

Állathigiénia, állattenyésztés, genetika, takarmányozástan

A szekció az ülést 2015. január 26-án délelőtt tartotta a SZIE Állatorvos-tudományi Kar belgyógyászati előadótermében. Az idei évben a szerzők tíz előadást jelentettek be. A szekció társelnökei Kovács MELINDA és Szabó JÓZSEF professzorok voltak.

GÁSPÁRDY ANDRÁS, MARÓTI-AGÓTS ÁKOS, PÁSZTOR KATA és ANNUS KATA az őshonos cigája juh fajta anyai vonalait vizsgálta mitokondriális DNS-ük alapján. A cigája az 1700-as években került be Magyarországra. Napjainkban a cigáják két fő csoportját az ősbibb génrezerv és az újabban önálló fajtaként bejegyzett tejelő változatok képviselik. A kizárólag az anyai vonalon öröklődő és annak minden egyedében egységesen megtalálható mitokondriális DNS vizsgálatához a törzskönyvben szereplő kb. 28 ezer állat közül választották ki a „legősibb”, a leghosszabb pedigréjú családokat. A juhcsaládok genetikai változatosságának megállapítása segítheti a szelekciót, a tenyésztők fajtafenntartó munkáját. Továbbá lehetőséget adhat a cigája és a többi őshonos magyar juh fajta, valamint a génbankban található más fajták mitokondriális DNS szekvenciáinak összehasonlítására.

LOSONCZI ESZTER, BUDAI CSILLA, FARAGÓ BERNADETT, SZABÓ KATALIN, MONOSTORI ISTVÁN, PÁLINKÁS PÉTER, MERÉSZ LAJOS és PRIBENSZKY CSABA szarvasmarhasperma mélyhűtését tanulmányozták stresszkondicionálást követően. A szarvasmarhasperma mélyhűtésének protokollját már évtizedekkel ezelőtt kialakították, azóta ebben csak kisebb változtatások történtek. Azonban a felengedést követően az élő sejtek számának csökkenése, ill. a termékenyítések nem mindig kielégítő eredményei azt mutatják, hogy a spermiumok a mélyhűtés során károsodhatnak. Emellett számos bikatelep küzd azzal a problémával, hogy egyes, nagy genetikai értéket képviselő állataik spermája rosszul fagyasztható, így nem lehetséges az örökítőanyaguk értékesítése. E nehézségek leküzdésére lehet alkalmas a reprodukív sejtek mélyhűtést megelőző stressz-előkezelés, amelynek segítségével a kezelt sejtek felengedést követő túlélése jelentős mértékben növelhető. A nagy (200–400 bar) hidrosztatikus nyomáskezelés hatására a progresszív motilitás szignifikánsan javult ($p < 0,01$). A módszerrel a nehezen fagyasztható spermák is megfelelő minőségűek lehetnek a felolvasztás után.

LOSONCZI ESZTER, HORVÁTH ÁKOS, KOLLÁR TÍMEA, BUDAI CSILLA, FARAGÓ BERNADETT, SZABÓ KATALIN és PRIBENSZKY CSABA a zebradánió (*Danio rerio*) ivarsejtek és embriók stresszkezelést követő mélyhűtésének bevezető eredményeiről számolt be. A különféle kutatások kitűnő modellállatának, a zebradánió ikrájának, ill. embriójának mélyhűtése ez idáig sikertelen, és a spermiumok mélyhűtésére sem áll rendelkezésre megbízható módszer. A nehézségek leküzdésére lehet alkalmas a reproduktív sejtek mélyhűtést megelőző stressz-előkezelése, amelynek segítségével a kezelt sejtek túlélése jelentős mértékben növelhető. Ennek érdekében kb. 3000 embrió nyomáskezelését végezték el 3–3 különböző nyomásértékkel (50, 100 és 200 bar), kezelési időtartammal (15, 45 és 90 perc) és életkorban (4, 24 és 48 órás embrió). A termékenyülés után 4 órával végzett, 45 percen át tartó 200 bar kezelés esetében a kelési arány 0%, míg ugyanebben az életkorban a 100 bar kezelés hatására a kelési arány 94% (a kezeletlen kontrollé 96%). A termékenyülés után 24, ill. 48 órával végzett 90 percen át tartó 200 bar kezelés esetében a kelési arány 96,1%, ill. 89,4% (a kezeletlen kontrollé 96%). A nyomástolerancia-tesztek segítségével sikerült a stressz-előkezelés meghatározása, amelynek az új protokollba való beillesztésével a zebradánió-embriók sikeres mélyhűtése ismételtető módon megvalósulhat, így a nagy értéket képviselő, genetikailag módosított állományok fenntarthatóvá válhatnak a vonal folyamatos életben tartása, szaporítása nélkül is.

PRIBENSZKY CSABA, LOSONCZI ESZTER, BECKER ZSOLT és MOLNÁR D. LÁSZLÓ emlős embriók beágyazódási képességének pontosabb megítéléséhez egy új morfodinamikai bírálati eljárást fejlesztettek ki. Hat ország nyolc humán meddőségi klinikájáról összegyűjtött több mint ötszáz beültetésre került embrió fejlődésének retrospektív elemzésével meghatározták az egyes osztódási ciklusok, interfázisok, citokinézisek időtartamát a megtermékenyüléstől a nyolcsejtes, majd a blasztociszta állapotig. Megállapították, hogy az egyes eseményekhez tartozó időtartamok jellemzőek a beágyazódó embriókra. Minél távolabb történik meg egy esemény ezen „normál” értékektől, annál kisebb az esélye az embriónak az implantálódásra. A határértékek meghatározásával azonosíthatók a beágyazódásra csekély eséllyel bíró embriók. A hagyományos morfológiai elemzésre hagyatkozva ezen embriók több mint 30%-a beültetésre került volna. A kinetikus paraméterek vizsgálatával nagy hatékonysággal elkülöníthetők egymástól azok az embriók, amelyeknek nagy esélyük van a beágyazódásra és azok, amelyek csökkent életképességűek és optimális befogadó méh esetében sem képesek beágyazódni.

SOMOSKŐI BENCE, KOVÁCS MELINDA és CSEH SÁNDOR a trichotecének családjába tartozó T-2 mikotoxin preimplantációs

egérembriók fejlődésére gyakorolt hatását vizsgálták *in vitro* rendszerben. A T-2 toxin – bár nem minden esetben okozott morfológiai eltérést – lelassította az embriók fejlődését, késleltette a blasztocöl kialakulását, valamint csökkentette a sejt számot az embriókban. A toxin-koncentráció növekedésével emelkedett a töredezett kromatinállományú blasztomerek aránya.

KORSÓS GABRIELLA, BENEDEK TÜNDE, BENYEDA JÁNOS, KULCSÁR MARGIT, GLÁVITS RÓBERT és FEKETE SÁNDOR GYÖRGY fiatal (1–21 napos) csirkék viselkedését, stresszállapotát követték nyomon napi 10 órás zene (BACH: Goldberg-variációk), ill. zajválogatás hallgatása kapcsán. A porondtesztek és a vérplazma kortikoszteronszintje (zene: $19,93 \pm 10,85$ nmol/l, zaj: $18,45 \pm 14,62$ nmol/l, kontroll: $8,18 \pm 5,91$ nmol/l; $p < 0,05$) alapján a baromfi számára a zene is zaj.

MARÓTI-AGÓTS ÁKOS, KERÉKGYÁRTÓ BENCE, GERA ISTVÁN, PÉNTEK ISTVÁN, JÁVORKA LEVENTE és BODÓ IMRE a magyar szürke bikák fajtörténetéhez szolgáltatott új ismereteket. A hímivar feltérképezéséhez az Y-kromoszóma két mikroszatellitjét (INRA189, BM861) és egy nem rekombinálandó, szekvenciális polimorf szakaszát (SRY-36) használták. Eredményeik alapján a polimorfizmusok a szakirodalom délkelet-európai értékeihez álltak közel. Az Y-kromoszóma a mitokondriális DNS-hez viszonyítva a várt, csekély változatosságot mutatatta.

CSÁNK BALÁZS, SZABÓ ANDRÁS és CSEH SÁNDOR tejelő tehének fejadagját dokozahexaénsav-tartalmú mikroalgával egészítették ki (15 g DHA/nap/állat). Az ellést követő 100 napon keresztül ellenőrizték a tej minőségét és a tehének szaporodásbiológiai teljesítményét. A mikroalgát (DHA) fogyasztó egyedek között a magzatburok-visszatartásos (MBR) esetek száma lényegesen csökkent (2,9%, ill. 8,8%), miként az MBR-en kívüli méhgyulladások előfordulása (9,6%, ill. 14%) is. A beteg állatok gyógykezelése hatékonyabb volt, többségük (77%, ill. 32%) már egy kezelésre meggyógyult. Az ellést követő első 40 nap alatt kevesebb tehénnél találtak tőgygyulladást (11 eset, ill. 22 eset). A mikroalga- (DHA-) kiegészítés hatására jelentősen csökkent az ellés utáni állat-egészségügyi problémák száma, és ennek köszönhetően számottevő megtakarítást értek el a gyógyszerköltségben. Ezen felül több tejet lehetett értékesíteni, valamint a DHA megjelent a tejben is.

HETÉNYI NIKOLETTA, ANDRÁSOF SZKY EMESE és HULLÁR ISTVÁN görög teknősök (*Testudo hermanni*) önkéntes szárazanyag-felvételét követték nyomon több héten át három táplálék (uborka, pitypang, fejes saláta) etetésekor. A teknősök szignifikánsan többet fogyasztottak salátából, mint uborkából vagy pitypangból ($p < 0,001$), ugyanakkor az uborka és a pitypang esetében nem volt jelentős eltérés ($p = 0,732$). Gyakorlati tapasztalat, hogy nagy

mennyiségű fejes saláta etetésekor felgyorsul a teknősök növekedési üteme, és gyakoriak a hiánybetegségek is. A teknősök takarmányfelvételét nemcsak a táplálék szárazanyag- vagy nyersrost-tartalma, hanem annak íze is jelentősen befolyásolja. A passzázs ideje az uborkánál 2–4, a pitypangnál 9–14, a fejes salátánál pedig 6–13 nap volt. A görög teknősök testtömegéhez viszonyított szárazanyag-felvétele lényegesen kisebb (0,3–1,2%), mint a gazdasági haszonállatoknál (2–3%). A táplálóanyagok emészthetőségének meghatározásához nem alkalmazható a teljes gyűjtéses módszer, az indikátoros vizsgálat eredményei sem megbízhatóak.

VÉRTES ILKA, ANDRÁSOF SZKY EMESE, HULLÁR ISTVÁN, HETÉNYI NIKOLETTA, BERSÉNYI ANDRÁS, TUBOLY TAMÁS, KULCSÁR MARGIT és SZABÓ JÓZSEF azt vizsgálták, hogy a különböző szénhidrátforrások miként befolyásolják a patkányok fejlődését, biokémia értékeit (vérszérum glukóz-, koleszterin-, triglicerid-, LDH-, fuktózamin-koncentráció) és a humorális immunválasz készségét. A civilizációs betegségek (elhízás, cukorbetegség) ugyanis egyre nagyobb aránya a növekvő fruktózbevitellel, a nagy fruktóztartalmú kukoricaszirup széles körű élelmiszer-ipari felhasználásával lehet összefüggésben.

A tápok szénhidráttartalmának típusa (100% glükóz, 75% glükóz + 25% fruktóz, 50% glükóz + 50% fruktóz, 25% glükóz + 75% fruktóz, 100% fruktóz) nem befolyásolta jelentős mértékben az állatok testtömeg-gyarapodását. Szignifikáns pozitív összefüggést találtak a fruktóz arányának növekedése és az alábbi paraméterek között: szérumkoleszterin ($r = +0,989$); szérumglükóz ($r = +0,993$); szérumtriglicerid ($r = +0,995$). A tápokban lévő fruktóz arányával szignifikáns negatív összefüggést mutattak a következő paraméterek: LDH ($r = -0,966$); a máj zsírtartalma ($r = -0,993$); szérumfuktózamin ($r = -0,973$). Az immunválasz intenzitásában nem tapasztaltak lényeges eltérést, ugyanakkor a táp fruktóz/glükóz aránya és az ellenanyag-titer között gyenge negatív korreláció ($r = -0,794$) állt fenn. A táplálék fruktózarányának növekedése a nőivarú patkányokban is jelentős szerepet játszik a metabolikus szindróma kialakulásában, amelynek fontos élelmiszer-ipari, állattólleti és gazdasági jelentősége lehet.

Dr. Bersényi András

BAKTERIOLÓGIA

A szekcióban 11 előadást jelentettek be, ami megfelelt a korábbi évek átlagának. A szekció társelnökei NAGY BÉLA és MAGYAR TIBOR voltak.

SZABÓ RÉKA és MAGYAR TIBOR hazai baromfifajokból és vadmadarakból izolált *Bordetella (B.) avium* és *Ornithobacterium (O.) rhinotracheale* törzsek antibiotikum-érzékenységének

vizsgálatáról számoltak be. A korongdiffúziós módszerrel, valamint a minimális gátlókoncentráció (MIC) meghatározásával végzett vizsgálatok során megállapították, hogy valamennyi *O. rhinotracheale* törzs érzékeny volt ampicillinre, klóramfenikolra, spektinomycinre és a legtöbb tilmikozinra is, azonban a törzsek nagy része rezisztensnek bizonyult gentamicinnel, nalidixsavval, szulfametoxazol/trimetoprimmel, polimixin B-vel és szulfonamidokkal szemben. A baromfiból származó törzsek rezisztensebbek voltak. Az eritromicin, linkomicin, penicillin és a polimixin B a 2001-ben gyűjtött törzsekkel szemben hatékonyan bizonyult, a 2009–2012 között izoláltak ellen azonban már kevésbé volt hatásos. Az összes *B. avium* izolátum rezisztens volt ceftiofurral és linkomicinnel szemben, érzékeny doxiciklinre, gentamicinre, polimixin B-re, spektinomycinre és szulfonamidokra, és többnyire a tilmikozin és a szulfametoxazol/trimetoprim is hatékonyan bizonyult. A német törzsek a többitől eltérő rezisztenciamintázatot mutattak. A vadmadárból származó és a német törzs több antibiotikumra volt érzékeny, ami alátámasztja azt a feltételezést, hogy az antibiotikum használata hozzájárul a rezisztens kórokozók terjedéséhez.

KHAYER BERNADETT, SÜLYOK KINGA MÁRIA, DOMOKOS JUDIT, MAGYAR TIBOR és WEHMANN ENIKŐ nyúl és sertés eredetű *Bordetella (B.) bronchiseptica* törzsek antibiotikum-érzékenységét vizsgálták korongdiffúziós módszerrel és plazmid izolálással. A 15–15, eltérő időben és földrajzi régióban izolált sertés és nyúl eredetű *B. bronchiseptica* törzs érzékeny volt a kolisztinre, de rezisztenciát mutatott a penicillinnel, a ceftiofurral, a vankomicinnel és a linkomicinnel szemben. A további antibiotikumok esetén a sertés eredetű törzsek nagyobb arányban bizonyultak rezisztensnek. Ampicillinnél a törzsek nagyfokú változatosságát figyelték meg gazdafajtól függetlenül. Szulfonamidokra a törzsek többsége érzékeny volt. Az egyik szulfonamid-rezisztens, sertés eredetű törzsnél tetraciklin rezisztenciát is kimutattak. Plazmidokat (20–60 kb méretben) kizárólag az 5, sertésből származó, szulfonamid-rezisztens törzsben találtak. Annak eldöntésére, hogy tetraciklin-rezisztencia plazmidon vagy a kromozómán van-e kódolva, további konjugációs és/vagy PCR vizsgálatok szükségesek. *In vitro* vizsgálataik alapján a *B. bronchiseptica* ellen leghatékonyabb antibiotikumok a polimixinek és a nukleinsavak szintézisére ható antibiotikumok.

UJVÁRI BARBARA, SZEREDI LEVENTE, PERTL LÁSZLÓ, TÓTH GERGELY, ERDÉLYI KÁROLY, JÁNOSI SZILÁRD, MOLNÁR TAMÁS és MAGYAR TIBOR B:2 típusú *Pasteurella (P.) multocida* törzsek első magyarországi izolálásáról számoltak be. A septicaemiában elhullott sertésekből izolált 3 baktériumtörzs a biokémiai és PCR-vizsgálatok alapján a

P. multocida subsp. *multocida* 3-as biotípusának, B buroktípusúnak és 2-es szomatikus szerotípusúnak bizonyult. A törzsek további jellemzéséhez az M13 PCR „genetikai ujjlenyomat” technikát használták, amivel három genetikai profilt tudtak elkülöníteni. A B:2 szerotípusú törzsek esetében egyező mintázatot kaptak. A multilókusz szekvenciatisztázás (MLST) során kapott adatok alapján egy új szekvenciatisztázást azonosítottak (ST61). Az *aroA* (558 bp) génszakasz elemzése során egy új allélt mutattak ki. A filogenetiai vizsgálatok során az MLST-adatbázisban fellelhető izolátumok szekvenciaadataival vetették össze saját adataikat. Az elemzés során a B:2 szerotípusú, haemorrhagiás szepitkémia okozó törzsek egy jól elkülönülő klasztert alkottak. Vizsgálataik alapján a B:2 szerotípusú *P. multocida* izolátumok fenotípusos diverzitása rendkívül kicsi, jól elkülönülő klonális komplexet alkotnak.

KREIZINGER ZSUZSA, PÁSZTOR ALEXANDRA, ELIN NILSSON, KERSTIN MYRTENNAS, SULYOK KINGA MÁRIA, MAKRAI LÁSZLÓ, MATS FORSMAN és GYURANECZ MIKLÓS hazai *Francisella (F.) tularensis* subsp. *holarctica* törzsek genetikai összehasonlító vizsgálatáról számoltak be. A genotipizálás során 2003 és 2014 között, Hajdú-Bihar, Békés, Csongrád, Jász-Nagykun-Szolnok, Bács-Kiskun és Győr-Moson-Sopron megyékből származó, 66 mezei nyúlból (*Lepus europaeus*), 1 huszármajomból (*Eritrocebus patas*), 1 szavannacerkófból (*Chlorocebus aethiops*) és 1 aranykezü tamarinból (*Saguinus midas*) izolált *F. tularensis* subsp. *holarctica* törzs DNS-ét vizsgálták. A filogenetikai vizsgálatok alapján az összes magyar törzset az ún. B.13-as főcsoportba sorolták. A csoporton belül az SNP-tipizálás alapján 9 alcsoportot különítettek el, melyek közül hármat (B.20/21/33, B.33/34, B.34/35) az MLVA elemzés alapján további 13 alcsoportra osztottak fel. Az SNP-tipizálás alapján a törzsek 88%-a (61/68) a Kelet-Közép-Európában jellemző B.33/34-es alcsoportba (68%, 47/69) vagy annak leszármazott csoportjaiba tartozott. A B.13 főcsoport további felbontása alapján a törzsek közötti rokonsági viszonyok szorosak, és nem állnak összefüggésben a törzsek izolálási idejével, gazdafajával, az általuk okozott elváltozásokkal vagy a törzsek földrajzi eredetével.

PÁSZTOR ALEXANDRA, KREIZINGER ZSUZSA, DÁN ÁDÁM, MAKRAI LÁSZLÓ, RÓNAI ZSUZSANNA, DAWN BIRSELL, TALIMA PEARSON, SULYOK KINGA MÁRIA, JÁNOSI SZILÁRD, FODOR LÁSZLÓ, PAUL KEIM és GYURANECZ MIKLÓS hazai *Bacillus anthracis* törzsek genetikai jellemzését végezték el. A genotipizálás során 1933 és 2014 között, Magyarország különböző területeiről gyűjtött, 45 *B. anthracis* törzset vizsgáltak. A canSNPanalízis eredményeként 5 genotípust különböztettek meg a magyarországi törzsek között. Három

izolátum a „B” főcsoport B.Br.CNEVA elágazásába tartozott. A másik 42 izolátum az „A” főcsoport transzeurázsiai (TEA) elágazásán található, azon belül további 4 szubkládba különültek el: A.Br.008/09 ($n = 7$), TEA7 ($n = 1$), TEA04/08 ($n = 10$), TEA03 ($n = 24$). 17 törzs esetén ismert az izolálás helye, ezek a TEA04/08 és a TEA03 csoportokba tartoznak. A TEA04/08 szubkládba tartozó izolátumok Jász-Nagykun-Szolnok megyéből ($n = 5$) és a ma már Románia területén található Tasnádról ($n = 1$) származnak. A TEA03 csoportba tartozó törzsek származási helyei elszórtan találhatóak meg az ország területén ($n = 11$). A transzeurázsiai csoport, amelybe a legtöbb magyarországi törzs (93%) tartozik, jellemző Kelet- és Közép-Európában. Bár ezen a csoporton belül találunk genetikai változatosságot, további genotipizáló rendszerekre lenne szükség az evolúciós kapcsolatok tágabb értelmezéséhez. A vizsgálatából megállapítható, hogy a 2014 tavaszán a debreceni állatkertben előforduló és 2014 júliusi tiszafüredi esetek nem állnak egymással összefüggésben.

RÓNAI ZSUZSANNA, CSIVINCSIK ÁGNES, GYURANECZ MIKLÓS, KREIZINGER ZSUZSA, SZÖGYÉNYI ZSUZSANNA, DÁN ÁDÁM és JÁNOSI SZILÁRD *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) törzsek hazai elterjedtségéről és genotipizálásának eredményéről számoltak be. A túlnyomórészt a szavasmarha-gümőkór kimutatására érdekében végzett diagnosztikai vágásokból és monitoringból származó mintákból az elmúlt 8 év alatt 569 MAP-törzset izoláltak 9 különféle állatfajból. Magyarországon elsőként mutatták ki a MAP-törzseteket vaddisznóból, gímszarvasból, rókából, sertésből és bivalyból. Az izolált törzseteket az alfajra specifikus IS900 inzerációs elem jelenlétével azonosították, meghatározták az altípusokat, majd elvégezték a „Mycobacterial Interspersed Repetitive Units – Variable Number of Tandem Repeats” (MIRU-VNTR) elemzését. Az izolált törzsek 15 különböző genotípusba tartoztak. A különböző genotípusok függetlenek voltak az állatok korától és nemétől, de feltételezésük szerint összefüggésben lehetnek fajukkal, hasznosítási irányukkal. Habár a legnagyobb számú szarvasmarhaminta Hajdú-Bihar, Bács-Kiskun és Békés megyéből érkezett, a legnagyobb arányban Komárom-Esztergom, Zala és Borsod-Abaúj-Zemplén megyéből származó mintákból izoláltak MAP-törzseteket. A 15 különböző genotípusból kétfőbe tartozott a törzsek több mint 80%-a. Vizsgálataik megerősítették a vadállomány fertőzésfenntartó szerepét, valamint a MAP-törzsek terjedését különböző állatfajok, állományok és egyedek között.

RÓNAI ZSUZSANNA, KREIZINGER ZSUZSA, DÁN ÁDÁM, BÁNYAI KRISZTIÁN, SZEREDI LEVENTE, JÁNOSI SZILÁRD és GYURANECZ MIKLÓS *Brucella microti* első magyarországi izolálásáról

számoltak be. A *Brucella* (*B.*) genus az elmúlt években több új taggal bővült (*B. ceti*, *B. pinnipedialis*, *B. inopinata*). A *B. microti* 2007-ben mutatták ki először elhullott mezei pocokból (*Microtus arvalis*) Csehországban, azóta néhány további esetben izolálták talajból és rókából Dél-Morvaországban és Alsó-Ausztriában. Saját vizsgálataik során a 2014. őszén, Rajka mellett elejtett vaddisznó (*Sus scrofa*) áll alatti nyirokcsomójából izolált *B. microti* törzset hagyományos morfológiai, biokémiai és szerológiai módszerekkel és Bruce-Ladder illetve Suis-Ladder PCR-ekkel azonosították. A genetikai elemzés során 16 lókuszon alapuló multi-locus variable-number tandem-repeat analízist (MLVA-16) végeztek valamint megszekvenálták (200 bp-os single read, Ion Torrent) a kitenyészett törzs teljes genomját. Továbbá a vaddisznó áll alatti nyirokcsomó mintán szövettani és immunhisztokémiai vizsgálatokat is végeztünk. A brucellákra jellemző morfológiájú baktériumtörzs M- és A-savóval agglutinált, azonban R valamint *B. ovis* és *B. canis* ellen termelt savókkal nem reagált. API20NE profilja az *Ochrobactrum anthropi*-hoz hasonlított. A hazai törzs és a génbankban elérhető cseh törzs (CP001578, CPO01579) genom szekvenciája (3,34 Mbp) között csupán 30 nukleotid különbség volt. A hazai törzs MLVA profilja csak a variábilis markerekben különbözött az MLVA bankban fellelhető 12 *B. microti* törzstől. A vaddisznó nyirokcsomóján elvégzett szövettani vizsgálat érdemleges elváltozást nem mutatott ki, az immunhisztokémiai próbák *B. abortus*, *B. suis* és *B. canis* savókkal egyaránt negatívnak bizonyultak. A hazai *B. microti* törzs nagyfokú genetikai hasonlóságát a korábbi *B. microti* izolátumokkal a földrajzi rokonság és a *Brucella* fajokra jellemző kistökű genetikai változékonyság magyarázza

SÁRKÖZI RITA, MAKRAI LÁSZLÓ, BIRGERMAJER ANETTA és FODOR LÁSZLÓ Magyarországon izolált, nem besorolható szerotípusú *Actino-bacillus* (*A.*) *pleuropneumoniae* törzsek jellemzéséről számoltak be. Munkájuk során a tanszék törzsgyűjteményéből származó 2, korábban be nem sorolt törzset, valamint 3 – heveny lefolyásra jellemző elváltozásokat mutató – sertéstüdőkből frissen izolált *A. pleuropneumoniae* törzset szerotipizáltak. Az izolátumok 4 megye 5 állományából származtak, tenyésztési és biokémiai tulajdonságaik alapján a NAD-dependens, 1-es biotípusba tartoztak. Az *A. pleuropneumoniae* fajba tartozást 16S riboszómális RNS-PCR-módszerrel és BIOLOG-vizsgálattal is igazolták. A szerotipizálást passzív hemagglutinációval, majd toxingének kimutatásán alapuló PCR-próbával végezték. A passzív hemagglutinációs próba során egyik törzset sem sikerült szerotipizálni. Ezek, az elfogadott szerotípusok egyikébe sem besorolható törzsek csupán az ellenük frissen termeltetett hiperimmun savókkal adtak pozitív reakciót. A toxingénekre alapozott PCR-próba alapján a törzsek 5a/5b szerotípusba tartoznak. Ez a két

szerotípus a toxinprofil alapján nem választható szét, ugyanis ezzel a módszerrel a keresztreakciók előfordulása miatt a szerotípusoknak csak négy csoportját lehet elkülöníteni. Vizsgálataik eredménye alapján egy új, nem besorolható szerotípust azonosítottak.

SULYOK KINGA MÁRIA, RÓNAI ZSUZSANNA, NAGY SÁRA, MAKRAI LÁSZLÓ, KECSKEMÉTNÉ TURCSÁNYI IBOLYA, KOVÁCS PÉTER, JÁNOSI SZILÁRD és GYURANECZ MIKLÓS *Myco-plasma* (*M.*) *bovis* törzsek fluorokinolon-érzékenységét vizsgálták molekuláris biológiai módszerekkel. A vizsgálatba 35, Magyarország különböző területeiről izolált *M. bovis* törzset vontak be. A mikroleves-hígítási módszer eredményeként három törzsnél kaptak nagy MIC-értéket (> 10 µg/ml). A DNS-giráz B alegységét kódoló *gyrB*, ill. a topoizomeráz IV C alegységét kódoló *parC* génekben egy-egy aminosavszinten is megnyilvánuló pontmutációt azonosítottak ezeknél a törzseknél. Ezen mutációkra tervezett MAMA-rendszerek eredményei egybevágtak a hagyományos leveshígítási módszernél kapott eredményekkel. A real-time PCR alapú rendszer érzékenysége 10³ CCU-nak, míg az agarózgél alapúé 10⁴ CCU-nak bizonyult. Egyik rendszer sem reagált az egyéb vizsgált, szarvasmarha-eredetű *Mycoplasma*-fajok örökítőanyagával. A kifejlesztett MAMA-rendszerek megbízhatók, gyorsak, költséghatékonyak, specifikusak és relatíve érzékenyek. A módszer lehetővé teszi, hogy a baktérium időigényes és költséges izolálása nélkül elkülönítsék a rezisztens és az érzékeny *M. bovis* törzseket, így növelve a gyógykezelés hatékonyságát.

VARGA ZSUZSANNA, SELLYEI BOGLÁRKA, PAULUS PETRA, PAPP MELITTA, MOLNÁR KÁLMÁN és SZÉKELY CSABA hazai halak *Flavobacterium* okozta megbetegedéséről számoltak be. A Magyarországon is leírt (CSABA, 1977) fekélyes bőrgyulladás kórokozóját korábban a *Flavobacterium* (*F.*) nemzetségbe és a *F. columnare* fajba sorolták be. Saját vizsgálataik során a flavobacteriumok kitenyészteséhez, tógazdasági és természetes vízből származó halak (ponty, compó, garda, dévérkeszeg, karika keszeg, ezüstkárász, csapósüggér, fogassüllő, kőszüllő és szibériai tok) fekélyes elváltozást mutató szerveiből (bőr, szem, kopoltyú, belső szervek) tápanyagszegény, szelektív Cytophaga-agart használtak. *F. columnare* fajspecifikusnak tartott PCR-eljárással 25 izolátumot azonosítottak. A genomtípus meghatározása során a 16S rRNS génre tervezett PCR-reakció termékét HaeIII és RsaI restriktív enzimmel hasítva, mind a kapott fragment nagyság, mind a hasítási kép eltért a szakirodalomban található adatoktól. 20 minta azonos méretű fragmentet adott és RFLP-mintázata is egyezett, további 3, ill. 1 törzs egyik restriktív enzimmel kapott hasítási mintázata különbözött az előbbiektől, míg 1 törzs mindkét restriktív enzimmel eltérő mintázatot mutatott. Az eltérő genomtípusoknak megfelelően kiválogatott törzsek

16S rRNS génjének mintegy 1550 bp nagyságú szakaszát szekvenálva megerősítették, hogy nem *F. columnare*-t, hanem 23 esetben egy közeli fajt, a 2004-ben leírt *F. johnsoniae*-t izolálták. A fennmaradó 2 izolátum egyike *Chryseobacterium piscium* volt, míg a másik egy név nélküli *Chryseobacterium*-fajjal bizonyult azonosnak. Az izolált törzsek multirezisztenciát mutattak a vizsgált antibiotikumokkal szemben annak ellenére, hogy az izolátumok többsége antimikrobiális szerrel nem kezelt állományból vagy természetes vízből származott.

SZEREDI LEVENTE, RÓNAI ZSUZSANNA, JÁNOSI SZILÁRD és BÁLINT ÁDÁM *Rhodococcus (R.) equi* okozta macska tüdőgyulladás esetét ismertették. Az *R. equi* világszerte előforduló talajlakó baktérium, amely elsősorban lovakat betegít meg. A kórokozót a macskák végtagjain és nyakán kialakuló, nem gyógyuló sebekből és tályogokból is kimutatták, a fertőzés azonban a belső szervekre csak ritkán terjedt át. A vizsgálatra került, 3,5 hónapos, nőtény, birman fajtájú macska néhány nappal a vásárlás után súlyos nehezített légzés tüneteit mutatva megbetegedett, majd a romló állapota miatt eutanáziára került sor. A kórbonctani vizsgálat során a mediastinumban és a jobb hátsó tüdőleányban egy-egy kb. 2 cm átmérőjű, fal nélküli, gennyel telt üreget, a hörgőkörüli nyirokcsomók és a máj megnagyobbodását, valamint az utóbbi állományában elszórtan elmosódott határú, 1–2 mm átmérőjű, szürkésfehér gócot találtak. A kórszöveti vizsgálatnál a tályogokban számos neutrophil granulocytát és macrophag sejtet, a lépben és a tüdőben pyogranulomatosis gyulladást, a májban multifokális elhalásos gyulladást, valamint heveny centrolobularis elfajulást, végül a vesében friss keletű vérzéseket figyeltek meg. Az elváltozást mutató területeken a macrophagokban Brown–Brennfestéssel Gram-pozitív, Stamp-festéssel pirosra festődő coccusokat mutattak ki. A lépéből és a májból dús tenyésztetben, kissé nyálkás, szürkésfehér színű telepeket tenyésztettek ki. Biokémiai tesztekkel és a BIOLOG-rendszerrel a baktériumot *R. equi*-ként határozták meg. A VapA antigén és a macska-leukosis, valamint a macska-AIDS kimutatását célzó vizsgálatok negatív eredményre vezettek. Az izolátum az immunhisztokémiai vizsgálat alapján a nem virulens törzsekhez tartozott. Az állat fiatal korán túl, megbetegedésre hajlamosító tényezőt nem sikerült kimutatni.

Dr. János Szilárd

ÉLELMISZERHIGIÉNY, ÁLLATEGÉSZSÉGÜGYI IGAZGATÁS

A szekció az ülését 2015. január 26-án tartotta a SZIE Állatorvos-tudományi Kar továbbképzési tantermében. A társelnökök LACZAY PÉTER és ÓZSVÁRI LÁSZLÓ voltak.

NAGY BÉLA, SONJA SMOLE-MOŽINA, JASNA KOVAČ, DAGMAR SCHODER, ANJA STRAUSS, SABINE SCHLAGER, JANINE BEUTLICH, BERND APPEL, MARIJA LUŠICKY, MOJCA CIMERMAN, PAVEL APRIKIAN, ISTVÁN TÓTH, RENÁTA KUGLER, AMA SZMOLKA és MARTIN WAGNER *Zoonotikus kórokozók az EU határokon illegálisan behozott élelmiszerekben* címen tartottak előadást. Az EU FP7 PROMISE projekten belül a WP1 munkacsoportot az MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézetének Enterális Bakteriológia és Alimentáris Zoonózis tanszék vezetője vezeti. Feladata: az EU-határok utasforgalmában illegálisan áthozott, elsődlegesen az állati eredetű, élelmiszerekkel terjedő zoonotikus kórokozók (*Salmonella*, verotoxikus *E. coli*, multirezisztens *E. coli*, *Campylobacter*, *Listeria monocytogenes*) kimutatása és molekuláris jellemzése. A munkacsoport vizsgálatának célja, hogy eddig kevésbé vagy egyáltalán nem vizsgált, az EU-határokon kívüli fertőzési forrásokról és az általuk képviselt kockázatokról pontosabb képet kaphassanak, s azt a fogyasztók felé továbbíthassák. Összesen 2580 mintát dolgoztak fel. A kimutatási módszerek alapját a kórokozókra érvényes ISO-módszerek és szükség esetén azokhoz rendelt PCR-ek alkották, míg a fenotípusos és molekuláris jellemzésre szerológiai, szövettenyésztési, ill. PCR, RT-PCR, PFGE, MLST és PCR-microarray rendszereket alkalmaztak. Eredményeik nemzetközileg elsőként szolgáltatnak harmonizált módszereken alapuló összehasonlítható adatokat az EU-ba irányuló utasforgalom élelmiszerbiztonsági kockázatainak értékelésére. A vizsgált zoonotikus baktériumok gyakorisága az EU-országok idevonatkozó, EFSA-jelentésekben szerepeltetett gyakorisági adataitól lényegesen nem tért el, egyes esetekben eddig kevésbé ismert vagy ismeretlen genotípusok (pl. VTEC), és/vagy genetikai variánsok (*Listeria monocytogenes*) vagy rezisztencia- és virulencia-determinánsok (pl. MDR *E. coli*) voltak kimutathatók. Mivel a kívülről jövő kórokozók virulencia- és rezisztenciadeterminánsai új és váratlan közegészségügyi veszélyforrásokot képezhetnek, korai felismerésükre ilyen módon is törekedni kell.

Csősz György, Barátossy Gábor, Brózik Eszter és Maróti-Agóts Ákos a tehéntej borból molekuláris módszerek segítségével történő kimutatásának lehetőségét ismertették. A szarvasmarha-mitochondriumokat tartalmazó tehéntej többféle okból lehet a borban. Derítésre, azaz a borban lebegő vagy oldott anyagok kicsapására és a savak finomítására használható a borok kezelése során, de mint szennyeződés is kerülhet a borba, akár egy speciális borhamisítási módszer során, amikor hazánkba a gyenge minőségű bor a külföldre tejet szállító kamionokban visszárúként érkezik. Az importált bort szintén gyenge minőségű magyar borral keverve értékesítik. A tej kimutatása az ilyen módon hamisított borokból

felveti a tartálykocsi szabályos tisztításának kérdését is. A szerzők kísérleteikben a tehéntejben előforduló szarvasmarha-mtDNS a kimutatandó célmolekula volt. Neves termelőktől származó tiszta magyar borokból és Olaszországból érkező tartálykocsikból származó borokból vett mintákat dolgoztak fel. Hagyományos PCR segítségével 10-szeres, real-time PCR használatával a tej 1000-szeres boros hígításából mutattak ki a target molekulára jellemző szekvenciát, míg tehéntej vizes hígítási sorából, mind hagyományos, mind real-time PCR alkalmazásával 10 000-szeres hígításokból is kimutatható volt. Gyári szarvasmarha-kazeinben és kereskedelmi forgalomban kapható borokban is szarvasmarha mitokondriális DNS-tartalomra utaló jeleket tapasztaltak. Eredményeik alapján a szerzők arra következtettek, hogy a mitokondriális DNS a tej indikátormolekulája, jó választás lehet egyes elegyekben a fajspecifikus tejtartalom kimutatására. A szerzők által kidolgozott módszer a tejallergének élelmiszerekben való kimutathatóságához nagyban hozzájárulhat.

ERDŐSI ORSOLYA, SZAKMÁR KATALIN és SZILI ZSUZSANNA *Campylobacteriumok gyors kimutatása élelmiszerekből* címmel tartottak előadást. Az elmúlt években a szerzők redoxpotenciál mérésen alapuló gyors vizsgálati módszert dolgoztak ki különböző élelmiszerek esetében élelmiszer-biztonsági szempontokból fontos baktériumok (*Salmonella*, *Listeria monocytogenes*) gyors kimutatására redoxpotenciál-mérés és real-time PCR-vizsgálat kombinált alkalmazásával. A vizsgálatokat kiterjesztették *Campylobacteriumok* kimutatására is. Kísérleteik célja a *Campylobacteriumok* tenyésztésére alkalmazható táptalajok közül a legszelektívebb kiválasztása, az egyetlen *Campylobacter*-sejt kimutatásához szükséges vizsgálati idő meghatározása és a redoxpotenciál mérésen alapuló vizsgálattal *Campylobacter*-pozitívnak bizonyult minták real-time PCR-készülékkel történő azonosítása volt. A kiválasztott szelektív táplevesben meghatározták a *Campylobacter coli* és a *Campylobacter jejuni* különböző törzseinek kalibrációs görbéit, illetve az egyetlen *Campylobacter*-sejt kimutatásához szükséges tenyésztési időt. Nyers csirkehúsban végzett vizsgálatokkal igazolták, hogy a redoxpotenciál-méréssel, mint elődúsítással kombinált real-time PCR-módszer alkalmas *Campylobacteriumok* élelmiszerekből történő gyors kimutatására.

LÁSZLÓ NOÉMI és SZAKMÁR KATALIN előadásának témája a béta-laktám antibiotikum-maradékanyagot tartalmazó tej gátlóhatásának vizsgálata gyors módszerrel volt. A hivatalosan előírt várakozási idő be nem tartása esetén a tejben megjelenő gyógyszer-maradékanyagok egészségkárosító hatásai jelentősek (pl. penicillinek allergizáló hatása), valamint az antimikrobiális hatású maradékanyagok komoly gazdasági kárt okoznak a

tejipari starterkultúrák szaporodásának gátlásával. A vizsgálatok célja volt a fogyasztói tejek, ill. tejtermékek előállítására használt pasztörözési eljárásoknak a nyers tejben potenciálisan megjelenő gyógyszerhatóanyagok bomlására gyakorolt befolyásának vizsgálata a reziduumok gátlóhatásának vizsgálatán keresztül, mikrobiológiai módszerrel. Antimikrobiális szerekkel kezelt állatokból származó, nyers és hőkezelt tejmintákban visszamaradó reziduumok gátlóhatását a tejipari starterkultúrára a redoxpotenciál változásának mérésén alapuló gyors mikrobiológiai módszerrel vizsgálták. A tejipari starterkultúrák közül a joghurtgyártásban használt mikrobák, a *Lactobacillus bulgaricus*, ill. a *Streptococcus thermophilus* szaporodására (a tej alvadási idejére) gyakorolt hatását vizsgálták, amit a detektációs idő változásával jellemezünk. A szerzők meghatároztuk az antibiotikum-koncentráció változásának hatását a joghurtmikroflóra szaporodására nyers és hőkezelt tejmintákban a különböző antibiotikumok esetében. A reziduumok jelenléte jelentősen, akár tízszeresére is növeli a tej alvadási idejét. A gyakorlatban alkalmazott hőkezelési eljárások hatására a tejben lévő reziduumok gátlóhatása a tejipari starterkultúrára jól meghatározható ez egyes antimikrobiális hatóanyagok esetében.

LÁSZLÓ NOÉMI, KMELLÁR BÉLA, SZITA MÓNIKA és BÉKÉSI LÁSZLÓNÉ előadásuk során ismertették a béta-laktám antibiotikum-maradékanyagot tartalmazó tej vizsgálatát HPLC/MS/MS módszerrel. A nyers tej hőkezelésére alkalmazott eljárások elsődlegesen a mikroorganizmusok elpusztítását, másrészt technológiai célokat szolgálnak, valamint a potenciálisan a tejbe került gyógyszer-maradékanyagok bomlásához is hozzájárulnak. Vizsgálataik célja gyakorlati körülmények között, állatgyógyászatban széles körben alkalmazott antibiotikumokkal kezelt állatokból nyert és a tejipari gyakorlatnak megfelelően, lemezpasztörön hőkezelt tejmintákban meghatározni az egyes hatóanyagok bomlásának mértékét. Az előírt várakozási idő letelte előtt több időpontban nyert tejmintákat a tejiparban alkalmazott különböző pasztörözési eljárásokkal laboratóriumi pasztörözőberendezésen hőkezelték. A minták antibiotikum-koncentrációját a hőkezelést megelőzően, ill. azt követően folyadékromatográfiás/tandem spektrometriás (HPLC/MS/MS) módszerrel vizsgálták. Az analitikai vizsgálatok egyértelmű összefüggést mutattak a hőkezelés paraméterei és a hőkezelés utáni maradékanyag-koncentrációk között a vizsgált antibiotikum-hatóanyagok esetében, valamint meghatározták az egyes reziduumok bomlásának mértékét is.

Dr. Erdősi Orsolya