

Significance of *Mycobacterium avium* subspecies *avium*, 'hominissuis'[#], and *silvaticum*, and data on their occurrence in Hungary

Rónai Zsuzsanna^{1*}
Csivincsik Ágnes²
Gyuris Éva¹
Rígó Dóra¹
Dán Ádám¹

Zs. Rónai^{1*}
Á. Csivincsik²
É. Gyuris¹
D. Rigó¹
Á. Dán¹

1. NÉBIH Állat-egészségügyi
Diagnosztikai Igazgatóság
H-1143 Budapest, Táborkodó u. 2.

*e-mail: ronai.zsuzsanna@gmail.com

2. Kaposvári Egyetem, Diagnosztikai
és Onkoradiológiai Intézet
Kaposvár

Mycobacterium avium subspecies *avium*, „*hominissuis*”[#] és *silvaticum* alfajok jelentősége és magyarországi előfordulása

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők *Mycobacterium avium* ssp. *avium*, „*Mycobacterium avium* ssp. *hominissuis*” és *Mycobacterium avium* ssp. *silvaticum* törzsek magyarországi előfordulásáról számolnak be. Hasonlóan a *M. avium* ssp. *paratuberculosis* alfajhoz, ezen alfajok is képesek fals pozitív vagy kétes reakciót kiváltani a tuberkulin bőrpróbában, ezáltal megnehezíthetik a szarvasmarha-gümőkór diagnosztikáját. 2006 és 2015 között összesen 301 *M. avium* törzset izoláltak, melyek nem bizonyultak *M. avium* ssp. *paratuberculosis*-nak. A 290 törzsen elvégzett molekuláris biológiai identifikáló módszerekkel 140 törzset *M. avium* ssp. *avium*-ként, 87 törzset „*M. avium* ssp. *hominissuis*”-ként és 63 törzset *M. avium* ssp. *silvaticum*-ként azonosítottak. Madaraktól szinte kizárólag *M. avium* ssp. *avium*-ot izoláltak, gímszarvasban és szarvasmarhában a „*M. avium* ssp. *hominissuis*” alfaj, míg sertésben, vaddisznóban és rókában a *M. avium* ssp. *avium* dominált. Az izolált nagyszámú *M. avium* ssp. *silvaticum* törzs felhívja a figyelmet ezen alfaj jelentőségére is. Összességében elmondható, hogy a *M. avium* ssp. *paratuberculosis* alfaj mellett a *M. avium* ssp. *avium*, „*M. avium* ssp. *hominissuis*” és *M. avium* ssp. *silvaticum* alfajok is rendszeresen izolálhatók hazánk egész területéről származó házi és vadon élő emlős és madárfajok mintáiból egyaránt. A kutya és varánusz esetek felhívják a figyelmet a zoonotikus fertőzések lehetőségére, a vadon élő állatok pedig mint rezervoárok tartják fenn és terjesztik ezen kórokozókat.

SUMMARY

The authors report on the occurrence of *Mycobacterium avium* ssp. *avium*, '*Mycobacterium avium* ssp. *hominissuis*'; and *Mycobacterium avium* ssp. *silvaticum* in Hungary. Similar to *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis*, these subspecies are also capable of provoking immunological cross-reactivity in tuberculin skin test, thus hampering the in vivo diagnosis of bovine tuberculosis. Between 2006 and 2015 the authors isolated 301 *Mycobacterium avium* strains which were other than *M. avium* ssp. *paratuberculosis*. Molecular biological identification methods were applied on 290 isolates, and 140 *M. avium* ssp. *avium*, 87 '*M. avium* ssp. *hominissuis*' and 63 *M. avium* ssp. *silvaticum* strains were detected. From avian hosts the authors almost exclusively identified *M. avium* ssp. *avium*. In red deer and cattle '*M. avium* ssp. *hominissuis*' was dominant while from swine, wild boars and red foxes *M. avium* ssp. *avium* was isolated more often. The high number of *M. avium* ssp. *silvaticum* isolates indicates the importance of this subspecies. It can be stated that beside *M. avium* ssp. *paratuberculosis* *M. avium* ssp. *avium*, '*M. avium* ssp. *hominissuis*', and *M. avium* ssp. *silvaticum* are also consequently isolated from the whole geographic region of Hungary equally from domestic and wild mammals and birds. The dog and monitor lizard cases highlight the possibility of zoonotic infections, while the wild animals serve as reservoirs in maintaining and spreading these pathogens.

[#]javasolt alfajnév / suggested subspecies name

A *Mycobacterium avium* fajnak a közismert és világszerte elterjedt *M. avium* ssp. *paratuberculosis* alfaja mellett további alfajai is ismertek, amelyek mind az állat-egészségügy, mind pedig a közegészségügy szempontjából kiemelkedő jelentőséggel bírnak (20).

A *Mycobacterium avium* alfajai állat-egészségügyi és közegészségügyi szempontból is jelentősek

A *M. avium* fajba három alfaj tartozik: az ssp. *avium*, az ssp. *silvaticum* és az ssp. *paratuberculosis*

A *M. avium* fajt először 1901-ben CHESTER professzor írta le „A Manual of Determinative Bacteriology” című könyvében (6). Később, 1990-ben THOREL és mtsai leírása alapján a fajt három alfajra bontották: *M. avium* ssp. *aviumra*, *M. avium* ssp. *silvaticumra* és *M. avium* ssp. *paratuberculosisra* (18). 2002-ben MUIJS és mtsai a humán és sertés eredetű törzsek számára javasolta a „*M. avium* ssp. *hominissuis*” elnevezést (14). Habár a *M. avium* a lassan növekvő mycobacteriumok csoportjába tartozik, nagy különbségek vannak az egyes alfajok növekedési tulajdonságai között.

A *M. avium* ssp. *avium* alfaj 7–10 nap alatt képez látható telepeket, növekedéséhez mycobactint nem igényel, S telepeket képez, optimális növekedési hőmérséklete 45 °C. Mint obligát patogén baktérium a madarak gümőkórjának kórokozója, de opportunistá patogénként a legkülönbébb fajokban és az emberben is képes megbetegedéseket kialakítani (15).

A *M. avium* ssp. *silvaticum* alfaj 6–8 hét alatt növekszik, mycobactint igényel, R telepeket képez, amelyet először orvos galambok (*Columba palumbus*) gümőkóros elváltozásaiból izoláltak (18).

A javasolt „*M. avium* ssp. *hominissuis*” alfaj képes a legszélesebb hőmérsékleti tartományban növekedni (18–45 °C). Telepmorfológiája azonos a *M. avium* ssp. *aviummal*, növekedéséhez mycobactint nem igényel (15).

Az egyes alfajoknak eltérő növekedési tulajdonságaik mellett eltérő a gazdaspektrumuk, a molekuláris biológiai tulajdonságaik és a patogenitásuk.

A *M. avium* ssp. *aviumot* ritkán izolálják környezeti mintákból, talajból vagy vízből, így feltételezhetően a fertőzött gazdák tartják fenn és terjesztik e kórokozót. HEJLICEK és TREML (9) vizsgálatai szerint ez egyes madárfajok eltérő fogékonyt mutatnak ezen kórokozóra: a házityúk, a fácán és a házi veréb a legérzékenyebb, míg például a vetési varjú a legellenállóbbak csoportjába tartozik. A különböző házi és vadon élő madárfajok mellett azonban kimutattak már *M. avium* ssp. *aviumot* szarvasmarhákból, lovakból, sertésekből és egyéb házi és vadon élő emlősökből is. FRIEND és FRANSON (7) a lehetséges gazdafajok érzékenységét vizsgálva megállapították, hogy míg a madarak, sertések és nyulak igen fogékonyak a kórokozóra, addig a kutyák, macskák és az ember különösen ellenállóak. Molekuláris biológiai tulajdonságait tekintve IS901-es és IS1245-ös inzerációs elemeket tartalmaz, amelyek segítik az alfaj azonosítását (8, 11).

A „*M. avium* ssp. *hominissuis*” alfaj a legsikeresebb a gazdafajon kívüli túlélés tekintetében. Kimutatták már talajból, porból, takarmányból, de a legfontosabb a természetes és vezetékes vizekben való jelenléte, aminek köszönhetően szinte lehetetlen megvédeni az állatokat és az embert ettől a kórokozótól. Ez az alfaj tartalmazza az IS1245-ös, de nem tartalmazza az IS901-es inzerációs elemet, így molekuláris biológiai módszerrel könnyen identifikálható (12).

A *M. avium* ssp. *silvaticum* alfajról van a legkevesebb ismeretünk, ami a speciális tenyésztési igényeinek és nehézkes azonosításának következménye. Elsőként orvos galambból izolálták, de mint ahogy a neve is mutatja, gyakori vadon élő állatokban is. A *M. avium* ssp. *silvaticum* és *M. avium* ssp. *avium* alfajok genomja közötti nagyfokú homogenitás miatt molekuláris biológiai módszerekkel sokáig nem lehetett elkülöníteni e két alfajt (17).

Hasonlóan a *M. avium* ssp. *paratuberculosis* alfajhoz, ezen alfajok is képesek immunológiai áthangolódás következtében fals pozitív vagy kétes reakciót kiváltani a tuberkulin-bőrpróbában, ami a gümőkór-diagnosztika szempontjából kiemelkedő fontosságú (3).

Az emberi és a sertés eredetű törzsek számára javasolták az „ssp. *hominissuis*” alfajt

A „*hominissuis*” alfaj a legsikeresebb a gazdafajon kívüli túlélés tekintetében

Mivel az elmúlt húsz évben BENCE (4) és mtsai esetleíró cikkén kívül nem jelent meg közlemény a *M. avium* ssp. *paratuberculosis* melletti *M. avium* alfajok magyarországi előfordulásáról, így vizsgálataink célja az volt, hogy az elmúlt években izolált törzsek alapján képet adjunk ezen *M. avium* alfajok hazai jelenlétéről, a kórokozók lehetséges gazdaspektrumáról és az okozott kórképekről.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A mycobacterium-tenyésztést tampon-, bélsár-, vizelet-, punktátum-, bioptátum-, szövet- és szervmintákból végeztük, amelyek vagy tuberkulinpozitív állatok diagnosztikai mintái, vagy monitoringminták, vagy kutatási céllal vizsgált minták voltak. A tenyésztést szerv- és szövetminták esetén makroszkópos kórbonctani és mikroszkópos kórszövettani vizsgálat előzte meg.

Homogenizálást követően a mintákat 5%-os oxálsavval 15 percig dekontamináltuk, majd 10 percig 3000 ×g-n végzett centrifugálással koncentráltuk. A felülúszó elöntését követően az üledéket 2 ml steril foszfátpufferoldatban oldottuk vissza, amellyel 2 mg/l mycobactin J (Synbiotics Europe, Lyon, Franciaország) tartalmú Herrold's és Middlebrook 7H11, Löwenstein-Jensen, piruváttal kiegészített Löwenstein-Jensen ferdeagarokat és Middlebrook 7H9 levestáptalajokat (BD Difco, Hiedelberg, Németország) oltottunk be. A táptalajokat 2 hónapon át 37 °C-on inkubáltuk, és a baktériumnövekedést hetente vizsgáltuk megtekintéssel. A levestáptalajokat 4 hetente Ziehl-Neelsen- (ZN-) festéssel ellenőriztük.

Minden gyanús tenyészetet megfestettünk ZN szerint, és a pozitív mintákból főzéssel és ultrahangos kezeléssel DNS-t vontunk ki molekuláris biológiai vizsgálatok céljára.

Az izolált törzsek *Mycobacterium avium* (MAC) és *Mycobacterium tuberculosis* komplexekbe (MTC) tartozását WILTON és COUSINS (21) multiplex PCR-rendszerével végeztük. A MAC-be tartozó törzsek esetén az egyes alfajok azonosításához ÁLVAREZ (2) módszerével vizsgáltuk az IS901 és IS1245-ös inzerációs elemek jelenlétét vagy hiányát, majd elvégeztük a *M. avium* ssp. *avium* és *M. avium* ssp. *silvaticum* alfajok elkülönítését RÓNAI és mtsai (16) módszerével.

EREDMÉNYEK

2006 és 2015 között összesen 301 *M. avium* törzset izoláltunk, amelyek nem bizonyultak *M. avium* ssp. *paratuberculosis*-nak. A 290 törzsen elvégzett (11 törzset a tenyészetek szennyezettsége miatt nem tudtunk további vizsgálatokba bevonni) molekuláris biológiai vizsgálatok segítségével 140 törzset *M. avium* ssp. *avium*-ként, 87 törzset „*M. avium* ssp. *hominissuis*”-ként és 63 törzset *M. avium* ssp. *silvaticum*-ként azonosítottunk (1. táblázat).

A *M. avium* ssp. *avium* törzseket különböző házi, vad és állatkerti madárfajokból, valamint házi és vadon élő emlősökből és egy varánuszából izoláltuk (2. táblázat). A madarakban (1. ábra) és a varánuszban kivétel nélkül láttunk makroszkópos kórbonctani elváltozásokat – leginkább a májban és a lépben, milliáris góccok formájában –, amelyek kórszövettani vizsgálattal gümőkórra jellemző felépítésű granulomáknak bizonyultak. Sertésekben a *M. avium* fertőzés általában nem okoz klinikai tüneteket, így az elváltozások leggyakrabban vágóhídi leletből ismerhetők fel. Minden vizsgált sertésmintában találtunk jellegzetes elváltozásokat, amelyek leginkább a bélfodri nyirokcsomókra korlátozódtak. A nyirokcsomók általában mérsékelten megnagyobbodtak, és kifejezett góccok helyett inkább márványozott rajzolatot mutattak a metszési felületen. A rókákban és a gímszarvasokban nem találtunk sem makroszkópos, sem mikroszkópos

A különböző mintákat tenyésztéssel, ZN-festéssel, majd molekuláris biológiai módszerekkel vizsgálták

A 290 vizsgált törzsből 140 volt ssp. *avium*, 87 „ssp. *hominissuis*”, 63 ssp. *silvaticum*

Az *avium*-alfajt madaraktól, emlősöktől és egy varánuszról is kimutatták

1. TÁBLÁZAT. 2006–2015 között Magyarországon izolált *Mycobacterium avium* alfajok évenkénti megoszlása

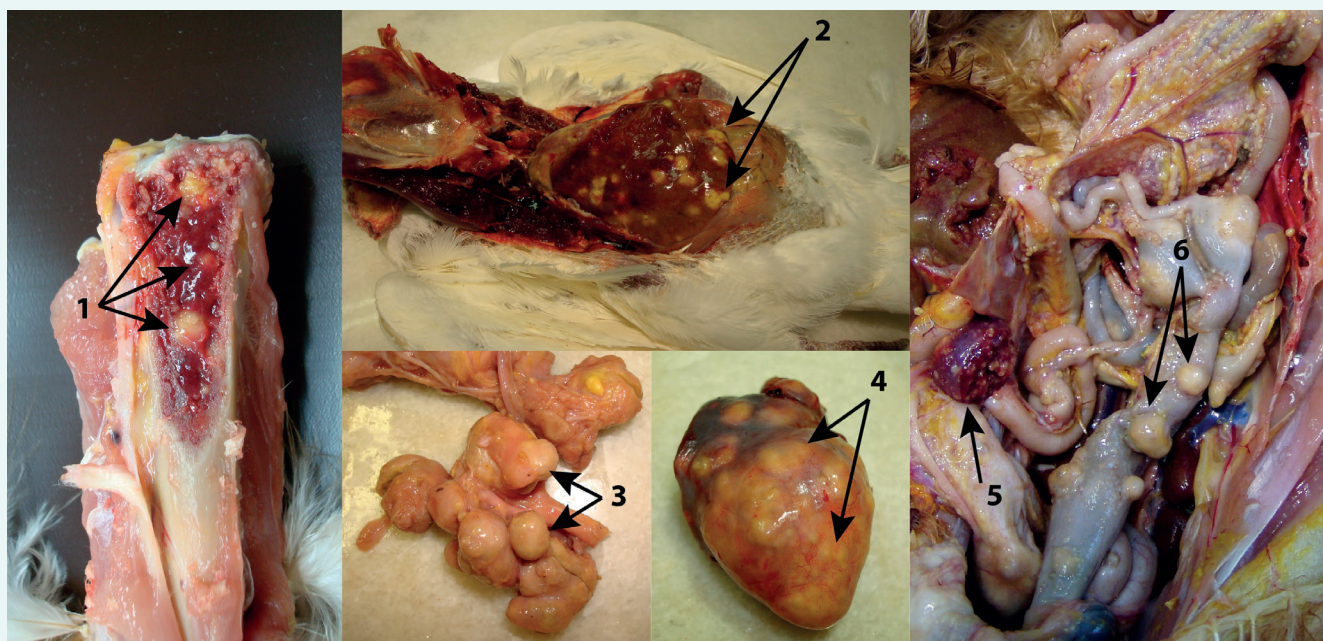
TABLE 1. Isolation data of *Mycobacterium avium* subspecies in Hungary between 2006 and 2015

Év	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	Összesen
Összes vizsgált minta (db)	762	1259	1574	1290	1170	1301	998	1125	899	10378
Összes pozitív minta (db)	129	262	368	181	352	237	258	281	239	2307
Nem MA-pozitív minták (db)	108	187	198	65	220	132	174	174	145	1403
MA-pozitív minták (db)	21	75	170	116	132	105	84	107	94	904
MAP-pozitív minták (db)	13	28	118	82	109	76	43	64	70	603
MAA-pozitív minták (db)	6	23	22	27	8	16	23	9	6	140
MAH-pozitív minták (db)	1	17	25	5	12	3	3	10	11	87
MAS-pozitív minták (db)	0	0	3	2	3	10	15	23	7	63
Pozitivitás (%)	16,93	20,81	23,38	14,03	30,09	18,22	25,85	24,98	26,59	22,23
MA-pozitivitás (%)	16,28	28,63	46,20	64,09	37,50	44,30	32,56	38,08	39,33	39,19
MAP-pozitivitás (%)	61,90	37,33	69,41	70,69	82,58	72,38	51,19	59,81	74,47	66,70
MAA-pozitivitás (%)	28,57	30,67	12,94	23,28	6,06	15,24	27,38	8,41	6,38	15,49
MAH-pozitivitás (%)	4,76	22,67	14,71	4,31	9,09	2,86	3,57	9,35	11,70	9,62
MAS-pozitivitás (%)	0,00	0,00	1,76	1,72	2,27	9,52	17,86	21,50	7,45	6,97

A táblázat felső soraiban a 2006 és 2015 között vizsgált minták számát, az ezen belül *Mycobacterium*ok jelenlétére pozitív minták számát, a pozitív mintákon belül a *Mycobacterium avium* (MA) pozitív minták számát, valamint a különböző *Mycobacterium avium* alfajokra (*M. avium* ssp. *paratuberculosis*: MAP, *M. avium* ssp. *avium*: MAA, „*M. avium* ssp. *hominissuis*”: MAH, *M. avium* ssp. *silvaticum*: MAS) pozitív minták megoszlását tüntették fel. Az alsó sorokban az összes vizsgált mintán belüli pozitivitás, a pozitív mintákon belüli *Mycobacterium avium* pozitivitás, valamint a *Mycobacterium avium* pozitivitáson belül a négy alfaj pozitivitásának százalékos aránya látható

1. ÁBRA. *Mycobacterium avium* subsp. *avium* okozta elváltozások tyúk csontveljében (1), galamb májában (2), kacsza mediastinumában (3), pulyka szívében (4), valamint tyúk lépében (5) és bélcsatornájában (6)

FIGURE 1. Tuberculous lesions caused by *Mycobacterium avium* subsp. *avium* in chicken bone marrow (1), pigeon liver (2), duck mediastinum (3), turkey heart (4), and chicken spleen (5) and gut (6)



2. TÁBLÁZAT. *Mycobacterium avium* ssp. *avium*, „*hominissuis*” és *silvaticum* alfajok állatfajonkénti megoszlása**TABLE 2.** Number of *Mycobacterium avium* ssp. *avium*, 'hominissuis', and *silvaticum* subspecies isolates by species of origin

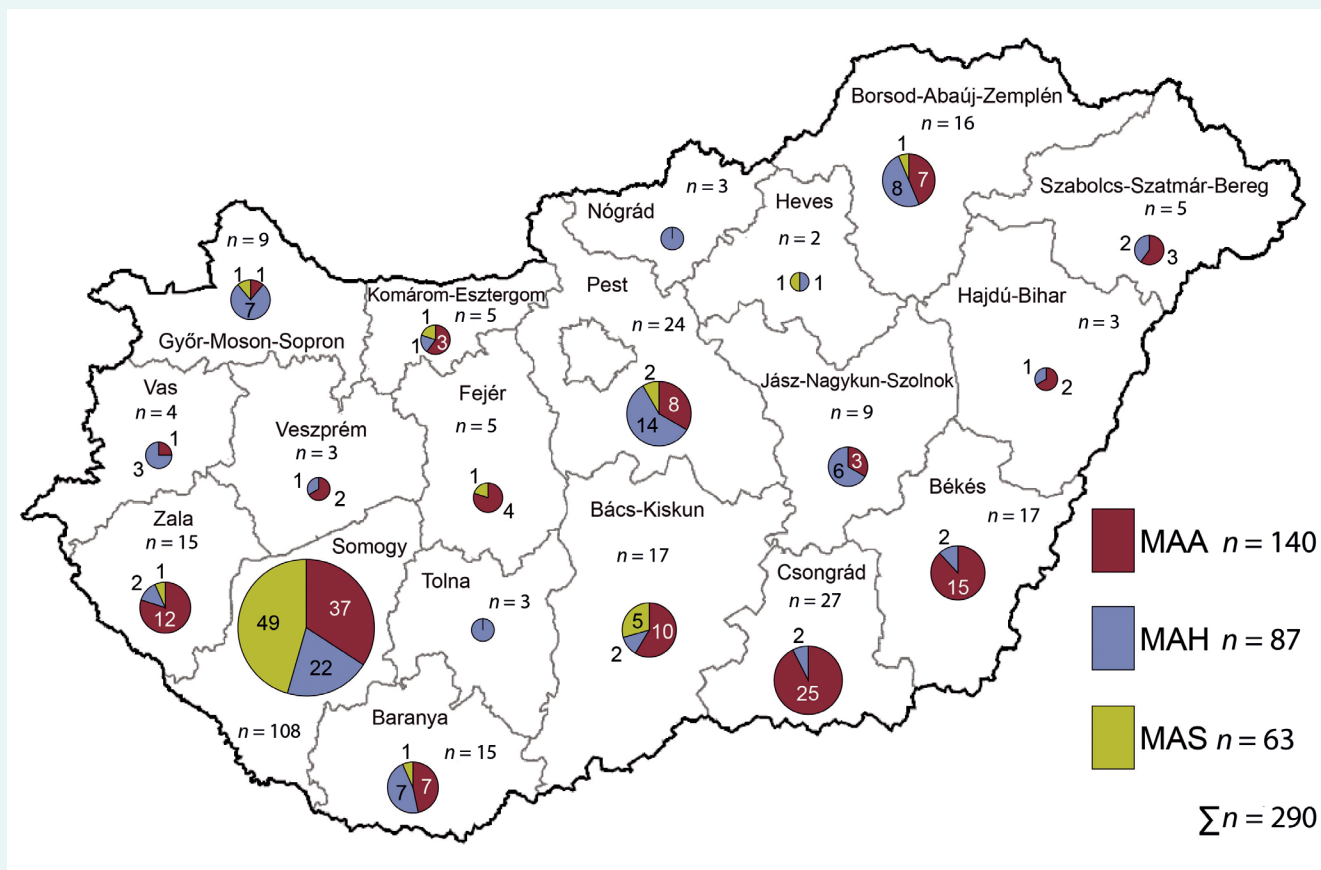
Állatfaj	<i>Mycobacterium avium</i> subsp. <i>avium</i> (db)	„ <i>Mycobacterium avium</i> subsp. <i>hominissuis</i> ” (db)	<i>Mycobacterium avium</i> subsp. <i>silvaticum</i> (db)	<i>Mycobacterium avium</i> (db)
Barát réce	1	0	0	1
Fütyös réce	1	0	0	1
Tőkés réce	1	0	0	1
Házigalamb	1	0	0	1
Erdei fülesbagoly	1	0	0	1
Tragopán	1	0	0	1
Turákó	1	1	0	2
Tyúk	7	0	0	7
Kacsa	1	0	0	1
Páva	0	1	0	1
Pulyka	1	0	0	1
Madarak összesen	16	2	0	18
Alfajok százalékos megoszlása a madarak között	88,88%	11,12%	0%	100%
Róka	8	0	2	10
Borz	0	0	1	1
Gímszarvas	2	15	10	27
Vaddisznó	52	14	45	111
Muflon	0	1	0	1
Sertés	47	14	0	61
Szarvasmarha	14	40	5	59
Kutya	0	1	0	1
Emlősök összesen	123	85	63	271
Alfajok százalékos megoszlása az emlősök között	45,38%	31,36%	23,26%	100%
Varánusz	1	0	0	1
Egyéb összesen	1	0	0	1
Mindösszesen	140	87	63	290
Alfajok százalékos megoszlása	48,27%	30%	21,73%	100%

elváltozásokat. A vaddisznóminták fele-fele arányban, míg a szarvasmarhaminták, habár mind tuberkulinpozitív állatokból származtak, csupán két esetben tartalmaztak elváltozásokat.

A „*M. avium* ssp. *hominissuis*” törzseket, egy-egy állatkerti páva és turákó kivételével emlős állatokból izoláltuk (vö. 2. táblázat). A kutyaesetről 2013-ban BENEDE és msai (4) részletesen beszámoltak. A muflon- és a sertésesetek szintén jellegzetes kórbonctani és kórszövettani képet mutattak, a gímszarvasminták pedig mind negatívak voltak. A vaddisznóminták szintén fele-fele arányban tartalmaztak elváltozásokat, és a szarvasmarhák közül itt is csupán kettőben voltak makroszkópos góccok. Érdekes azonban, hogy 5 törzset olyan szarvasmarhákból izoláltunk, amelyek negatívan reagáltak a tuberkulin-bőrpróbában.

A „*hominissuis*”-alfajt két kivétellel házi és vadon élő emlősökből mutatták ki

2. ÁBRA. Magyarország egyes megyéiből izolált *Mycobacterium avium ssp. avium* (MAA), „*Mycobacterium avium ssp. hominissuis*” (MAH) és *Mycobacterium avium ssp. silvaticum* (MAS) alfajok megoszlása
FIGURE 2. *Mycobacterium avium ssp. avium* (MAA), ‘*Mycobacterium avium ssp. hominissuis*’ (MAH) and *Mycobacterium avium ssp. silvaticum* (MAS) subspecies isolates in Hungary by counties



A *silvaticum*-alfajba tartozó törzseket zömmel vadon élő állatokból mutatták ki

A *M. avium ssp. silvaticum* törzseket (vö. 2. táblázat) öt – legelőn tartott, tuberkulin-bőrpróbában reagáló, de kórbonctani elváltozásokat csak egy esetben mutató – szarvasmarha kivételével vadon élő állatokból izoláltunk. A borz- és a rókaminták nem mutattak elváltozásokat, de a gímszarvasok közül 3 és a vad-disznók közel fele igen.

„*M. avium ssp. hominissuis*” törzseket Fejér, míg *M. avium ssp. avium* törzseket Tolna, Nógrád és Heves megyék kivételével Magyarország minden más területéről izoláltunk, míg a *M. avium ssp. silvaticum* törzsek Bács-Kiskun, Baranya, Borsod-Abaúj-Zemplén, Fejér, Győr-Moson-Sopron, Heves, Komárom-Esztergom, Pest, Somogy és Zala megyékből származtak (2. ábra).

MEGVITATÁS

Habár a 2006 és 2015 között izolált *Mycobacterium*-törzsekben mutatkozó közel 40%-os *M. avium* pozitívitas több mint 60%-a a *M. avium* subsp. *paratuberculosis* fertőzésekből eredt, nem hagyhatjuk figyelmen kívül a *M. avium ssp. avium*, „*M. avium ssp. hominissuis*” és *M. avium ssp. silvaticum* alfajokat sem (vö. 1. táblázat). Mindhárom alfaj rendelkezik zoonotikus potenciállal, így a fertőzött állatok veszélyt jelenthetnek a gondozókra, az állatorvosokra, a vadászokra, vala-

**Az avium-alfaj
a madarak gümőkórjá-
nak obligát patogén
kórokozója, madaraktól
szinte kizárólag ezt
az alfajt izolálták**

mint a vágóhídi és húsüzemi dolgozókra (5). A *M. avium* ssp. *silvaticum*ot összefüggésbe hozták a Crohn-betegséggel (13), a „*M. avium* ssp. *hominissuis*” és *M. avium* ssp. *avium* alfajok pedig leginkább immunhiányos emberekben okoznak megbetegedéseket (10, 19).

Magyarországon elsőként számolunk be *M. avium* ssp. *avium*, „*M. avium* ssp. *hominissuis*” és *M. avium* ssp. *silvaticum* törzsek előfordulásáról különböző házi, vadon élő és állatkerti állatokban.

A bevezetett molekuláris biológiai identifikáló módszerek lehetővé teszik a törzsek gyors és pontos azonosítását, így lehetőség nyílik az egyes alfajok elterjedtségének, gazdaspektrumának és patogenitásának vizsgálatára.

A *M. avium* ssp. *avium* a madarak gümőkórjának obligát patogén kórokozója, amit jól mutat, hogy madaraktól szinte kizárólag ezt az alfajt izoláltuk. Emlős állatokban előfordulása dominált rókában, vaddisznóban és sertésben is, és összességében a három vizsgált alfajba tartozó törzsek közel 50%-át adta. A „*M. avium* ssp. *hominissuis*”-t általában gyakrabban izolálják sertésekből (1), azonban saját vizsgálatainkban alulmaradt a *M. avium* ssp. *avium*mal szemben és csupán gímszarvasban és szarvasmarhában dominált a jelenléte. Habár TURENNE 2007-es összefoglaló cikkében még megkérdőjelezte az alfaj valódiságát (20), az elmúlt években közel annyi *M. avium* ssp. *silvaticum* törzset izoláltunk, mint „*M. avium* ssp. *hominissuis*”-t. Mivel ez az alfaj speciális tenyésztési körülményeket igényel, izolálásához és identifikálásához különös figyelemre és tapasztalatra van szükség.

Összességében elmondható, hogy a *paratuberculosis* alfaj mellett a *M. avium* ssp. *avium*, „*M. avium* ssp. *hominissuis*” és *M. avium* ssp. *silvaticum* alfajok is rendszeresen izolálhatók hazánk egész területéről származó házi és vadon élő emlős és madárfajok mintáiból egyaránt. A kutya- és varánusz esetek felhívják a figyelmet a zoonotikus fertőzések lehetőségére, a vadon élő állatok pedig mint rezervoárok tartják fenn és terjesztik ezen kórokozókat.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A szerzők köszönetet mondanak DR. JÁNOSI SZILÁRDnak, DR. THUMA ÁKOSnak és a NÉBIH ÁDI Bakteriológiai, Kórbonctani és Szövetani, valamint Molekuláris Biológiai Laboratóriumainak dolgozóinak. A vizsgálatok elvégzésében nyújtott segítségükért külön köszönet illeti SZOMBATINÉ BODA ILDIKÓT, SÜLE ZSUZSANNÁT, NAGY SÁNDORNÉT, OTTINGER ERNŐNÉT és JUHÁSZ ÁGNESZT, valamint az irodalmi háttéranyag összeállításában nyújtott segítségéért KÖLES ERZSÉBETET.

IRODALOM

1. AGDESTEIN, A. – JOHANSEN, T. B. et al.: A comparative study of *Mycobacterium avium* subsp. *avium* and *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* in experimentally infected pigs. *BMC Vet. Res.*, 2012. 8. 11.
2. ÁLVAREZ, J. – GARCÍA, I. G. et al.: Genetic diversity of *Mycobacterium avium* isolates recovered from clinical samples and from the environment: Molecular characterization of diagnostic purposes. *J. Clin. Microbiol.*, 2008. 46. 1246–1251.
3. BARRY, C. – CORBETT, D. et al.: The effect of *Mycobacterium avium* complex infections on routine *Mycobacterium bovis* diagnostic tests. *Vet. Med. Int.*, 2011. Article ID 145092, 7 pages.
4. BENDE B. – JAKAB CS. – BALKÁ GY. – RÓNAI ZS. – JÁNOSI SZ. – VAJDOVICH P. – BIKSI I: Szisztémás *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* fertőzés törpe schnauzerben *Magy. Állatorv. Lapja*, 2013. 3. 138–148.
5. BIET, F. – BOSCHIROLI, M. L. et al.: Zoonotic aspects of *Mycobacterium bovis* and *Mycobacterium avium*-intracellulare complex (MAC). *Vet. Res.*, 2005. 36. 411–436.
6. CHESTER, F. D.: *A manual of determinative bacteriology*. Macmillan & Co. Ltd. London, 1901. 356–357.
7. FRIEND, M. – FRANSON, J. C.: Field manual of wildlife diseases general field procedures and diseases of birds. 1999. Chapter 8. 93–98. http://www.nwhc.usgs.gov/publications/field_manual/field_manual_of_wildlife_diseases.pdf
8. GUERRERO, C. – BERNASCONI, C. et al.: A novel insertion element from *Mycobacterium avium*, IS1245, is a specific target for analysis of strain relatedness. *J. Clin. Microbiol.*, 1995. 2. 304–307.
9. HEJLICEK, K. – TREML, F.: Comparison of the pathogenesis and epizootiological importance of avian mycobacteriosis in various types of domestic and free-living syntropic birds. *Vet. Med.-Czech*, 1995. 40. 187–194.

10. KIEHN, T. E. – EDWARDS, F. F. et al.: Infections caused by *Mycobacterium avium* complex in immunocompromised patients: Diagnosis by blood culture and fecal examination, antimicrobial susceptibility tests, and morphological and seroagglutination characteristics. *J. Clin. Microbiol.*, 1985. 21. 168–173.
11. KUNZE, Z. M. – WALL, S. et al.: IS901, a new member of a widespread class of atypical insertion sequences, is associated with pathogenicity in *Mycobacterium avium*. *Mol. Microbiol.*, 1991. 9. 2265–2272.
12. LAHIRI, A.: The genetic diversity of *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis*. Doktori disszertáció. http://www.diss.fuberlin.de/diss/servlets/MCRFileNodeServlet/FUDISS_derivate_000000015254/Doctoral_Thesis_Lahiri.pdf
13. MCFADDEN, J. – COLLINS, J. et al.: Mycobacteria in Crohn's disease: DNA probes identify the wood pigeon strain of *Mycobacterium avium* and *Mycobacterium paratuberculosis* from human tissue. *J. Clin. Microbiol.*, 1992. 30. 3070–3073.
14. MIJS, W. – DE HAAS, P. et al.: Molecular evidence to support a proposal to reserve the designation *Mycobacterium avium* subsp. *avium* for bird-type isolates and "M. avium subsp. *Hominissuis*," for the human/porcine type of *M. avium*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 2002. 52. 1505–18.
15. PAVLIK, I. – FALKINHAM III, J. O. et al.: *The Ecology of Mycobacteria: Impact on Animal's and Human's Health*. Springer. New York, 2009. 31–40.
16. RÓNAI, Zs. – CSIVINCSIK, Á. – DÁN, Á.: Molecular identification of *Mycobacterium avium* subsp. *silvaticum* by duplex High-Resolution Melt analysis and subspecies specific real-time PCR. *J. Clin. Microbiol.*, 2015. 53. 1582–1587.
17. SAXEGAARD, F. – BAESS, I.: Relationship between *Mycobacterium avium*, *Mycobacterium paratuberculosis* and „wood pigeon mycobacteria”. Determinations by DNA-DNA hybridization. *APMIS*, 1988. 96. 37–42.
18. THOREL, M. F. – KRICHEVSKY, M. – LÉVY-FRÉBAULT, V. V.: Numerical taxonomy of mycobactin-dependent mycobacteria, emended description of *Mycobacterium avium*, and description of *Mycobacterium avium* subsp. *avium* subsp. nov., *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* subsp. nov., and *Mycobacterium avium* subsp. *silvaticum* subsp. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 1990. 40. 254–260.
19. TRAN, Q. T. – HAN, X. Y.: Subspecies identification and significance of 257 clinical strains of *Mycobacterium avium*. *J. Clin. Microbiol.*, 2014. 52. 1201–1206.
20. TURENNE, C. Y. – WALLACE, R. – BEHR, M. A.: *Mycobacterium avium* in the postgenomic era. *Clin. Microbiol. Rev.*, 2007. 20. 205–229.
21. WILTON, S. – COUSINS, D.: Detection and identification of multiple mycobacterial pathogens by DNA amplification in a single tube. *Genome Res.*, 1992. 1. 269–273.

Közlésre érkező: 2015. ápr. 7.