a hosszú lábú denevérkullancs, az *Ixodes vespertilionis*, a másik pedig a rövidebb lábakkal és tapogatókkal rendelkező *Ixodes simplex*. Az *I. vespertilionis* tér- és időbeli előfordulásának tanulmányozásához több mint ötszáz kullancsot gyűjtöttek barlangok faláról, ill. denevérekről. Morfológiai vizsgálatuk során találtak néhány olyan egyedre, amelyek eltértek mindkét, eddig ismert európai denevér-kullancsfajtól, többek között mivel lábuk hosszú volt (akár az *I. vespertilionis* fajú), tapogatójuk viszont rövid (mint az *I. simplex* fajú). Amikor e morfológiailag különböző kullancsokat denevérekről gyűjtötték, úgy tűnt, preferált gazdaspektrumukban szintén eltérnek a két, korábban leírt fajtól. A citokróm-c-oxidáz (COI), 12S és 16S rDNS gének elemzése igazolta, hogy a morfológiailag különbözőnek talált faj genetikailag is eltér mind az *I. vespertilionis* fajtól, mind az *I. simplex* fajtól. Az új faj a Nyugat-Pilisben húzódó Ariadne-barlangrendszer után (ahol első egyedeit találták) az *I. ariadnae* nevet kapta. Egy további vizsgálattal az is kiderült, hogy az új kullancsfaj subolesin génje és fehérjéje hosszabb más kullancsfajokénál, így törzsfeljődési, evolúciós szempontból az *I. ariadnae* feltételezhetően ősi faj.

FLAISZ BARBARA, KOVÁTS DÁVID, JAKSA BIANKA REGINA, CSÖRGŐ TIBOR, CSIPAK ÁRMIN ÉS HORNOK SÁNDOR: *A madarak kullancsfertőzöttsége egy hosszú távú hazai felmérés tükrében* c. előadásukban egy hároméves, 49 fajba tartozó, 1198 – elsősorban passeriform – madárra kiterjedő monitoringprogramról számoltak be, amely során 3413 kullancsot gyűjtöttek. A kullancsok többsége *Ixodes ricinus*, valamint *Haemaphysalis concinna* lárva és nimfa volt. Az *I. ricinus* a jellemzően földről táplálkozó madárfajokon volt szignifikánsan gyakoribb, míg a *H. concinna* a föld felett táplálkozókon. Ez utóbbi faj a hazánkra jellemző aktivitási periódusához képest már két hónappal korábban megjelent a madarakon. *Ixodes frontalis*ból, amely egy jellemzően ornithophag, hazánkban ritka faj, 48 egyedre sikerült gyűjteni. Ezek mind a négy évszakban előfordultak, és a legtöbb *I. frontalis* vörösbegyőről szárm-

azott. *Hyalomma* nimfából szintén három példányt gyűjtöttek mezei posztáról. Ezen felül találtak két *Ixodes eldaricus* és egy *Ixodes lividus* nőtényt is. Míg ez utóbbi jellemző kullancsfaja a parti fecskének, addig az *I. eldaricus* hazánkban való előfordulását, tudomásuk szerint eddig még nem írták le.

SZEKERES SÁNDOR, RIGÓ KRISZTINA, MAJOROS GÁBOR, ELENA CLAUDIA COIPAN, SETAREH JAHFARI, HEIN SPRONG ÉS FÖLDVÁRI GÁBOR: *Borrelia miyamotoi és a Lyme spirochaeták ökológiai és járványtani vizsgálata hazánk egyik kedvelt vadászterületén* c. előadásukban a borreliák természetes ciklusának tanulmányozásáról számoltak be rágcsálókban Gemencen. A rágcsálókat módosított Sherman-csapdával, a kullancsokat zászlózással gyűjtötték a növényzetről. A kisemlősökről túllaltatás után eltávolították az összes ektoparazitát, és 177 lép-, ill. 348 bőrmintát vettek belőlük. A mintákat multiplex valós idejű polimeráz láncreakcióval (qPCR) vizsgálták a kórokozók flagellin (flaB) génjére. Ezt követően konvencionális PCR-rel és szekvenálással is megvizsgálták a mintákat. Elsőként számoltak be a *Borrelia miyamotoi* egy új, emberre is veszélyes, visszatérő lázat okozó, kullancs által terjesztett spirochaeta előfordulásáról hazánkban. A *B. miyamotoi* a rágcsálók 0,2%-ból (bőr), ill. 0,5%-ból (lép), a *Borrelia burgdorferi* sensu lato baktériumot a rágcsálók 6,6%-ból (bőr), ill. 2,2%-ból (lép) mutatták ki. A visszatérő lázat okozó spirochaetákat sárganyakú erdeiegerben, a *B. burgdorferi* s.l. baktériumokat Apodemus-fajokban és vöröshátú erdeipocok mintákban találták meg. A sárganyakú erdeiegekben a *B. burgdorferi* s.l. prevalencia szignifikánsan magasabb volt, mint a pírók erdeiegekben. A növényzetről gyűjtött *Ixodes ricinus* egyedekben a *B. burgdorferi* s.l. prevalenciája (23,5%) szignifikánsan magasabb, mint a *B. miyamotoi* prevalenciája (2,9%). A rágcsálókról eltávolított kullancsokban 6,6%-ában *B. burgdorferi* s.l. és 1,1%-ában *B. miyamotoi* fertőzést találtak. Az *I. ricinus*ból mindkét kórokozó (*B. burgdorferi* s.l. 9,7%, *B. miyamotoi* 4,8%), *Ixodes acuminatus*ból csak a *B. burgdorferi* s.l. baktériumok jelenlétét igazolták (8,9%). Eredményeik alapján a fészeklakó *I. acuminatus* kullancsok jelentős szerepet játszanak az ún. endofil kórokozó ciklusban. A visszatérő lázat és a Lyme-kórt okozó baktériumok valós veszélyt jelenthetnek az erdei élőhelyeken a kiemelt veszélyeztetett embercsoportokra, mint a vadászok, erdészeti dolgozók és túrázók.

GAJDOS MÓNKA, SZEKERES SÁNDOR ÉS FÖLDVÁRI GÁBOR: *Rezervoárja-e a keleti sün a Borrelia burgdorferi sensu lato baktériumoknak?* c. előadásukban a keleti sün *Borrelia burgdorferi* sensu lato baktériumok fenntartásában játszott rezervoár szerepének kísérletes vizsgálatáról számoltak be. Menhelyi sünek fülbiopsziás szövetmintáit vizsgálták molekuláris módszerekkel

*B. burgdorferi* s.l. fertőzöttségre. A fertőzött egyedek közül kettőt választottak ki a xenodiagnosztikai kísérletekhez, amelyekben PCR-vizsgálattal és szekvenálással azonosították a *Borrelia afzelii* fertőzést. A kísérlet során SPF-tenyészetből származó *Ixodes ricinus* lárvákat helyeztek el a fertőzött sünökön, amelyeket a vérszívás után összegyűjtöttek, majd megvárták, hogy megtörténjen a vedlés, és nimfává alakuljanak. A kísérlet során az egyik fertőzött sünről 40, a másíkról pedig 64 vérrel teleszívott kullancslárvát gyűjtöttek össze. A lárvák vedlését követően elvégzett PCR-vizsgálat során egyik esetben sem mutattak ki *B. burgdorferi* s.l. fertőzést a kullancsokban. Mivel előkísérleteik során nem tudták bizonyítani a keleti sün rezervoár szerepét a *B. burgdorferi* s.l. baktériumok járványtanában, így a jövőben további kutatások szükségesek a kérdéskör vizsgálatára, ill. a vizsgálati módszerek tökéletesítésére.

JUHÁSZ ALEXANDRA ÉS MAJOROS GÁBOR: *A felszindúsítás során identifikált peték DNS kivonáshoz történő koncentrációja* c. előadásukban a szarvasok *Schistosoma turkestanicum* okozta vérmételykórjának vizsgálatához szükséges peték bélsárból és májszövetből való kinyerésének lehetőségéről számoltak be. Módszerükben a szarvashullatékot vízzel elkeverték, és egy 0,5 mm lyukátmérőjű szűrőn átmosták. Ezt követően a mintát állni hagyták néhány percre, majd többször dekantálták. Az üledéket centrifugacsövekbe töltötték, és 2-3 perces centrifugálás után a vizet leöntötték róla. A centrifugacsövekben maradt üledéket kevés dúsítóoldattal reszuszpendálták, majd a csöveket feltöltötték dúsítóoldattal. Újabb 2-3 perces centrifugálás után a felülúszó réteget egy desztillált vizet tartalmazó ülepítő pohárba öntötték. A karbonátok formájában kicsapódó sókat híg szerves savval oldották, és a petéket pipettával kinyerték az ülepítő pohár aljáról. A májszövetet turmixgépben szuszpendálták, különböző lyukméretű szitákon keresztül átszűrték, majd a bélsárhoz hasonlóan dolgozták fel. 512 szarvashullaték minta és 61 máj feldolgozása során mindössze 10 mintában találtak felismerhető *S. turkestanicum* petéket. A peték nehezen ismerhetők fel a felszindúsított anyagban, de a vizsgálati anyagból kigyűjtött peték, kis mennyiségű idegen anyaggal keverten, viszonylag tisztán kinyerhetők voltak.

NAGY GÁBOR, ZSOLNAI ATTILA, CSIVINCSIK ÁGNES ÉS SUGÁR LÁSZLÓ: *A benzimidazol rezisztenciát okozó nukleotid-polimorfizmus előfordulása dél-dunántúli kerdőz állományokban* c. előadásukban juhából ( $n = 30$ ), vadaskerti gímszarvasból ( $n = 20$ ) és őzből ( $n = 43$ ) származó *Haemonchus contortus* izolátumok benzimidazolokkal szembeni rezisztenciájának vizsgálatáról számoltak be. Tekintettel arra, hogy a leggyakrabban a  $\beta$ -tubulin

gén 1. izotípusának 200. kodonján előforduló mutáció (nukleotid-polimorfizmus, SNP) hozható összefüggésbe a rezisztenciával, ezért ezt a nukleotid-polimorfizmust vizsgálták. Homozigóta-érzékeny genotípust juhban és vadaskerti gímszarvasban nem találtak, őzben az izolátumok 51%-a tartozott e csoportba. A heterozigóta genotípus aránya a három fajban hasonló volt (30, 40 és 28%). Juhban és vadaskerti gímszarvasban a homozigóta-rezisztens genotípus volt a leggyakoribb (70% és 60%). Őzben e genotípus aránya csak 21% volt. A megfigyelt genotípus arányok juhban és vadaskerti gímszarvasban – feltételezéseik szerint – az átgondolatlan benzimidazol-használattal és a mikroszomális májenzimek egyes fajokban tapasztalható fokozott működésével magyarázhatók.

FORRÓ BARBARA, ESZTERBAUER EDIT: *A Myxobolus pseudodispar nyálkaspórák halparazita gazdafajlagosságának kísérletes vizsgálata* c. előadásukban ismertették legújabb kísérleti eredményeiket. Kutatásuk célja a vizsgálata volt, hogy a parazita eredeti gazdjából, a bodorkából származó *M. pseudodispar* vonal képes-e más fogékonyak tartott halfajt is megfertőzni. A kísérlethez használt parazita *in vivo* laboratóriumi rendszerekben fenntartott és molekuláris módszerekkel rendszeresen ellenőrzött tenyészetből származott. Az első kísérlet során laboratóriumi körülmények között nevelt, parazitamentes bodorkát, dévérkeszeget, vörösszárnyú keszeget, a második alkalommal pedig bodorkát és vörösszárnyú keszeget fertőztek egyedenként. A halakat 3 hónapon keresztül azonos körülmények között tartották. Ezt követően egyedenként homogenizálták a kísérleti halakat, és mikroszkóposan számolták a homogenizátumokban található parazita myxospórákat. Az adatokat statisztikailag értékelték.

Igen magas, 80-90%-os prevalenciát tapasztaltak bodorkákban mindkét kísérlet során. Dévérkeszegek esetében 25%-os prevalenciát figyeltek meg, a fertőzöttség intenzitása viszont jelentősen elmaradt a bodorkáknál tapasztaltaktól. A vörösszárnyú keszegek egyáltalán nem fertőződtek a bodorkából nyert *M. pseudodispar*al. Kísérleti eredményeik azt mutatják, hogy a bodorkát fertőző *M. pseudodispar* genetikai vonalra a vörösszárnyú keszeg nem fogékony, ezért valószínűsíthető, hogy két halfajból származó parazitaizolátumok faji szintű elkülönüléséről van szó, amit a korábbiakban kimutatott genetikai különbségek is feltételeztek. A dévérkeszeg, ami közelebbi rokonságban áll a bodorkával, mint a vörösszárnyú keszeg, fogékonyak mutatkozott ugyan a bodorkából származó parazitavonalra, de jóval kisebb mértékben, mint a parazita eredeti gazdája. Ez szintén megkérdőjelezi, hogy egy parazitafajról van szó, sokkal inkább a gazdaváltást követő fajképződés folyamatát jelzi.

GUTI CSABA FERENC, ESZTERBAUER EDIT: *Négy halfaj fogékony-ságának kísérletes vizsgálata a darakórt okozó Ichthyophthirius multifiliis parazitára* c. előadásukban a különféle halfajok darakórt okozó csillós egysejtű halparazitára, az *Ichthyophthirius multifiliis*re való fogékony-ságának különbségeiről számoltak be. Vizsgálatuk során pontyot (*Cyprinus carpio*), bodorkát (*Rutilus rutilus*), vörösszárnyú keszeget (*Scardinius erythrophthalmus*) és zebra-dániót (*Danio rerio*) fertőztek kísérleti körülmények között. A parazitát hazai halgazdaságokból, ill. akvarisztikai üzletekből szerezték be, majd pedig *in vivo* rendszerben szaporították a kísérlethez szükséges parazitamennyiség eléréséhez. A fertőzéshez használt parazitaszámokat a halak testfelületének függvényében határozták meg. A fertőzés intenzitását és a parazita lokalizációját mikroszkópos vizsgálattal határozták meg. Kísérleteikben a zebra-dániónál egy alkalommal, vörösszárnyú keszeg esetében pedig egyáltalán nem tapasztaltak fertőzést. Sikeresen fertőzték a bodorkákat, ugyanakkor a fertőzés intenzitása elmaradt a pontyoknál tapasztalttól. Eredményeik azt mutatják, hogy a négy halfaj közül a ponty bizonyult a leginkább fogékony-nak, ezáltal alkalmas lehet a parazita *in vivo* laboratóriumi fenntartására további vizsgálatokhoz. A vörösszárnyú keszeg és a bodorka halgazdaságokban is előforduló halfajok, melyeket ragadozó halak tenyésztésekor táplálékállat-ként is használnak. Eredményeik alapján megfontolandó, hogy a ragadozóivadékok sikeresebb nevelése érdekében a darakórnak ellenállóbb fajt válasszanak a gazdaságok. Különösen érdekes lehet ez a szürke harcsa (*Silurus glanis*) esetében, mely a halgazdasági tapasztalatok szerint különösen érzékeny az *I. multifiliis* fertőzésre. Ennek kísérletes igazolása további terveik között szerepel.

CECH GÁBOR, MOLNÁR KÁLMÁN, SZÉKELY CSABA: *Petasiger és Paryphostomum metacercariák előfordulása pontyfélék oldalvonal szervében* c. előadásukban vízimadarakból gyűjtött kifejlett mótelyek és halakban előforduló mótely metacercariák kimutatásáról és DNS szintű azonosításáról számoltak be. Bodorka és vörösszárnyú keszeg oldalvonal menti pikkelyeinek érzőszerveiből *Echinostomatidae metacercariákat* sikerült izolálniuk nagy számban. Tüskeszorójuk alapján a metacercariák a kormoránok belében élősködő *Petasiger*-, illetve *Paryphostomum*-mótelyek lárvastádiumaira hasonlítottak. A metacercariák között két típust különítettek el. Az egyik típusnak 8 nagyobb oldaltüskéje és 19 kisebb, egyenlő méretű gallértüskéje volt, míg a másik típusnak a gallértüskéi között 3 nagyobb tüske volt található. A véletlenszerűen kiválasztott metacercariák molekuláris vizsgálata során a kapott szekvenciák megegyeztek a génbankban található *Petasiger phalacrocoracis* faj szekvenciáival. A Balatonon, illetve a Hortobágyon lőtt kormoránok beléből adult mótelyeket gyűjtöttek, vala-

mint a halakból első és második típusú metacercariákat izoláltak. Az adult példányok morfológiájuk szerint 3-féle típusba voltak sorolhatóak, ebből egyet *Paryphostomum* sp.-ként határoztak meg, a másik kettőt pedig *Petasiger* sp.-ként. Méreteiket tekintve két *Petasiger* faj jól elkülönült egymástól. Közülük morfológiai jellemzőik alapján a kisebb faj a *P. phalacrocoracis*, a nagyobb faj a *P. exaeretis* fajjal volt azonosítható. A továbbiakban molekuláris módszerekkel vizsgálták a mintákat (7 db adult mótely és 6 metacercaria), és génbanki referenciaszekvenciák alapján az ITS régió szekvenálását végezték el. Az adult mótelyekből és metacercaria-mintákból végzett molekuláris vizsgálataik azt mutatták, hogy az egyenlő gallértüskékkel rendelkező metacercaria-típus szekvenciái (3 db) azonosnak bizonyultak a *Petasiger phalacrocoracis* génbanki szekvenciájával, illetve egymással. Ezen felül megegyezést mutattak az általunk *Petasiger phalacrocoracis*-ként meghatározott 2 adult mótely szekvenciáival. Az egyik egyenlő gallértüskés metacercaria szekvenciája jelentős mértékben eltért az előbbi 3 mintától, ugyanakkor megegyezett 2 db adult *Petasiger exaeretis* mótely szekvenciájával. A *Paryphostomum*-ként azonosított adult mótelyek (3 db) az ITS-szekvenciák alapján a *Paryphostomum radiatum* fajba tartoztak, viszont ebbe a fajba tartozó metacercariákat nem találtak. Az eltérő gallértüskés metacercaria-típus szekvenciái (2 db) jól elkülöníthetőek voltak az egyenlő gallértüskés típusúktól, de a génbanki referenciák között sem sikerült azonosítást találni, valamint nem voltak rokoníthatók a kormoránból izolált *Petasiger exaeretis*, ill. *Paryphostomum radiatum* adult példányaival sem, így pontos faji identifikációjuk egyelőre függőben van.

MOLNÁR KÁLMÁN, MAJOROS GÁBOR, CECH GÁBOR, SZÉKELY CSABA: *A kopolyúlemezek torzfejlődése Echinochasmus metacercariák megtelepedése nyomán vágó durbincsbán* c. előadásukban egy a vágó durbincs kopolyúlemezein megfigyelhető különleges fejlődési rendellenességről számoltak be, ami metacercaria-fertőzöttséggel volt összefüggésbe hozható. Vizsgálataik során gyakran mutattak ki haleyő madarakban, mint végleges gazdáiban, élősködő mótelyek metacercariáit halak különböző szerveiből. Közülük több halfaj kopolyújáról is gyakran regisztráltak egy viszonylag kisméretű Echinostomatida metacercariát, melyet egy közelebről meg nem határozott *Echinochasmus*-faj metacercariájával azonosítottak. Az élősködő közelebbi vizsgálata során megállapították, hogy ez a faj a kopolyúlemezekben mindig a porcban vagy ahhoz tapadva helyezkedik el. A megtelepedett metacercariát minden esetben egy vékony, porcszerű kollagénréteg és egy vastagabb tömött rostos kötőszöveti réteg vette körül. Balatonból származó vágó durbincsekben, melyekben rendszerint intenzív fertőzés alakult ki, azt észlelték, hogy mintegy minden ötödik

metacercaria megtelepedésének helyén a kopolyúlemez két egyenlő lemezegységre vált szét. Az újonnan képződött lemezek szövettani szerkezete mindenben megegyezett az egészséges lemezek szerkezetével. Mivel a lemezek osztódása a középtájékon történt meg, ezért feltételezték, hogy az osztódást generáló patogén hatás, azaz a cercariák megtelepedése, vizsgálataikat megelőzően ment végbe, s a különvált lemezdarabok abnormálisan növekedtek tovább. Hasonló teratogén hatást korábban kételtűekben észleltek a *Ribeiroia ondatrae* nevű mótely metacercariáinak megtelepedése során. Ez utóbbiak az ujjak számának multiplikációját okozták. Az elváltozásokat okozó *Echinochasmus*-faj meghatározásához adult példányok begyűjtésére lenne szükség. További munkáik a metacercariák molekuláris vizsgálatára és a kapott szekvenciáknak génbanki adatokkal való összevetésére irányulnak.

ÁCS KORNÉL, KEMENSZKY PÉTER, SUGÁR LÁSZLÓ: Az arany-sakál szerepe, természetvédelmi és vadgazdálkodási jelentősége c. előadásukban az arany-sakál (*Canis aureus* L.) elszaporodásával hozták összefüggésbe a vadállomány számának csökkenését a Dráva mentén. Az arany-sakált a Kárpát-medencében őshonos fajnak tekintik. Eredeti előfordulási viszonyairól azonban kevés a megbízható adat, leírás. A szerzők kiemelték, hogy a 19. században megjelent vadászati és zoológiai monográfiákban az emlősragadozók között egyedül a sakál nem szerepel. A kevés fellelhető információ alapján azt sem tartják kizártnak, hogy valójában sohasem volt honos a térségben, csak elvándorló, fiatal példányok fordultak elő időszakosan. A védetté nyilvánítását követően a faj szaporodni és terjeszkedni kezdett, így 50 év elteltével ismét megjelent hazánkban. A '90-es évek elején megtelepedett az Ormánságban, majd onnan (is) terjedt tovább a Dél-Dunántúlon és a Dél-Alföldön. A teríték-adatok alapján a létszámnövekedése exponenciális képet mutat, és diszperziója is rendkívüli ütemű. Elszaporodása folytán a rókaállomány drasztikusan csökken, ill. urbanizálódik, eközben átveszi a róka szerepét zsákmányolás és parazitáltság tekintetében is. Az arany-sakál tipikus opportunistá ragadozó, a kistrágyacsálóktól, a földön fészkelő madarak tojásaitól/fiókáin át a nagyemlős újszülöttékig/ fiatalokig minden útjába eső prédát zsákmányol. Emellett az elpusztult tetemeket, maradványokat sem veti meg. A szerzők egy dámszarvas kutatási program keretében a lábodi vadászterületen adatokat gyűjtöttek az újszülött borjakról (születési időszak, élősúly, fogazat, csülkök állapota stb.), és megfigyeléseket végeztek a dámszarvascsapatok jelenléte, összetétele és az elpusztult borjak maradványai tekintetében. Három idény alapján az elpusztult borjak aránya jelentősnek mutatkozott (20/63, 31,7%). Az elpusztult állatok nagyon különböző állapotban voltak: pl. csak „kisziger-

elve”, hátulsó testfél, egy elülső végtag, csak a lerágott fej-/állkapocsrészek stb. Nyári megfigyeléseik során a sutavadcsapatokban júliusban 71,3%-os (164/230), augusztusban pedig 50,4%-os (189/375) borjú/tehén arányt tapasztaltak. A csonkítások alapján a sakál-állománynak jelentős szerepe lehet a térségi dámvad-állomány csökkenésében. Vadászati adatok is megerősítik ezt a feltételezést. A dámvadteríték az utóbbi 5 év folyamán az egyharmadára csökkent, miközben a sakálteríték a négyszeresére emelkedett. Az őz-állomány drasztikus csökkenését a Dráva-menti térségben már korábban megfigyelték. Ezzel kapcsolatban fontos indirekt bizonyíték a sakál igen eredményes behívása a gidahang utánzásával (csalsíppal) a május–augusztusi időszakban. Az arany-sakál gyors ütemű terjedése és elszaporodása a számára kedvező területeken komoly veszélyforrást jelent. Ilyen szempontból veszélyeztetett az érintett területeken folyó extenzív juhtenyésztés, a mezeinyúl-, fácán-, őz-, dámvad- és vaddisznóállomány, valamint az igen kritikus helyzetben lévő tüzök és más földön fészkelő, védett madárfajok populációi. Mindezek alapján a szerzők időszerűnek és szükségesnek tartják az arany-sakál ökológiai szerepének felülvizsgálatát.

NEMESHÁZI EDINA, SZABÓ KRISZTIÁN, KÖVÉR SZILVIA: A rétisas (*Haliaeetus albicilla*) európai állományainak genetikai struktúrája, különös tekintettel a Kárpát-medencére c. előadásukban európai rétisas-költőállományok genetikai struktúráját hasonlították össze. Európa rétisaspopulációi drasztikus egyedszám csökkenésen estek át a 20. század során. Számos országból teljesen eltűnt a faj, vagy mindössze néhány tíz költőpár maradt. A természetvédelmi intézkedéseknek köszönhetően az egykori állományok mára ismét stabilnak tekinthetők. A szerzők a kutatás során összesen 258 rétisasmintát vizsgáltak. Az illetékes nemzeti parkok gyűjtő munkatársai Magyarországon, Horvátországban és Szerbiában 131 fióka, ill. feltehetően költő madaraktól származó vedlett tollmintát gyűjtöttek a Kárpát-medencei állományából. A genetikai vizsgálat során felhasznált többi mintát eredetileg más, korábban már publikált vizsgálatokhoz gyűjtötték, országonként különböző módszerekkel a Cseh Köztársaságban, Németországban, Lengyelországban, Finnországban, Szlovákiában, Ausztriában, Litvániában és Észtországban. A kutatás célja az volt, hogy feltérképezzék több európai stabil rétisasállomány közötti genetikai kapcsolatokat, ill. felderítsék néhány, az 1970-es években eltűnt majd újrakolonizált állomány eredetét. Ennek érdekében 10 mikroszatellita marker segítségével hasonlították össze a vizsgált költőállományok genetikai struktúráját. Eredményeik alapján a vizsgált állományok három fő populációra oszthatók (északi, középső és déli), összhangban a fajra jellemző filopatrikus elterjedéssel. A vizsgálatból kimutatható genetikai mintázatok azonban

arra engednek következtetni, hogy a madarak egy része ennek ellenére a származási helyétől messzebb kezd költésbe. A Cseh Köztársaság rétisasállományára jellemző genetikai struktúra azt a feltevést támasztja alá, hogy az 1970-es években fogságban nevelt, majd szabadon engedett egyedek nagymértékben befolyásolták a természetes úton kialakuló genetikai struktúrát.

GÖRFÖL TAMÁS, CSORBA GÁBOR: *Délkelet-ázsiai denevérek szisztematikai revíziója és két új faj leírása* c. előadásukban két, szisztematikai szempontból problémás denevértaxon, a *Myotis*- és a *Hypsugo*-genusok egyes fajcsoportjainak revíziójáról számoltak be. A világon mintegy 1250 denevérfaj ismert, s mivel az egyetlen repülő életmódot folytató emlősök, igen fontos szerepük van az ökoszisztémákban. Mint a legtöbb állatcsoport esetében, a trópusi területek a denevérek tekintetében is a legfajgazdagabbak közé tartoznak. A délkelet-ázsiai országokból az utóbbi két évtizedben számos új faj került elő az új vizsgálati módszereknek (húrcsapda, ultrahangdetektor) és genetikai vizsgálatoknak köszönhetően. Kutatásuk során morfológiai vizsgálatokat, sokváltozós statisztikai elemzéseket, ill. filogenetikai rekonstrukciókat végeztek, melyekhez összehasonlítóként a legnagyobb gyűjtemények anyagait, köztük az új fajokhoz legközelebb álló taxonok típuspéldányait használták fel. A *Myotis montivagus* fajba vizsgálatuk megkezdése előtt négy alfajt soroltak, melyek elterjedési területe Indiától egészen Kínáig és Borneóig terjedt. Kutatásuk bebizonyította, hogy ez a négy alfaj külön fajnak tekintendő, s ezzel a viszonylag széles elterjedésűnek számító taxon, mely az IUCN Vörös Listáján a „nem veszélyeztetett” kategóriába tartozott, négy olyan fajra bomlott, melyből háromról alig van információ. A *Myotis montivagus* sensu stricto a legelterjedtebb, megtalálták Kínában, Vietnamban, Laoszban, Burmában és Északkelet Indiában is. A *Myotis peytoni* India három pontjáról ismeretes, a *Myotis borneoensis* csak Borneo szigetén, míg a *Myotis federatus* csak Malajziában fordul elő. Ugyanehhez a fajcsoporthoz tartozó denevérek vietnami és laoszi példányait vizsgálták, melyek egy eddig még ismeretlen fajhoz tartozónak bizonyultak. A közepes termetű *Myotis indochinensis* valószínűleg nemcsak e két országban, hanem az indomalaj régió más területein is előfordul. Szintén vietnami és laoszi példányok alapján írták le a szerzők egy új *Hypsugo*-fajt, melyet hatalmas szemfogairól – mely alapján egyértelműen elkülöníthető a többi *Hypsugo*-fajtól – *Hypsugo dolichodonna*-nak, azaz nagyfogú alpesi denevértaxon neveztek el. Vizsgálataik során egy másik, minden eddigi *Hypsugo*-fajtól eltérő példányt is találtak. Mivel csak egy példány ismert belőle, és COI-szekvenciája a széles körben elterjedt *Hypsugo pulveratus* szekvenciájával egyezik meg, elképzelhető, hogy egy aberráns növekedésű egyedről van szó, ezért nem

írták le. További hasonló példányok megkerülése esetén azonban különálló fajnak minősülhet. Eredményeik jelzik, hogy a délkelet-ázsiai trópusok diverzitásának nagy része még mindig rejtve lehet, és felhívják a figyelmet arra, hogy a taxonómiai revízió fontos konzervációbiológiai jelentőséggel bírhat, az új fajok leírása pedig számos veszélyeztetett trópusi élőhely védetté nyilvánításában és ezzel megmentésében játszhat szerepet.

SZIGETI VIKTOR, KÖRÖSI ÁDÁM, HARNOS ANDREA, KIS JÁNOS: *Kis Apolló-lepkék élőhelyhasználata* c. kutatásuk célja annak vizsgálata volt, hogy a kis Apolló-lepke terület-használatát a tápnövény, a legkedveltebb nektárnövény előfordulása vagy a nyílt-zárt területek aránya határozza-e meg, és hogy egyedi különbségek kimutathatóak-e a térhasználatban. Vizsgálataikat a Visegrádi-hegységben egy 0,5 hektáros réten végezték 2014-ben. A területet 10 × 10 méteres kvadrátokra osztották. Kvadrátonként becsülték a tápnövény gyakoriságot, feltérképezték a fogyasztott nektárnövények virágborítását és a kvadrátok nyíltságát. A lepkéket egyedileg jelölték, visszalátáskor feljegyezték az előfordulásuk kvadrát azonosítóját. Az elemzés során térbeliséget figyelembe vevő Poisson GAM modelleket használtak. Vizsgálataik területük nektárforrások szempontjából heterogénnek és kis Apolló-lepkében gazdagnak bizonyult. Változatos volt a kvadrátok keltike- és virágborítása és a lepkék előfordulása. A leggyakrabban (> 70%) fogyasztott faj a magyar szegfű (*Dianthus giganteiformis pontederæ*) volt. A kis Apollók élőhelyen belüli előfordulási gyakorisága nőtt a nektárnövények gyakoriságával és a nyílt területek arányával, de a lárvális tápnövény gyakorisága közvetlenül nem befolyásolta a lepkék előfordulását. A rajzási időszak folyamán változott a lepkék térbeli előfordulása, ami a nektárnövény eloszlásának változásával állhat kapcsolatban. Ezenkívül egyedszintű mintázatokot találtak a lepkék térhasználatában. Vizsgálataik eredményeik azt mutatják, hogy a kis Apolló-lepke számára olyan mozaikos élőhelyek az ideálisak, ahol egymáshoz közel találhatóak nyílt gyepterületek (nektárforrás) és zárt erdőfoltok (tápnövény), ahol a nőstények repülési költsége minimális a táplálkozás és a tojásrakás között. Nektárforrások híján a nyílt területek ökológiai csapdák lehetnek, míg a nektárforrásokban gazdag rétek erdőszűlése lokális kihaláshoz vezethet. Az egyedszintű élőhelyhasználatot magyarázhatja a kedvelt nektárnövény faj tér- és időbeli előfordulása.

ÁGH NÓRA, KOVÁCS SZILVIA, HARNOS ANDREA, CSÖRGŐ TIBOR: *Nádiposzáta fajok őszi vonulásának kor- és ivarfüggő mintázatai* c. előadásukban ismertették három nádiposzáta faj ivar- és korfüggő vonulási viselkedéséről kapott új kutatási eredményeiket. Korábbi vizsgálataikban kimutatták, hogy a foltos, az énekes és a cserregő nádiposzáta

vonulásának időzítésében jelentős eltolódások történtek az elmúlt évtizedekben, amit az átvonuló állomány populációs összetételének változása vagy a változásokra adott ivaronként eltérő válaszok is okozhattak. Ennek eldöntéséhez 2012–2013-ban az őszi vonulás során a három faj egyedeiből vérmintákat vettek molekuláris ivarhatározáshoz. Az elemzéshez általános és általánosított (logisztikus regresszió) lineáris modelleket használtak. A két módszerrel (külső ivari bélyegek és molekuláris vizsgálat) 511 foltos, 461 cserregő és 308 énekes nádiposzáta ivarát határozták meg. Eredményeik azt mutatják, hogy a cserregő és az énekes nádiposzáta öreg korcsoportja esetén a vonulás vége felé nagyobb arányban vannak jelen tojók a területen, vagyis a hímek vonulnak előbb. Mindhárom faj esetén a tojók vonulása átlagosan elnyújtottabb, mint a hímeké. A visszafogási adatok elemzése szerint ennek oka nem a területen való tartóz-

kodási idő hosszának eltérése, mivel ebben nem volt kimutatható ivari különbség. Az arányok változását a vonulás ivaronként eltérő időzítése okozhatja. Mindhárom faj öreg korcsoportja esetén a helyi költőállomány átlagos szárnyhossza rövidebb, mint az átvonulóké, ugyanakkor ismert, hogy ugyanazon faj északabbi populációinak szárnyhossza átlagosan nagyobb, mint a délebbieké. A korábbi biometria adatok szerinti időzítés eredményei az ivarok ismeretében pontosabban értelmezhetők. Az eddig megfigyelt mintázatok valószínűleg az összetétel-változás és az ivari különbség együttes hatásával magyarázhatók. Az északi eredetű madarak vonulnak át később, ugyanakkor mivel ezek szárnyhossza nagyobb, ez az átlagos értékek növekedéséhez vezet az ivari különbségektől függetlenül.

**Dr. Sréter Tamás és Dr. Eszterbauer Edit**