

# **TDK DOLGOZAT**

**Gaál Klaudia**

**2024.**

**Állatorvostudományi Egyetem**  
**Parazitológiai és Állattani Tanszék**

**VÁROSI KÖRNYEZETBEN ÉLŐ VARJÚFÉLÉK SZEREPE**  
**TÁRSÁLLATOK EGYES PROTOZOON-FERTŐZÖTTSÉGEIBEN**



**Szerző:**

**Gaál Klaudia**

**Témavezető:**

**Dr. Tuska-Szalay Barbara**

PhD hallgató, tanszéki állatorvos

Állatorvostudományi Egyetem, Parazitológiai és Állattani Tanszék

Budapest, 2024

## Tartalomjegyzék

|                                                |    |
|------------------------------------------------|----|
| 1. Irodalmi áttekintés .....                   | 2  |
| 1.1. Varjúfélék családja .....                 | 2  |
| 1.1.1. Előfordulás és élőhely .....            | 3  |
| 1.1.2. Megjelenés .....                        | 3  |
| 1.1.3. Szaporodás .....                        | 3  |
| 1.1.4. Táplálkozás .....                       | 4  |
| 1.1.5. Vadászatuk .....                        | 5  |
| 1.1.6. Intelligenciájuk .....                  | 6  |
| 1.2. Urbanizáció .....                         | 6  |
| 1.3. Varjúfélék betegségei .....               | 7  |
| 1.3.1. Baktériumok okozta megbetegedések ..... | 7  |
| 1.3.2. Vírusok okozta megbetegedések .....     | 9  |
| 1.3.3. Parazitás megbetegedések .....          | 10 |
| 2. Célkitűzések .....                          | 17 |
| 3. Anyag és módszer .....                      | 18 |
| 3.1. Mintagyűjtés .....                        | 18 |
| 3.2. Boncolás menete .....                     | 18 |
| 3.3. DNS kivonás .....                         | 20 |
| 3.3.1. Szájtamponminta .....                   | 20 |
| 3.3.2. Agyminta .....                          | 20 |
| 3.4. PCR-analízis .....                        | 21 |
| 4. Eredmények .....                            | 23 |
| 5. Megbeszélés .....                           | 27 |
| 6. Összefoglalás .....                         | 31 |
| 7. Summary .....                               | 32 |
| Irodalomjegyzék .....                          | 33 |
| Köszönetnyilvánítás .....                      | 37 |

## 1. Irodalmi áttekintés

### 1.1. Varjúfélék családja

A varjúfélék (Corvidae) változó testméretű, tanulékony énekesmadarak. Rendszertanilag a madarak (Aves) osztályán belül a verébalakúak (Passeriformes) rendjébe tartoznak [1]. Tollazatuk fehér, szürke, fekete vagy barnás színű, többségében állandó lakóként vannak jelen Magyarországon. A nőstény és a hím egyed között nincs ivari dimorfizmus. Táplálékuk változatos, főként bogyókból, rovarokból, tojásból, fiókákból áll, de belsőségeket és akár hulladékot is elfogyasztanak. Gondosan készített fészkeiket a fák vagy cserjék tetejére építik, a fiókákat a hím és a nőstény is eteti. Főleg fasorokkal, erdősávokkal tarkított legelőkön, mezőkön, kaszálókon, szántóföldeken fordulnak elő, azonban az elmúlt években egyre nagyobb számban húzódtak be a nagyobb városokba is [2, 3].

A Corvidae család *Corvus* nemzetségébe tartozó fajok széleskörben elterjedtek. Főként a mezőgazdasági területeken fordulnak elő, úgymint a vetési varjú (*Corvus frugilegus*), a világosszürke mellfoltjáról elnevezett dolmányos varjú (*Corvus corone cornix*), a kormos varjú (*Corvus corone corone*), a holló (*Corvus corax*), mely a legnagyobb méretű énekesmadár, és a jellegzetes szürkésfehér szemű csóka (*Corvus monedula*), melyről ered a „csókaszemű” jellemzés [1, 2]. A Corvidae családba tartozik továbbá a többnyire világoskék csíkkal díszített tollazatú szajkó (*Garrulus glandarius*), mely ősszel gyűjtögetés közben elszórja az erdőkben a tölgymakkot, ezzel elősegítve az erdők folyamatos fiatalodását, emellett ügyesen utánozza egyes ragadozómadarak -például az egerészölyv- hangját [2]. Közeli rokona, az északi szajkó (*Perisoreus infaustus*) az északi területen lévő fenyőerdőkben fészkel, illetve a fenyőszajkó (*Nucifraga caryocatactes*), mely a lucfenyők lakója. A szarka (*Pica pica*) tollazata fekete-fehér, farka zöldesen csillogó, míg a kékszarka (*Cyanopica cyanus*) teste főleg barnás-fehér, feje fekete, szárnyai vége és farka -a nevéhez hűen- kékes színben pompázik [1].

A továbbiakban a szarka, dolmányos varjú és szajkó életmódját részletezem, mivel dolgozatomban ezen madárfajok vizsgálatán alapul.

### 1.1.1. Előfordulás és élőhely

Mindhárom madárfaj - a szarka, a varjú és a szajkó - általánosan elterjedt az északi féltekén. Magyarországon megtalálható az erdősávokkal tagolt réteken, szántóföldeken, mezőgazdasági területeken, ártéri erdőkben. Az elmúlt évtizedekben egyre inkább behúzódtak a nagyobb városokba, így könnyen fellelhetjük őket akár parkokban, udvarokban vagy állattartó telepeken is [3].

### 1.1.2. Megjelenés

A jólismert, fekete-fehér tollazatú szarka közepes testméretű, testhossza általánosan 40-51 cm, aminek nagy részét a hosszú, zöldes színnel fénylő faroktolla alkot, míg szárnyvégei kékes színben pompáznak. Dallamtalan hangját többnyire macskák és baglyok elleni riasztáskor hallhatjuk. A szajkó impozáns tollazata igen feltűnő, mégis kevésbé ismert madárfaj. Testét szürkésbarna tollazat borítja, mely a hasaljon és a csőr alatt fehér folttal tarkított. Fejbúbja pettyezett, vaskos és tömzsi csőre mellett fekete sáv húzódik. Szárnya fekete-fehér színű, a hajlatban világoskék foltal cifrázott, míg fekete farktolla ventrális oldalon fehér megjelenésű. A szarkánál kisebb méretű, testhossza körülbelül 30-35 cm. Harmadikként a sorban, a szántóföldeken zajos károgásáról könnyen felismerhető dolmányos varjú nagyobb madárnak számít 44-51 cm-es testhosszával. Szárnyai, feje és a farktolla fekete színben, teste – amolyan dolmány – piszkos szürke színben tűnik ki, mely messziről is könnyen felismerhető. A hasonló testfelépítésű vetési varjú tollazata fényes, fekete, néha lilásan csillogó, feje csúcsos és mellkasa lapított. Vaskos, hosszúkás csőre a tövében csupasz a 2. életévtől [1].

### 1.1.3. Szaporodás

A szarkákat monogám kapcsolat jellemzi. Párjukkal március elején kezdik el a fészeképítést a lombkorona sűrűjébe és fészüket akár éveken át felhasználják. Abban az esetben, ha környezetükben zavaró tényezőt észlelnek, egyszerre több „álfészket” építenek, költésre azonban csak a legrejtettebb fészket használják. A fészek építéséhez tüskés ágakat is használnak, mely véd a ragadozókkal szemben. A költési időszak áprilistól május közepéig tart, a fészekalj 5-8 tojásból áll. A szajkók kedvelt költőhelyei a tölgyesek és gyertyánosok, míg a varjak előnyben részesítik a mezőgazdasági területek közelében helyezkedő erdősávok lombkoronasíntjének felső harmadát, illetve a városi parkok magas fáit. A szarkákkal megegyező költési időszakban 5-6 tojást költenek [3, 4].

#### 1.1.4. Táplálkozás

A szarka és a varjú legfőbb táplálékforrása állati eredetű, mely igen változatos. Legfőképpen ízeltlábúakat, férgeket és puhatestűeket fogyasztanak, például földigilisztát, lárvát, csigát, csótányt, sáskát, szöcskét, tücsköt, hernyót, hangyát, trágyabogarat, cserebogarat és akár pókot is. Táplálkoznak még kételtűekkel, úgymint békákkal és gyíkokkal, emellett rágszálókat, napos nyulakat, madártojásokat és fiókákat is elejtenek. Magvakkal és a téli időszakban akár állati tetemekkel is táplálkoznak. A dolmányos varjak gyakran megfigyelhetők, amikor a városi szemetesből különböző eredetű hulladékkal táplálkoznak (1. kép) [4, 5].



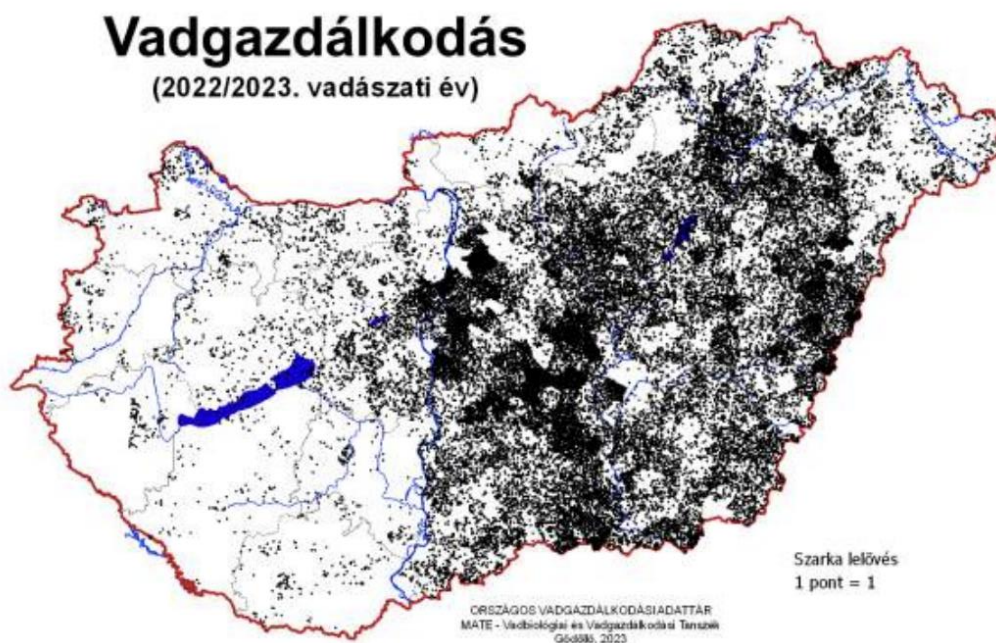
1. kép: A képen két dolmányos varjú látható Budapest területén, amint a városi kukából szerzik meg táplálékukat: egy maradék kiflit.

Érdekességgéppen, a – *pica* - szó az orvosi terminológiában egyfajta étkezési zavart jelent, amikor is hosszabb távon nem élelmiszer jellegű anyagot fogyaszt a páciens, jellemzően földet, papírt, krétát, tojáshéjat, hamut eszik. Ez gyakoribb kisgyermekeknél, de egyes esetekben terhes nőknél is megfigyelték. A betegség elnevezése a szarka latin nevéből (*Pica pica*) származik, mivel e madár válogatás nélkül, szinte mindent elfogyaszt [6]. Az állatorvosi szaknyelv hasonlóféleképp használja a kutyák bélsár fogyasztására és egyéb anyagok, tárgyak lenyelésére a *pica* elnevezést.

A szajkó szintén növényi-, kevésbé állati eredetű táplálékot fogyaszt. Ősszel előszeretettel raktározza el a makkot, azonban néha elejti vagy nem találja a rejtékhelyét, ezáltal biztosítja az erdők természetes fiatalodását. Szarkához hasonlóan fiókákat is elfogyaszt [2, 4].

### 1.1.5. Vadászatuk

Jól ismert fészekrábló tulajdonságuk miatt évszázadok óta üldözik, vadásszák őket. Az állományszabályozást azonban gondosan kell végezni, ugyanis e madarak gyérítése negatívan korrelál a védett fajok, mint például az erdei fülesbagoly (*Asio otus*) és a kék vércse (*Falco vespertinus*) állománynagyságára, hiszen ezek számára jelentős a szarka vagy szajkó fészkenek megléte [3, 4]. Így tehát „Szarkának annyi fehér tolla, mint a fekete” alapján az ökoszisztémában betöltött szerepük előnyei és hátrányai is felsorolhatóak. Az apróvadak közé sorolt varjúfélék vadászati idényét *A vad védelméről, a vadgazdálkodásról, valamint a vadásatról* szóló 1996. évi LV. törvény végrehajtásának szabályairól szóló 79/2004. (V. 4.) FVM rendelet 5. számú melléklete határozza meg, mely szerint a dolmányos varjú, a szarka és a szajkó adott év július 1-jétől február utolsó napjáig vadászható fajok, illetve „az apróvad szaporodási időszakában a vadászati hatóság külön engedélyével gyéríthető” [7]. Az Országos Vadgazdálkodási Adattár kiadványa alapján a szarka terítéke (1. ábra) 2022-ben 45 149 egyed, 2023-as évben 61 082 egyed volt. A szajkó terítéke szintén -6,52%-kal, a dolmányos varjúé -2,94%-kal csökkent [8].



1. ábra: A szarka elterjedése Magyarországon a 2022/23-as vadászati év terítéke alapján.  
(ORSZÁGOS VADGAZDÁLKODÁSI ADATTÁR alapján [8])

### 1.1.6. Intelligenciájuk

Kutatások szerint a Corvidae család tagjai relatív nagy agymérettel rendelkeznek a madarak közül [9], mely akár bizonyítékként szolgálhat, hogy miért is tartják őket kifejezetten okos és intelligens állatoknak. Tükör előtti viselkedésüket vizsgálva valószínűsítik, hogy a tükörképüket a test mozgásához tudják társítani, valódi öntudatuk – mint az embereknek – azonban nincs [10].

### 1.2. Urbanizáció

A nagyvárosok területi növekedése szinte mindenhol maga után vonja a természetes élőhelyek drasztikus mértékű csökkenését, egyben a biológiai sokféleség, másnéven biodiverzitás csökkenését is. Az urbanizálódó fajok nagy mértékben kitettek az ember általi zavaró tényezőkkel szemben, például nagyobb mennyiségben fogyasztják az élelemhez társuló toxikus anyagokat, a betegségek terjedési sebessége gyorsabb és a ragadozó életmódot folytató kutyák és macskák száma is jelentősebb egy városi környezetben. A hátrányokkal szemben hatalmas előnyt jelent azonban a bőséges búvóhely- és táplálékforrás. Ide sorolható többek között az is, hogy a belvárosokban általánosan magasabb a hőmérséklet, mint a vidéki területeken, így a madarak a téli időszakban kevesebb táplálékból is fenntartják az optimális testhőmérsékletüket. A közvilágítás miatt több idő jut a táplálék megszerzésére és a fiókák nevelésére is [11].

Egyes fajok, főleg a Corvidae család tagjai rendkívül jól alkalmazkodtak a városi környezet adta lehetőségekhez. Az elmúlt évtizedekben a dolmányos varjú és a szarka városi térhódítását segítette az általános alkalmazkodóképességük és a rendkívül széles körű táplálkozásuk. A ragadozók és antropogén hatásokkal szembeni védelem által a szarkák relatív fészekmagassága nőtt a városokban a vidéki társaikhoz képest. A költőhelyük megválasztásában előnyben részesítik a nagy, zöld parkokat a beépített területekkel szemben [12]. Egy tanulmányban a szarkákat zavaró antropogén tényezőket vizsgálták a madarak felreppenési távolságával. A belvárosban élő egyedeket kisebb felreppenési távolsággal jellemezték – átlagosan 13,98 méter, azonban a minimum értéként 2,62 métert mértek -, mint a város szélén élő madarakat – itt a maximum érték 66,50 méter volt. E tanulmányban vizsgálták még a másik 4 leggyakoribb városban élő madárfajt: a legkisebb távolságot a parlagi galambnál (*Columba livia domestica*) mértek 5,26 m-rel, majd a széncinege (*Parus major*) engedte közelebb magához az embert, 6,21 m-re, ezután hasonló átlagértéket mértek az örvös galambnál (*Columba palumbus*) – 8,30 m – és a fekete rigónál (*Turdus merula*) –

8,53 m. A vizsgálat eredményeképp a szarka tekinti legjobban veszélyforrásnak az emberi jelentéset az említett 5 urbanizálódott madárfaj közül [11].

A táplálék nagyobb kínálatának és könnyebb elérhetőségének is jelentős szerepet tulajdonítanak a Corvidae család sikeres terjeszkedésében a városi élőhelyeken. Táplálkozásuk jóval bőségesebb, de nagyobb hányadát teszik ki a humán ételmaradékok, hulladékok, mint a magvak. Főként a földön lépkedve keresgetik táplálékukat. Az alacsony aljnövényzetet részesítik előnyben a magas füves területekkel szemben, melynek ellenkezője figyelhető meg vidéki élőhelyeken [13]. Az allokoprofágia jelensége is jellemző a varjak és szarkák táplálkozására, amikor is elfogyasztják más élőlény ürülékét. Ez különösen fontos a nagyvárosokban, ahol egyrészt magasabb az emberek és a háziállatok populációjának sűrűsége, illetve ezen területeken az urbanizálódó madárfajok különböző társállatok ürülékének elfogyasztásával részt tudnak venni egyes paraziták terjesztésében. Ezáltal olyan területeken is előfordulhatnak zoonotikus kórokozók, ahol a hordozó állat nem jelenne meg, mint például játszótéren és parkokban [14].

### 1.3. Varjúfélék betegségei

A varjúfélék családjába tartozó madárfajok számos betegség hordozói lehetnek. Az urbanizáció következtében a vadmadarak, a háziállatok és az emberek élőhelyei egyre inkább átfedésben kerültek, így a zoonotikus vagy a háziállatokat megbetegítő kórokozók átadása könnyebbé vált [15].

Az alábbiakban a potenciálisan veszélyt jelentő baktériumokat, vírusokat és parazitákat részletezem.

#### 1.3.1. Baktériumok okozta megbetegedések

A varjúfélék legtöbb esetben a környezet szennyezése által közvetett úton adják át a bakteriális fertőzéseket a kutyák és macskák számára. A baktériumok nagy része az ürülékükkel jut a környezetbe, melyet a kutyák felehetik vagy az ürülékkel szennyezett pocsolyából ihatnak. A parkokban, madáretetők környékén a varjúfélék átadhatják más madárfajoknak is a fertőzést, ezúton a kismadarak vadászata, elfogyasztása során a macskák is megbetegedhetnek. Kutyák esetében sem kizárható a fertőződés a zsákmányszerzés útján. Az emberi fertőzések -főként a kisgyermekes esetében- gyakran abból adódnak, hogy a kutyák, macskák bélsarával akaratlanul érintkeznek, majd a kézmosás elmaradása miatt

megfertőződhetnek. A kisgyerekek leginkább játszótereken és városi parkokban vannak kitéve az ilyen eredetű bakteriális fertőzéseknek [14, 15].

A legtöbb baktérium a madarak emésztőcsatornájában található meg, úgymint az Enterobacteraceae családba tartozó *Salmonella* genus, melybe 2 faj tartozik: *Salmonella bongori* és a kórtanilag jelentős *Salmonella enterica*. Ezeken belül szerovariánsokat lehet megkülönböztetni, például *Salmonella enterica subspecies enterica serovar typhimurium*. A mindenevő madarak fertőződési kockázata nagyobb a *Salmonella* fajok tekintetében, hiszen előszeretettel fogyasztanak fertőzött állati tetemeket. Ezen madarak, -mint a szarkák, varjak is- viszonylag ellenállóak a fertőződéssel szemben, azonban hatékony hordozói és terjesztői lehetnek a betegségnek [16, 17]. A járványtani jelentőségét alátámasztja, hogy a humán élelmiszer-eredetű fertőzések között a szalmonellózist a világ harmadik leggyakoribb halálozási okának tartják, mely elsősorban állati termékek fogyasztásával juthat az ember szervezetében, például baromfi- és sertéshús bélsárral való kenődéses szennyeződése által. Ezenkívül érintkezhet fertőzött állati ürülékkel körömrágás során, mezőgazdasági munka utáni étkezés előtt a kézmosás elmaradása miatt vagy kisgyerekeknél a hüvelykujj szopása miatt. Humán fertőződés során a tüneteket tekintve hányást, hasmenést, lázas állapotot okoz, súlyosabb esetben fokális infekciót, enterális lázat vagy szeptikémiát idézhet elő, mely kisgyerekek vagy immunhiányos betegek esetében nagyobb arányban fordulhat elő [16, 18, 19]. Kutyák és macskák esetében a fertőzés megnyilvánulhat étvágytalanság, levertség, hasmenés, hasi fájdalom, hányinger és hányás tüneteiben [19].

Világszerte vezető kórokozó az élelmiszer eredetű zoonózisok közül a gyenge ellenállóképességű, Gram-negatív *Campylobacter* genus. Mikroaerofil, igényes baktériumok, melyek gyakran előfordulnak az emésztőcsatornán kívül az állatok nyálkahártyáin. Madárfajokban a *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* és *Campylobacter lari* tud megtelepedni, melynek a legtöbb esetben tünetmentes hordozóivá válhatnak. A *C. jejuni* mondható a leggyakrabban izolált baktériumfajnak és a humán fertőzési forrás hátterében 50-80%-ban a nem megfelelően hőkezelt csirkehús, szennyezett nyers zöldségek fogyasztása áll, míg 20-30%-ban a szarvasmarha eredetű élelmiszerek elfogyasztása miatt következik be. A vadon élő madarakat azonban csupán 2-3%-ban kötötték a fertőződés forrásához. A campylobacteriosis kutyákban főként emésztőszervrendszeri tüneteket okoz, mely nyálkás, ritkán véres hasmenésben, hasi fájdalomban, étvágytalanságban nyilvánulhat meg, azonban gyakori a tünetmentes hordozás

is. Humán fertőzés esetén hányás, vakbélgyulladásra emlékeztető hasi görcs, hasmenés, hőemelkedés és véres széklet jellemző [16, 20].

A varjófélékben előfordulhatnak *Staphylococcus* baktériumok is, melyek rendkívül ellenálló Gram-pozitív gömb alakú baktériumok (coccusok). Amellett, hogy az emésztőcsatornában élő természetes baktériumflóra részét képezik, megtalálhatóak a bőrön és a nyálkahártyán is, valamint a környezetben, váladékokban akár hónapokig is túlélnek. Leggyakrabban a bőr vagy a nyálkahártya sérüléseken tudnak bejutni. Többségük fakultatív patogén baktérium, mely azt jelenti, hogy a fertőzéshez predisponáló faktorok szükségesek, mint például a zsúfoltság, sebzés, nedves alom vagy immunszuppresszív vírusok jelenléte a madár szervezetében [16]. Több kutatás során is kimutatták a vadon élő madarakból, beleértve a Corvidae család tagjaiból is a *Staphylococcus* fajokat (*Staphylococcus aureus*, *S. xylosus*, *S. sciuri*) [21, 22]. A *S. aureus* napos korú madarakban kelésgyengeséget okozhat, felnőtt egyedekben helyileg tályogképződés, ízület- vagy bőrgyulladás tünetei láthatók, illetve a vérpályába jutva vérmérgezést eredményezhet. Azonban leggyakrabban, a tünetmentes fertőzés miatt a vadon élő madarak közelebb hozhatják a zoonotikus potenciállal rendelkező baktériumot a háziállatok és az emberek környezetébe. A madarak urbanizációja miatt egyre inkább átfedésbe kerülő élőhelyen a kutyák és macskák bőrsérüléseik szennyeződése által fertőződhetnek *Staphylococcus*-fajokkal, ekkor a madarakhoz hasonló tüneteket figyelhetünk meg, úgymint bőrgyulladás, ízületgyulladás vagy szisztémás fertőzés [16, 22].

### 1.3.2. Vírusok okozta megbetegedések

A Japán encephalitis szerokomplex-et a Flaviviridae családba tartozó vírusok alkotják. Ide tartozik a Nyugat-nílusi lázat okozó vírus (WNV), Usutu vírus (USUV), Japán encephalitis vírus (JEV), St Louis encephalitis vírus (SLEV), Murray-völgyi láz vírusa (MVEV) és a Kunjin vírus (KUNV). Elsődleges gazdái a madarak, és számos fajból kimutatták ezen kórokozókat. A madarakból az ízeltlábú vektorok felveszik az adott vírust, majd vérszívás útján beoltják az állatba vagy az emberbe [16]. Az Usutu vírus és a Nyugat-nílusi láz kórokozója Európa nagy részén együtt kering. Egy 2021-ben megjelent tanulmány szerint az USUV-al fertőzött szarkák 75%-a túlélte a WNV-vel való fertőződést, miközben a USUV-al nem fertőzött egyedek csak 22,2%-a élte túl a WNV fertőzést. Valószínűsítik, hogy a USUV titere megvédi a WNV fertőzéstől a madarakat, ez azonban még további vizsgálatokat igényel [23].

A vadmadarak számtalan egyéb vírus terjesztői lehetnek, úgymint az alacsony vagy a magas patogenitású madárinfluenzának. Európában az elmúlt években egyre több járványkitörést és tömeges pusztulást okozott a baromfik és a vadon élő madarak körében az A/Goose/Guangdong/1/1996 vonalból származó H5 vírus-törzs. Legfőbb hordozója az *Anseriformes* rendbe tartozó vízimadarak, köztük a lúd, kacska és a hattyú, melyek a tavaszi és őszi madárvonulások során ürülékükkel fertőzik a természetes vizeket, ezáltal a vírus áterjedhet a baromfifélékre. A vízimadarakon kívül azonban valamennyi vadon élő madárfajban már kimutatták a vírus jelenlétét [24]. Madár által a közvetlen humán fertőződés ritka, de szoros együttélés során vagy a gyakori variabilitás miatt nem lehetetlen. Emberben 1-3 napos lázas állapotot, étvágytalanságot, bágyadtságot, köhögést, tüsszögést, fejfájást, izomfájdalmakat, időnként tüdőgyulladást okozhat [16].

### 1.3.3. Parazitás megbetegedések

Az udvaron tartott kutyák és főleg a macskák predátor viselkedésük folyamán gyakran elejtik a környezetükben élő rágcsálókat, hüllőket vagy madarakat, ezzel a prédaállatban található paraziták könnyedén átjuthatnak a háziállatok emésztőtraktusába. Ezek közegészségügyi és állategészségügyi jelentőséggel is bírnak, főleg, amikor a macska a házba viszi gazdáinak „bemutatni” a zsákmányát [25]. Vadon élő madarak boncolása során számos esetben azonosítanak parazitákat. Jellemzően megtalálhatóak a fonálféreg törzsébe tartozó *Oxyuris*, *Ascaridia*, *Heterakis*, *Capillaria*, *Syngamus* spp., de fellelhetők a laposféreg (Platyhelminthes) közé sorolható mótelyek (Trematoda) és galandféreg (Cestoda) osztályába tartozó fajok is [26]. A fonálféreg közül a varjúfélékben gyakran előfordulnak *Capillaria* és *Syngamus* fajok [26, 27]. Mindkét, légutakban élősködő parazitára jellemző, hogy házi baromfifajokban is okoz megbetegedést, így a telepeken előforduló varjak és szarkák akár terjeszthetik is, mellyel jelentős gazdasági kárt tudnak okozni. A Capillaridae családba tartozó *Capillaria* fajok többnyire tünetmentesen vannak jelen vagy enyhe légúti tüneteket okoznak, míg a *Syngamus trachea* néhány hetes madarakban a légcső keresztmetszetét leszűkítve okoz nehézlégzést, emfizémát, gubbasztást és akár fulladásos halált [27, 28]. Mindemellett, egy olaszországi tanulmányban az Acanthocephala törzsbe tartozó *Sphaerirostris picae* elterjedtségét vizsgálták szarkákban és varjakban. Ezen buzogányfejű férgek a bélcsatornában egyedülállóan, az úgynevezett *proboscis*-szal a nyálkahártyába rögzülve helyezkednek el. A kórszövettani metszeteken elsősorban a bél hurutos, eozinofilsejtes gyulladása rajzolódik ki, majd idővel, amennyiben a horgokkal teli *proboscis* a subserosában hosszan rögzült, a serosa

felől úgynevezett *pseudo-diverticulum* látható. Ezen tárgulatok egyes állatfajokban megnyílnak, mely akár az állat halálát okozó hashártyagyulladásban végződhet. E tanulmányban részt vevő madaraknál a féreg prevalenciája 10,3% (3/29) volt dolmányos varjak esetében és 9,8% (5/51) volt a szarkák esetében. A bélben jelentős gyulladásos reakción és helyi granulomaképződésen kívül hashártyagyulladásra utaló kórbonctani elváltozás nem volt látható [29, 30]. Egy 2024-es csehországi kutatásban a varjúfélékben előforduló mételyeket vizsgálták, mely során néhány fajt sikeresen azonosítottak, úgymint *Brachylecithum lobatum*, *Lyperosomum petiolatum*, *Lyperosomum longicauda*, *Tamerlania zarudnyi* és *Urogonimus macrostomus* [31].

A madarakat fertőzni képes egysejtű paraziták körében világszerte elterjedt mucosoflagelláta a *Trichomonas gallinae* (Parabasalia: Trichomonadida). Legfogékonyabbnak a galambalakúak (Columbiformes) rendjébe tartozó fajok számítanak és a kórokozó legfőbb rezervoárjának a szirti galambot (*Columba livia*) tartják. Fiatal galambokban vagy egyéb vadmadarakban a törzs virulenciájától és az egyed érzékenységétől függően megbetegedést, akár halált is okozhat. A *T. gallinae* a szájgarat, a nyelöcső és a begy nyálkahártyáján telepedik meg és szaporodik. A fiókák megfertőződhetnek a regurgitált begytej által vagy a köldökcsomk fertőződésével. Utóbbi esetben a parazita a májban, perikardiumban és szívben is képes megtelepedni. Továbbá, az idősebb galambok csókolózással vagy az ereszcsonk felmelegedést, szennyezett vízből fertőződnek meg, míg a vadmadarak az egysejtűvel fertőzött zsákmányuk elfogyasztásával betegszenek meg, főként az urbanizált területen. Az enyhén virulens törzsek fertőzéséből gyógyult galambok tünetmentes hordozóvá válhatnak, ezzel biztosítva a protozoon terjedését. Enyhébb esetben az emésztő traktus elülső részében elhalások, valamint összeállt, sárgás, törmelékes felrakódások láthatóak, mely súlyos esetben eléhezéshez vagy fulladáshoz vezetnek a lumen részleges vagy teljes elzáródása következtében. Köldökfertőzés során a májon látható hasonló elváltozás, generalizált formánál főleg szívben, légzsákokban, tüdőben, ritkán egyéb hasüregi szervekben is tapasztalhatóak nekrotikus léziók [28, 32]. Az Állatorvostudományi Egyetemen két évvel ezelőtt végzett kutatás szerint Magyarországon és Romániában vizsgált vad- és versenygalambok 73%-a fertőzött *Trichomonas gallinae*-val, melyből kis hányada, 6,9%-a mutatott klinikai tüneteket [33]. Egy egyedben azonosították a HU-TG37 fajt, mely meglepő módon azonos filogenetikai csoportba tartozott a húsevők szájüregi gyulladását okozó *Trichomonas*-fajokkal, úgymint *Trichomonas canistomae* kutyában, *Trichomonas felistomae* macskában,

továbbá *Trichomonas tenax*, mindkét fajban és emberben. További kisállatokat fertőzni képes trichomonadida a *Tritrichomonas foetus*, mely a vastagbélben megtelepedve krónikus, visszatérő hasmenést okoz kutyában és macskában egyaránt, illetve eddig kommenzalista fajként tekintett *Pentatrichomonas hominis*-t is kimutatták profúz, hasmenéses tüneteket mutató egyedekben. Egy 2024-ben publikált magyarországi felmérés során 119 vizsgált egyedből 13,8% macska és 16% kutya volt *Tritrichomonas foetus*-pozitív és a macskák 2,1%-ban azonosították az emberben is előforduló *Pentatrichomonas hominis*-t [34].

Szintén világszerte elterjedt egysejtű parazita a *Giardia duodenalis*, mely fajnak 8 genotípusát különböztetik meg A-H jelöléssel. Ezen genotípusok különböző fajú emlősök fertőzését képesek okozni. Az emberi giardiosis-t a *Giardia duodenalis* A vagy a B genotípus okozza. Kutyákra jellemző a C és D, de néhány esetben A vagy B genotípussal is fertőződhetnek, míg a macskákban többnyire az *Giardia duodenalis* F altípus fordul elő [35, 36]. A *Giardia duodenalis* vegetatív alakja, a trophozoita 2 maggal és 4 pár ostorral rendelkezik, mellyel mozgásra képes, azonban a bélnyálkahártyához való kötődését tapadókorongjai biztosítják. A környezetbe vastag fallal védett ciszta formájában ürül, így számos víz- vagy élelmiszer által terjedő járványért felelős, ugyanis a bélsárral kontaminált élelmiszerrel vagy vízzel szájon át jut be a gazdaszervezetbe. A vékonybélbe jutva excisztálódik, trophozoitákká osztódik, melyek a bélhámsejtekhez tapadva gyulladásos beszűrődést és mikrobolyhok sorvadását okozzák. Végül a vastagbélben cisztává alakul és a külvilágba jut. Többnyire kisgyerekekben vagy fiatal állatokban okoz nyálkás hasmenést, hasi fájdalmat, a felszívódási zavarok miatt növekedés visszamaradását, de akár tünetmentes fertőzésben is megnyilvánulhat [37]. A madarakat fertőző fajok a *Giardia psittaci* és *Giardia ardeae*, de előfordulhat e fajokban a *Giardia duodenalis* A és B genotípusa is. Eddig kevésbé vizsgálták a madarakat, mint fertőzési forrást, pedig ürülékükkel szennyezhetik a vízfelületeket. Magyarországi kutatás folyt 2008-ban a Balaton vízgyűjtő területén lévő vízimadarak ürülékének vizsgálatáról. 132 mintát elemeztek *Giardia*-ciszta tartalmának meghatározásához, mely eredménye 10%-os prevalenciát mutatott, eszerint a vízimadarak, (például vadkacsa, vadliba, szárcsa, kárókatona) részt vehetnek a zoonotikus potenciállal rendelkező ciszták terjedésében [38]. Azonban egy 2023-as tanulmányban a víztározók, vízforrások közelében gyűjtött madárürülékek vizsgálata során a *Giardia*-ciszta alacsony számú ürülését írták le [39].

*Giardia*-hoz hasonló egysejtű parazitának számítanak a különböző *Cryptosporidium* -fajok, melyek közül legkiemeltebb zoonotikus potenciállal rendelkezik a *Cryptosporidium*

*parvum*. Többnyire a *Cryptosporidium parvum* és *Cryptosporidium hominis* fajok felelősek a humán fertőzések 95%-áért. Kutyaiban leggyakoribb a *Cryptosporidium canis*, de emellett leírtak már *Cryptosporidium hominis*, *Cryptosporidium parvum*, *Cryptosporidium andersoni*, *Cryptosporidium muris*, *Cryptosporidium scrofarum*, *Cryptosporidium meleagridis* és *Cryptosporidium ubiquitum* általi fertőzést is. Macskáiban *Cryptosporidium felis*-en kívül kimutattak már *C. canis*-t, *C. muris*-t és *C. parvum*-ot is [36]. Madarakat jelenleg hat *Cryptosporidium* faj fertőzhet, melyek közül kiemelendő a *C. parvum*. Egy 2015-ben megjelent spanyolországi vizsgálat alapján a *C. parvum* prevalenciája kormos varjúbán 42,9%-os, míg szarkában 40%-os [39]. A bélsárral ürülő oociszták szennyezik a talajt, a vizeket, ezáltal szájon át fertőződhet az ember, a macska vagy a kutya – ez utóbbi esetben a koprofágia általi fertőződés is előtérbe kerül [36]. A *C. parvum* főbb terjesztőjének számít a szarvasmarha is, így a trágyázott mezőgazdasági területek vagy legelők melletti vízforrások oocisztával szennyeződhetnek egy nagyobb esőzés után [40]. A fiatal vagy gyenge immunrendszerrel rendelkező állatok vagy ember esetében -*Giardia*-hoz hasonlóan- a fertőzés főként hasmenésben, hasi fájdalomban nyilvánulhat meg [36]. 2012 és 2015 között Wales és Anglia területén élő édesvízi halakat, illetve azokat fogyasztó vidrák ürülékét vizsgálták *Cryptosporidium*-fertőzöttség felmérése céljából, azonban a minták csupán 0,8%-a mutatott pozitivitást [40].

Egy 2023-ban leírt tanulmány szerint a vadon élő madarak által ürített *Giardia*-ciszta és *Cryptosporidium*-oociszta aránya alacsony, pedig ezen egysejtűek terjedése során a környezeti terhelés legfőbb forrásai lehetnének [39].

Protozoonok közül jelentős közegészségügyi kockázatot jelent a világszerte elterjedt, Apicomplexa törzsbe tartozó *Toxoplasma gondii*, mely nagy eséllyel a legismertebb zoonotikus protozoon-fertőzés kórokozója [25]. A *T. gondii* a legtöbb homeoterm állatban és az emberben is fertőzést okozó intracelluláris egysejtű kórokozó, melyet a rágcsálók rendjébe tartozó gundiból izolálták először az afrikai Tunisban 1908-ban [41]. Egy 2020. évi közép-olaszországi felmérésben 678 szarkát és 120 dolmányos varjat gyűjtöttek össze, majd a minták 5,8%-ából kimutatták a parazitát [42]. Végleges gazdái kizárólag a macskafélék, melyek többnyire tünetmentesen hordozzák és bélsarukkal ürítik az oocystákat. A környezetbe kerülve azok sporulálódnak, majd a sporocisztába zárt sporozoiták orális felvétel útján a köztigazdába kerülnek. A gazdaszervezetben ivartalan szaporodás során a sporozoitákból tachyzoita alakok képződnek, ezek valamennyi szövetféleségben képesek szaporodni, így behatolnak többek között a szívbe, tüdőbe, központi idegrendszerbe és

vemhes állat esetén átjutnak transzplacentárisan a magzatba is. A bradyzoiták olyan szöveti cisztában található alakok, melyek a gazdaszervezet humorális immunválaszának megjelenésekor rejtve maradnak az immunrendszer elől. A köztigazdák az oociszták *per os* felvétele mellett fertőződhetnek más állat hújának, szerveinek elfogyasztásával, amelyben bradyzoitát tartalmazó szöveti ciszta található. Ezen felül a fertőzés előfordulhat a tachyzoiták transzplacentáris átjutásakor magzati korban, esetleg iatrogén fertőződés során is. Akut esetben lázas, általános tüneteket okoz az emlősökben, legjellemzőbb tünetei a vetélés, a látási és idegrendszeri zavarok [28, 41]. A kórokozó életciklusa akkor fejeződik be, ha a fertőzött köztigazdát (rágcsálót vagy madarat) a macska elfogyasztja, így annak belében a gametogonia folyamatával az ivaros szaporodás megtörténik. Macskákban ritkán enyhe hasmenés utalhat a fertőződésre, míg kölyökkorban akár elhullás is előfordulhat. Az emberi fertőződés főleg macska bélsárral szennyezett, mosatlan zöldség vagy szöveti cisztát tartalmazó nyers hús, kolbász elfogyasztásával történik, esetleg a macskaalomban 3-4 nap után sporulálódott sporozoiták által lehetséges. Sokszor tünetmentes vagy enyhe lázat, fejfájást és nyirokcsomó-duzzanatot okoz, de terhes nők esetében vetélést, koraszülést vagy magzatkárosodást is indukálhat. A veleszületett toxoplasmosis főleg *chorioretinitis*, *meningoencephalitis*, hidrokefália, mikrokefália vagy egyéb szem-, idegrendszeri elváltozásokban nyilvánulhat meg [41]. Az Amerikai Egyesült Államokban egy, 2010-ben végzett kutatás szerint évente 1.075.242 személy fertőződik *T. gondii*-val, melyből közel 5.000 embernek alakul ki tünetekben megnyilvánuló szembetegsége, ami vaksághoz is vezethet [43]. Ezenfelül krónikus fertőzés esetén összefüggésbe hozták több pszichiátriai rendellenességgel, úgymint skizofrénia, depresszió vagy szorongásos zavarokkal küzdők esetében is [41].

Szintén az *Apicomplexa* törzsbe tartozik a hasonló fejlődésű és morfológiájú protozoon, a *Neospora caninum*, mely annyiban tér el a *T. gondii*-tól, hogy az agyban kialakuló szöveti ciszták falát vastag tok határolja és kizárólagos végleges gazdája a kutya. Neosporosis fertőzésre főleg a kérődző köztigazdák fogékonyak, azon belül is kiemelendő a szarvasmarha érzékenysége. Ámbár a szarvasmarha tünetmentes fertőzöttsége gyakori, transzplacentáris fertőzés során a magzatban vetélést, mumifikált vagy életképtelen magzat születését okozhatja [44]. A *T. gondii*-val ellentétben a *N. caninum* nem zoonotikus kórokozó [28].

Az állattartó telepeken gyakran előforduló szarkák, varjak potenciális közvetítő szerepet hordoznak mind a *Toxoplasma*, mind a *Neospora* fenntartásában és átvitelében.

Ismert mindenevő táplálkozásukból adódóan a macska vagy a kutya által a környezetbe ürített oociszták könnyedén bekerülhetnek a madarak szervezetébe. Emellett, az abortált magzat, méhlepény vagy a fertőzött állat tetemének elfogyasztásával is megfertőződhetnek. A fertőzött madarak zsákmányul ejtése során ezen protozoonok akár visszakerülhetnek végleges gazdáikhoz. E módon a háziállatok, elsősorban kutyák és macskák, illetve varjufélék és egyéb vadon élő madarak között cirkulálni képesek az említett paraziták [45].

Életciklusuk során szintén közti-, és végleges gazdára van szükségük (heteroxen) a cisztogén kokcidiumok közé tartozó *Sarcocystis* fajoknak. Végleges gazda – úgymint kutya, macska, ember – bélrendszerében két sporocisztát tartalmazó, vékony fallal körülvett, érett oociszta fejlődik és már a bélsárban sporulálódik. Gyakran az oociszta vékony fala már a bélben felreped, az így kiszabadult sporocisztákat lehet detektálni a bélsárban a diagnosztikai munka során. A külvilágba került sporociszták a köztigazda *per os* felvétele után eljutnak a bélrendszerbe, majd az érrendszerben szaporodnak. A fejlődött merozoiták eljutnak az izmokba vagy az idegszövetbe, ahol rekeszes, cisztózus képletté fejlődnek és ott akár évekig megmaradnak. Végül a köztigazda hújának elfogyasztásával a végleges gazdába jutva ivaros szaporodásba kezdenek, amelyből akár több hónapon át ürítik az oocisztákat. A köztigazdák tünetei nagyban függenek a ciszták elhelyezkedésétől, azaz izomban vagy a központi idegrendszerben találhatók. Idült esetben a jól oxigenizált izmokban (például nyelöcső, rekeszizom, nyelv) helyezkednek el, ami szabad szemmel is jól látható a vágóhídi húsvizsgálat során [28, 46]. A varjufélék táplálkozási formájukat tekintve alkalmasak lennének közti, illetve végleges gazda szerepének betöltésére is, azonban ez idáig csak a *Sarcocystis ovalis* fajról sikerült bebizonyítani, hogy végleges gazdái a Corvidae család tagjai [46]. Régóta ismert köztigazda a *Sarcocystis cruzi*, *Sarcocystis hirsuta* és *Sarcocystis hominis* esetében a szarvasmarha. Utóbbi fajok közül a *Sarcocystis hominis* zoonotikus potenciállal is bír és emberben emésztőszervi problémákat okozhat. Egy 2015-ben megjelent felmérés során a *Sarcocystis* fajok 66%-os prevalenciáját állapították meg szarvasmarhákban Magyarországon. A vizsgálatok alapján a leggyakrabban előforduló fajnak a *S. cruzi* bizonyult, mely főként a magyar szürkemarkarha-állományban jelentős, míg második legelterjedtebb a *S. hominis*, a *S. hirsuta* viszont alacsony pozitivitást mutatott [47].

Habár vannak olyan parazitózisok, melyeket a vadon élő madarak nem terjesztenek közvetlenül, rájuk nézve veszélytelen protozoonnal fertőzött ektoparazitákat azonban hordozhatnak, és a társállatok és ember közvetlen közelébe vihetik, így potenciálisan növelni tudják a betegség előfordulásának kockázatát [15]. Ilyenkor vektor szerepet betöltő

ektoparaziták lehetnek a kullancsok, melyek madárról madárra, madárról emlősre, majd emlősről emlősre képesek terjesztetni különböző egysejtű parazitákat, emilyenek a piroplazmák közé sorolt *Babesia*-fajok. A fertőzött kullancsban a *Babesia* többszöri osztódás után eljut a kullancs nyálmirigyébe is, ami által egy gazdaszervezet vérszívása során átjuttatja az egysejtűt a gazda vérébe, ahol az a vörösvértestekben folytatja a szaporodást. A *Babesia*-fajok között főként a méretük alapján megkülönböztetünk nagy és kis babéziákat, melynek a diagnosztika során lehet jelentősége [28]. A kutyákat fertőző nagy babéziák közé soroljuk a *Babesia rossi*-t, *Babesia canis*-t és *Babesia vogeli*-t, melyek közül Európában az utolsó kettő fajt jelentették már. A kis babéziákat tekintve a *Babesia gibsoni*, *Babesia conradae* és *Babesia vulpes* fajok okoznak kutyában fertőzést, európai elterjedtségük szempontjából a *Babesia gibsoni*-t több országban jelentették már. A *B. canis* vektora a *Dermatocentor reticulatus* kullancs, mely kedveli a hűvös, nedves területeket, kiváltképpen a folyóparti erdősávokat és mezőket, így egy városi ligetes területen is számítani kell a jelenlétére. A *B. vogeli* vektora a *Rhipicephalus sanguineus* a *B. rossi*-t a *Haemaphysalis leachi* faj terjeszti. A kutya babéziózisa során gyakori klinikai tünet az elesettség, étvágytalanság, láz, vérszegénység, sárgaság, megnagyobbodott nyirokcsomók, halvány nyálkahártyák és rossz általános állapot. Immunhiányos, idős vagy lépeltávolításon átesett kutyák esetében a fertőzés gyakrabban torkollik megbetegedésbe, míg a fiatal állatok tünetmentesen áteshetnek rajta [48]. Macskák esetében kisebb mértékben fordul elő babéziózis, főként Dél-Afrikában jelent állat-egészségügyi problémát, jellemzően *Babesia felis*, *Babesia cati*, *Babesia herpailuri* vagy *Babesia pantherae* fertőzhetnek macskákat. A fertőzött macskák lázas állapot és vérszegénység tüneteit mutatják [49]. Humán babéziózist két faj okozhat: az Európában szarvasmarhákat is fertőző *Babesia divergens*, melynek vektora az *Ixodes ricinus*, és korábban az Amerikai Egyesült Államok területén jellemző *Babesia microti*, mely rágcsálókban fordul elő, jelenleg már Európában is megtalálható. Európai változat még a *Babesia venatorum* (másnéven EU1). A tünetek széles skálán mozognak: tünetmentes fertőzéstől kezdve a súlyos betegségen át akár halált is okozhat. A *B. microti* fertőzésben szenvedő betegek influenzaszerű tüneteket tapasztalnak, rossz közérzet és fáradtság jellemző rájuk. Emellett lehetséges lázas állapot, bőrkiütések, fejfájás, ízületi- és izomfájdalmak. Ezek a tünetek hetekig, hónapokig is tarthatnak. Immunszuppresszált vagy lépeltávolításon átesett emberek esetében súlyos sárgaságot és vérzéseket is megfigyelhetünk. *Babesia divergens* klinikai lefolyása gyorsabb és súlyosabb, a leggyakoribb tünet a rossz közérzet mellett a haemoglobinuria. Emellett sárgaság, izzadás, fejfájás, hasmenés, láz, remegés jellemző. Súlyos szervi elégtelenséget, halált okozhat [50].

Napjainkban egyre nagyobb figyelmet kap a macskafélék kullancsok által terjesztett betegsége, a cytauxzoonózis. Észak-Amerikában jellemző az előfordulása a *Cytauxzoon felis* piroplazmának, mely az *Amblyomma americanum* kullancs által terjed és gyors lefolyású betegséget okoz, ami gyakran járhat elhullással [51]. Az európai házimacskák és vadmacskák fertőzését okozó *Cytauxzoon europaeus* vektora még nem ismert, de magyarországi kutatás során leírták annak DNS-ét vadmacskában és abból származó *Ixodes ricinus* kullancsban [52]. A fertőzött macskáknál többnyire letargia, étvágytalanság, láz, sápadt nyálkahártya, mellúri és hasúri folyadékgyülem felhalmozódása jelentkezik, illetve a vérkép balra tolódását, leukopéniát és trombocitopéniát tapasztalhatunk a vérlabor elvégzésekor [51]. Egy 2015-ben végzett kutatás során felmérték a Svájc területén élő házimacskák *Cytauxzoon*-fertőzöttségét, ahol 13 vizsgált egyedből 6 egyed volt fertőzött. E fajt egyre több európai országban jelentették már, úgymint Olaszország, Németország, Bosznia-Hercegovina, Magyarország stb. [51, 52].

A hepatozoonózisok elsősorban a kutyák parazitás megbetegedéseként ismert, de jelentettek már macskában is fertőzést. A *Hepatozoon canis*-t a *Rhipicephalus sanguineus* kullancs terjeszti, a macskákban előforduló *Hepatozoon felis* vektora még ismeretlen. Eltérő súlyosságú tüneteket okoz: enyhe vérszegénységtől az életveszélyes állapotig fajulhat, mely függ a szövetek parazitaterhelésétől és egyéb társbetegségektől is [53].

2016-ban publikált tanulmány szerint 36 darab városban élő varjúfélének kullancs-fertőzöttségét mérték fel, mely eredményeképp 33,33%-a volt fertőzött és 6 kullancsfajt azonosítottak, úgymint *Haemaphysalis concinna*, *Haemaphysalis parva*, *Haemaphysalis punctata*, *Hyalomma marginatum*, *Ixodes arboricola* és *Ixodes ricinus* [54].

## 2. Célkitűzések

Kutatásom fő célja volt, hogy megvizsgáljam az urbanizáció következményeként városi környezetbe szoruló varjúfélék társállatokra is veszélyes protozoon-fertőzöttségeit. E madarak a városi környezetben egyre otthonosabban mozogva, nagy eséllyel fordulnak elő társállatok környezetében, és akár táplálkozhatnak az udvaron etetett kutyák vagy macskák eledeléből, vagy azok prédaállataivá válhatnak. A kiskedvencek kinti-benti tartásmódjának elterjedésével, a háziállatok és az ember élettere egyre inkább közössé vált, mely magával hozza az esélyt arra, hogy a madarak által hordozott zoonotikus kórokozók közvetetten veszélyt jelentsenek az emberekre is.

### 3. Anyag és módszer

#### 3.1. Mintagyűjtés

A minták gyűjtése 2021. júniustól 2024. áprilisig zajlott Magyarországon, mely folyamán állománygyérítés céljából összesen 285 egyed került kilövésre, legnagyobb hányadban szarka (*Pica pica*) (n = 279), néhány szajkó (*Garrulus glandarius*) (n = 4) és dolmányos varjú (*Corvus cornix*) (n = 2). A madarak egy része a Budapest Liszt Ferenc Nemzetközi Repülőtér, illetve a Pest vármegyei Dömsöd határából származtak. A kutatáshoz felhasznált tetemeket feldolgozásig az Állatorvostudományi Egyetem Parazitológiai és Állattani Tanszékén tároltam -20 C°-on.

#### 3.2. Boncolás menete

A kórbonctani mintavétel során külön eszközkészletet használtam az egyes tetemekhez, úgymint olló több méretben, csipesz, szikepenge és szikenyel, speciális kanál (2. kép).



2. kép: Boncolás során használt speciális kanál.

A mintavételeket steril gumikesztyűben végeztem, a tetemek között a felhasznált eszközöket mosogatás után Bunsen-égő segítségével leégetéssel csírátlanítottam. Madaranként 2 mintát vettem, úgymint szájtampon- és agyminta (3.kép). Először a száj- és garatüreg nyálkahártyájának felszínéről steril tamponos pálcával többszöri körkörös mozdulatokkal

nyertem a mintát (PO), majd a pálca végét eltávolítva a tampont steril Sarstedt csőbe helyeztem. Továbbá, a tetemek koponyacsontjának felnyitása, majd az agyburkok lefejtése után az agy állománya is mintavételezésre került, mely során egy speciális kanál segítségével kb. 300 mg agyszövetet (PB) távolítottam el, a mintákat steril Sarstedt csövekbe helyeztem. A DNS-kivonás elvégzéséig a mintákat fagyasztóládában, -20 °C-on tároltam.



3. kép: Szájtampon-mintavétel (felül) és agyminta vételének menete (alul).

### 3.3. DNS kivonás

Következő lépésként a DNS kivonáshoz a QIAamp DNA Mini Kit-et használtuk, a DNS kivonást a gyártó – QIAGEN (Hilden, Németország) – utasításai szerint végeztük. A DNS mintákat -20 °C-on tároltuk a PCR vizsgálatig.

#### 3.3.1. Szájtamponminta

Szájtampon mintáknál egy módosított protokoll alapján néhány plusz lépés előzte meg a gyártó utasítása szerint leírt folyamatot. Itt elsőként a száraz tampon került bele 400 µl AL pufferoldatba, a tamponminta tartalmának kinyerését 1 percig tartó vortex használat majd centrifugálás segítette. Az oldatot ebben az esetben is inkubáltuk 10 percen át, 56 °C-on, majd a kitapadó cseppeket újabb vortex-es keveréssel távolítottuk el a csövek faláról, kupakjáról. Ezután a tampont kivettük az oldatból, amihez pedig 20 µl proteináz K emésztőenzimet adtunk. Ismételt vortex-es keverés és 56 °C-on 1 órán át tartó inkubáció után 200 µl AL pufferoldatot és ugyanennyi etanolt adtunk az oldathoz, ezek között vortex-et alkalmaztunk 15 mp-ig és az előírtak szerint inkubáltuk (10 perc 70 °C-on). Az elkészült alkoholos oldatból 600 µl-t átpipettáztunk a QIAamp Spin Column oszlopot tartalmazó csövekbe, majd centrifugálásokat követve 500-500 µl AW1 és AW2 mosópuffert adtunk hozzá. Hosszabb, 3 percen át tartó centrifugálás után az oszlopot tiszta gyűjtőcsőbe helyeztük, majd további, 1 perces centrifugálást követően steril, 1,5 ml-es Eppendorf csövekbe helyeztük, melyhez 100 µl elúciós puffert adagoltunk. 1 percig tartó, szobahőmérsékletű inkubáció után 1 percen át centrifugáltuk és végezetül a csöveket lezártuk.

#### 3.3.2. Agyminta

Az agyminták esetében a QIAamp DNA Mini Kit szövetprotokollját alkalmaztuk. A borsószemnyi (25 mg) agy darabokat 180 µl ATL oldatot tartalmazó Eppendorf csövekbe helyeztük, majd olló segítségével homogenizáltuk. A homogenizátumhoz 20 µl proteináz K-t adtunk, az így kapott elegyet 56 °C-on feloldódásig inkubáltuk. Ezt követően 200 µl AL puffert mértünk be mintánként, majd 70 °C-on 10 percig inkubáltuk – a további lépések megegyeznek a szájtamponminta előkészítése során leírtakkal.

### 3.4. PCR-analízis

A szájiüregi mintákból kivont DNS-t a Trichomonadida rendbe tartozó fajokat célzó konvencionális polimeráz láncreakciónak (PCR) vetettük alá. A 18S rRNS gén kb. 500 bázispár (bp) szakaszának amplifikációja a következő primer párral zajlott: 1055F (forward) 5' – GGT GGT GCA TGG CCG –3' és 16SR1 (reverse) 5' – TCA CCT ACC GTT ACC TTG –3'.

Az agyszövetből származó mintákat három különböző célcsoportra irányuló PCR-rel vizsgáltuk, egyrészt *Sarcocystis*-fajokat keresve, mely során a small subunit (ssu) rDNS gén kb. 350 bp szakaszának amplifikációja a következő primer párral zajlott: COC1\* (forward) 5' – AAG TAT AAG CTT TTA TAC GGC T – 3' és COC2\* (reverse) 5' – CAC TGC CAC GGT AGT CCA ATA C – 3'. Másodrészt, *Toxoplasma gondii* jelenlétére irányuló PCR vizsgálatot is végeztünk, mely a repeat region gén kb. 480 bp nagyságú szakaszára irányult. Primerek: TOX-8 (forward) 5' – CCC AGC TGC GTC TGT CGG GAT – 3' és TOX-5 (reverse) 5' – CGC TGC AGA CAC AGT GCA TCT GGA TT – 3'. Ezen felül, *Lankesterella* spp. fajok jelenlétét igazolva két 18S rRNS gént célzó nested PCR vizsgálatot is elvégeztünk, mely reakciók primereit az 1. táblázat mutatja. Minden egyes PCR vizsgálat során 25 µl végtérfogatú eleggyel dolgoztunk, amelyben 5 µl DNS templátot adtunk 20 µl reagens mixhez, ami a következőképpen állt össze: 1,0 U HotStar Taq Plus DNA polimeráz (5 U/µl), 0,5 µl nukleotid mix (10 mM), 0,5 µl mindegyik primerből (50 µM), 2,5 µl 10x Coral Load PCR puffer (15 mM MgCl<sub>2</sub>-ot tartalmaz), és 15,8 µl PCR víz. A Trichomonadida PCR során további extra 1 µl MgCl<sub>2</sub>-ot is adtunk a mixhez, így a PCR víz mennyisége 14,8 µl volt mintánként. *Lankesterella* nested reakciókban templátként 2 µl-t mértünk be az első reakció (outer) PCR termékéből. Mind az öt PCR során alkalmazott hőciklusok egyes lépéseit az 1. táblázat részletezi.

A kiértékelésig 4 °C-on tároltuk a mintákat. Az amplifikáció az Eppendorf Mastercycler nexus GX2 PCR berendezés használatával történt (Eppendorf Austria GmbH, Vienna, Austria). Minden reakcióban szekvenálással faji szinten beazonosított pozitív DNS kontrollt használtunk. A kiértékelés mindkét reakció során gélelektroforézissel történt, a PCR termékeket ethidium-bromiddal festett, 1,5%-os agaróz gélen futtattuk 100V feszültség mellett 50-60 percen át. Az eredményt UV fény alatt detektáltuk és rögzítettük. A pozitív mintákat fajmeghatározás céljából szekvenálásra tovább küldtük. A PCR termékek tisztítása és szekvenálása a Eurofins Biomi Kft. által történt (Gödöllő). A kapott szekvenciákat kézzel

javítottuk, majd nukleotid BLASTN program segítségével GenBank szekvenciákkal történő összehasonlítással azonosítottuk (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>).

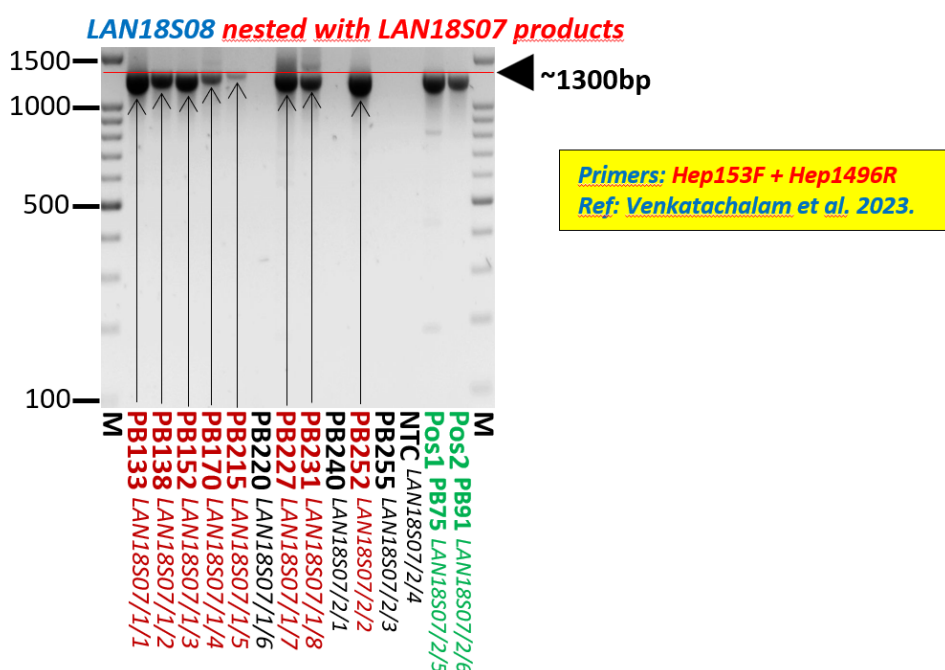
1. táblázat: A kutatásban elvégzett PCR-ek primerei és azok adatai.

| Célcsoport                | Célgén        | Primer neve        | Primer szekvenciája (5'-3')         | Ampli kon hossz (bp) | Hőciklus profil                                                                                  | Referencia   |
|---------------------------|---------------|--------------------|-------------------------------------|----------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------|
| <i>Trichomonas</i> spp.   | 18S rRNS      | 1055F              | GGT GGT GCA TGG CCG                 | 500                  | 95 °C for 5 min;<br>40× (95 °C for 45 s;<br>50 °C for 45 s; 72 °C for 1,5 min); 72 °C for 10 min | [55]         |
|                           |               | 16SR1              | TCA CCT ACC GTT ACC TTG             |                      |                                                                                                  |              |
| <i>Sarcocystis</i> spp.   | ssu rDNS      | COC1*              | AAG TAT AAG CTT TTA TAC GGC T       | 350                  | 94 °C for 10 min;<br>40× (94 °C for 30 s;<br>54 °C for 30 s; 72 °C for 30 sec); 72 °C for 10 min | [56]         |
|                           |               | COC2*              | CAC TGC CAC GGT AGT CCA ATA C       |                      |                                                                                                  |              |
| <i>Toxoplasma</i> sp.     | repeat region | TOX-8 (fw)         | CCC AGC TGC GTC TGT CGG GAT         | 480                  | 95 °C for 5 min;<br>35× (95 °C for 40 s;<br>60 °C for 1 min; 72 °C for 1 min); 72 °C for 10 min  | [57, 58, 59] |
|                           |               | TOX5 (rev)         | CGC TGC AGA CAC AGT GCA TCT GGA TT  |                      |                                                                                                  |              |
| <i>Lankesterella</i> spp. | 18S rRNS      | outer EF           | GAA ACT GCG AAT GGC TCA             | 1550                 | 95 °C for 5 min;<br>35× (95 °C for 40 s;<br>55 °C for 1 min; 72 °C for 1,5 min); 72 °C for 7 min | [60]         |
|                           |               | outer ER           | CTT GCG CCT ACT AGG CAT TC          |                      |                                                                                                  |              |
|                           |               | nested Hep153F     | GTA ATT CTA TGG CTA ATA CAT GCG C   | 1300                 | 95 °C for 5 min;<br>35× (95 °C for 40 s;<br>57 °C for 1 min; 72 °C for 2 min); 72 °C for 7 min   |              |
|                           |               | nested Hep1496R    | TTA TTG CCT CAA ACT TCC TTG CG      |                      |                                                                                                  |              |
| <i>Lankesterella</i> spp. | 18S rRNS      | outer Cocc18S_n1F  | CAG CTT TCG ACG GTA TGG TAT TGG     | 1150                 | 95 °C for 5 min;<br>35× (95 °C for 40 s;<br>58 °C for 1 min; 72 °C for 1,5 min); 72 °C for 7 min | [61]         |
|                           |               | outer Cocc18S_n1R  | CAG ACC TGT TAT TGC CTC AAA CTT CCT |                      |                                                                                                  |              |
|                           |               | nested Cocc18S_n2F | GTA TTG GCT TAC CGT GGC AGT GAC     | 1150                 |                                                                                                  |              |
|                           |               | nested Cocc18S_n2R | GCC TCA AAC TTC CTT GCG TTA GAC A   |                      |                                                                                                  |              |

## 4. Eredmények

A vizsgált madarak elsősorban Pest megyéből, valamint Budapestről származtak, nagyobb részük (221) Dömsöd, kisebb hányaduk (64) a Liszt Ferenc Nemzetközi Repülőtér környékéről. A tetemek boncolása során szervi elváltozás nem volt látható, azonban 6 szarka koponyája súlyosan roncsolódott, így azok agyából nem lehetett mintát gyűjteni. A szájüregből történő mintavétel során ez két szarka esetében jelentett akadályt.

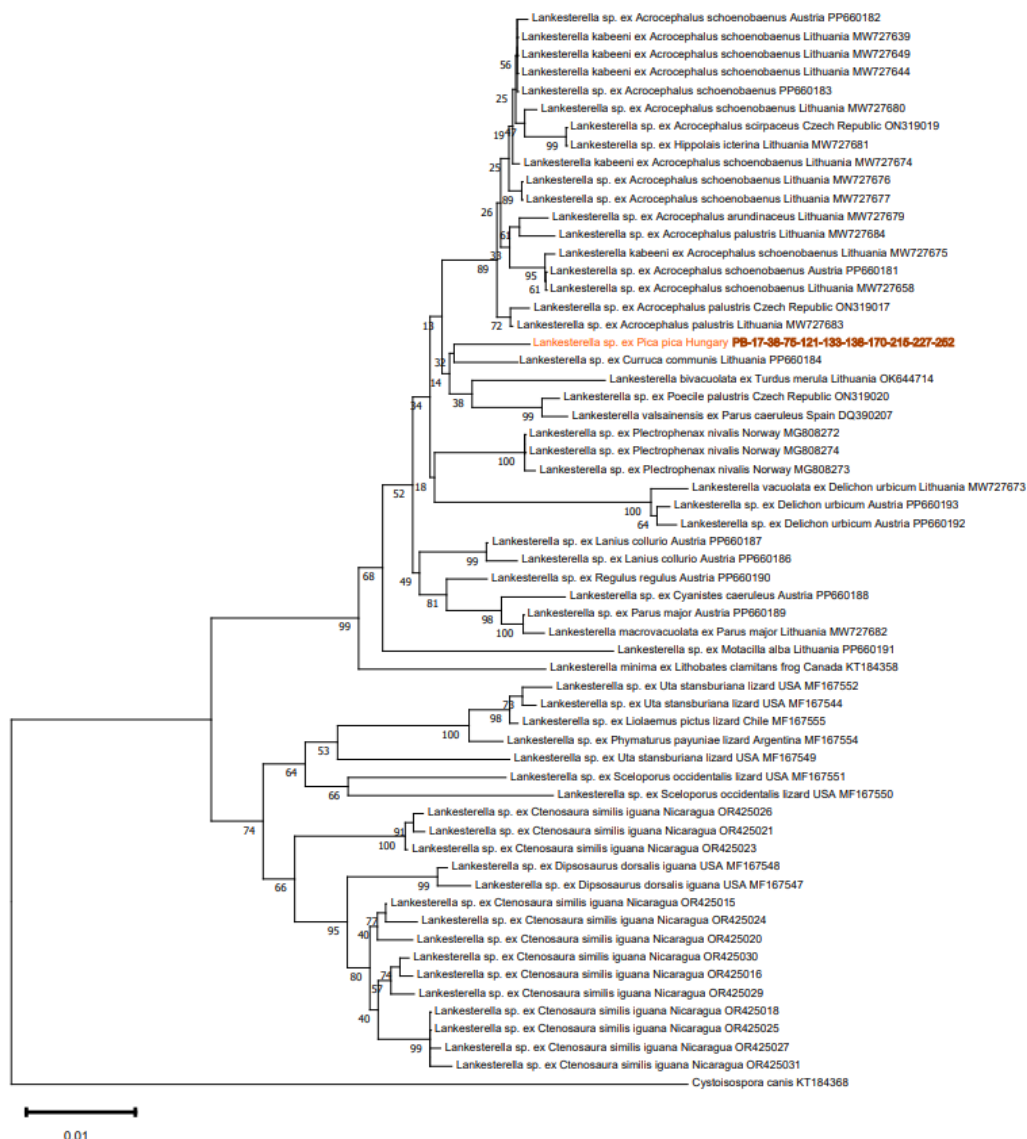
279 egyed agymintájából kivont DNS-ek PCR vizsgálatát követően, a hosszú 18S rRNS génszakaszt felerősítő PCR termékét (lásd 2. ábra) szekvenálva a következő eredményeket kaptuk.



2. ábra. Gélfotó a *Lankesterella* spp. 18S rRNS génjét célzó PCR vizsgálat során. A gélfotón 8 pozitívást mutató minta látható (PB133, -138, -152, -170, -215, -227, -231, -252).

Tíz mintában (PB17, -38, -75, -121, -133, -138, -170, -215, -227, -252) egy *Lankesterella*-faj (Apicomplexa: Lankesterellidae) volt jelen, valamennyi mintában ugyanaz a genotípus. A pozitív szarkák száma Dömsöd környékén 6, míg a Nemzetközi Repülőtéren 4 volt. Ez a szarka eredetű genotípus (*Lankesterella* sp. ex *Pica pica* Hungary) a génbanki szekvenciák közül a legnagyobb fokú, 98,7% (1021/1034 bp) egyezést a Litvániában mezei posztából (*Curruca communis*) kimutatott genetikai változattal (hozzáférési szám: PP660184) mutatta. A vele legkisebb genetikai rokonságban álló *Lankesterella* izolátumot (OP522457) barátcinegéből (*Poecile palustris*) közölték, és ez a szarka eredetű szekvenciánkkal csak

96,3% (902/937) egyezést mutatott. Ez utóbbi rokonsági fokait, más *Lankesterella* genotípusokkal való viszonyait a filogenetikai vizsgálat eredménye is mutatja (3. ábra).



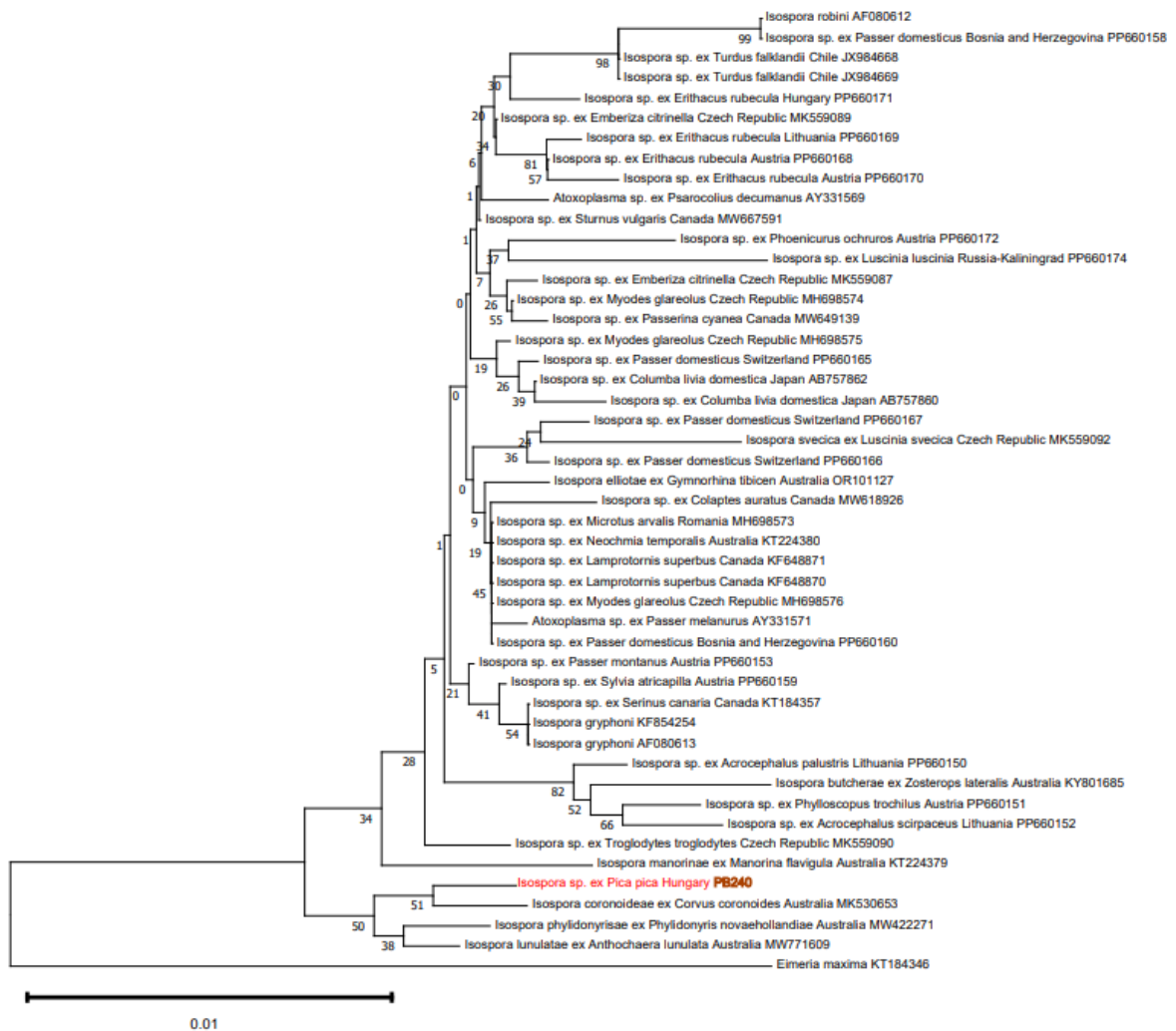
3. ábra. A jelen kutatásban agyszövetből izolált *Lankesterella* sp. (piros szín) filogenetikai törzsfán elfoglalt helyét mutatja az ábra.

Tíz szarka (PB38, 72, -79, -91, -97, -152, -170, -220, 231, -255) agyszövetéből kimutattuk a *Toxoplasma gondii* (Apicomplexa: Sarcocystidae) DNS-ének jelenlétét. Ezek közül három (PB-79, -91, -152) esetben sikerült felerősíteni a 18S rRNS gén hosszú szakaszát. Ennek szekvenciája 100%-ban (1012/1012 bp) egyezett a legsúlyosabb kórtani hatásáról ismert RH (GénBank: M97703) és ME49 (GénBank: XR\_001974180) *Toxoplasma* törzsek szekvenciáival. Néhány mintánál (PB38, -170, -231) kevert fertőzés gyanúja is felmerül (2. táblázat).

2. táblázat: Az egyes PCR vizsgálatok (1. táblázat) alapján kapott eredmények.

|              | ssu gén<br>COC1*-COC2*<br>(rövid, 320 vagy 350 bp) | 18S rRNS<br>Hep és Cocc<br>(hosszú, 1150-1500 bp) |
|--------------|----------------------------------------------------|---------------------------------------------------|
| <b>PB17</b>  | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB38</b>  | <i>Toxoplasma</i>                                  | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB72</b>  | <i>Toxoplasma</i>                                  | sikertelen                                        |
| <b>PB75</b>  | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB79</b>  | <i>Toxoplasma</i>                                  | <i>Toxoplasma</i>                                 |
| <b>PB91</b>  | <i>Toxoplasma</i>                                  | <i>Toxoplasma</i>                                 |
| <b>PB97</b>  | <i>Toxoplasma</i>                                  | negatív                                           |
| <b>PB121</b> | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB133</b> | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB138</b> | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB152</b> | <i>Toxoplasma</i>                                  | <i>Toxoplasma</i>                                 |
| <b>PB170</b> | <i>Toxoplasma</i>                                  | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB215</b> | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB220</b> | <i>Toxoplasma</i>                                  | negatív                                           |
| <b>PB227</b> | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB231</b> | <i>Toxoplasma</i>                                  | sikertelen                                        |
| <b>PB240</b> | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Isospora</i>                                   |
| <b>PB252</b> | <i>Lankesterella</i>                               | <i>Lankesterella</i>                              |
| <b>PB255</b> | <i>Toxoplasma</i>                                  | negatív                                           |

Egy szarka agyszövetében (PB240), amely Dömsöd környékéről származott, egy további faj DNS-ét sikerült kimutatni. Ez a legnagyobb fokú, 99,6%-os (1037/1041 bp) szekvencia hasonlóságot egy Ausztráliában fehérszemű mézevőből (*Phylidonyris novaehollandiae*) nemrég leírt kokcidiummal, az *Isospora phylidonyrisae* fajjal (GénBank: MW422271) mutatta. A vizsgálatunkból nyert 18S rRNS gén szekvencia 99,5%-ban (1036/1041 bp) egyezett a szarkákkal együtt szintén a varjúfélék (*Corvidae*) családjába tartozó ausztrál varjúból (*Corvus coronoides*) közölt *Isospora coronoideae* szekvenciával is (GénBank: MK530653). A hazai szekvencia filogenetikai viszonyait az 4. ábra mutatja.



4. ábra. A jelen kutatásban a PB240 jelölésű agymintából izolált *Isospora* sp. (piros szín) filogenetikai törzsfán elfoglalt helyét mutatja az ábra.

Az agyból származó DNS mintákban nem tudtuk kimutatni a *Neospora caninum* fajt, sem a szájnyálkahártya tampon mintákból nyálkahártyán élősködő ostorosokat a Trichomonadida rendből.

## 5. Megbeszélés

Élővilágunk folyamatos változásokon megy keresztül az emberi tevékenységek hatására, ami az állatok életmódját és élőhelyeit is jelentősen átformálja. Kutatásom legfőbb célja volt, hogy feltérképezzem, vajon a társállatokra nézve milyen egészségügyi kockázattal bír a nagyvárosokban az utóbbi évtizedekben megjelenő madárfajok előfordulása, mint például a varjúféléké. E csoporthoz tartozó szarkák fokozódó mértékben urbanizálódó, szinantrop madarak a Palearktikumban éppúgy [62], mint Magyarországon [3]. Ahogy ezen madarak hozzászoktak az emberi jelenlétéhez, úgy táplálékot keresve egyre bátrabban merészkednek be udvarokba, parkokba, játszóterekre és kutyafuttatókba. Napjainkban a társállatok, az ember és a vadon élő madarak élettere egyre inkább közössé válik, ami felhívhatja a figyelmet a madarak által potenciálisan hordozott betegségekre, így a parazitózisokra is. Mivel hosszú évek óta egyre több ember „családtagnak” tekintí kisállatát és otthonukba beengedve szorosabb kapcsolatot alakít ki vele, ez a közelség elősegítheti egyes zoonotikus kórokozók terjedését is [15, 25].

A kutatásom elvégzéséhez szükséges tetemek egy része a Budapesti Liszt Ferenc Nemzetközi Repülőtérrel származnak, ugyanis a madarak jelenléte komoly kockázatot okoz a repülőgépek fel- és leszállása során, emiatt különféle módszerekkel védekeznek ellenük. Riasztó eszközöket használnak, úgymint hangágyúk, madár vészjelzést utánzó hangsugárzók, madárijesztők, emellett az élőhelyet megváltoztató madártüskéket helyeznek ki vagy egyes fajokat áttelepítés céljából befognak, de legutolsó lehetőségként az elszaporodott populációt kilövésel gyérítik [63]. Ezutóbbi *a vad védelméről, a vadgazdálkodásról, valamint a vadásatról* szóló 1996. évi LV. törvény végrehajtásának szabályairól szóló 79/2004. (V. 4.) FVM rendelet 5. számú melléklete szabályozza [7].

A kutatásom során a megvizsgált 279 egyed agymintájának 3,6 %-a bizonyult *Lankesterella*-fajjal fertőzöttnek. Az Apicomplexa törzsbe tartozó *Lankesterella* egy kokcidium, mely a kétélűek és a hüllők kórokozói között régóta ismert, azonban a madarak érintettségét nemrég fedezték fel [60]. A *Lankesterella* spp. az Eucoccidiorida rendbe tartoznak az *Isospora* és a *Hepatozoon* fajok mellett [61]. Heteroxen fejlődésű paraziták, melyek sporozoitáit a fertőzött egyed véréből egy vérszívó vektor veszi fel. A hüllők és kétélűek esetében a fertőzést többek között kullancs, atka vagy pióca terjesztheti. A madarak fertőzésében szerepet játszó vektornak az atkákat vagy a szúnyogokat feltételezik. A vektorban érdekesmód nem szaporodik, hanem annak lenyelése során jut be a gazdaszervezetbe, ahol a májban vagy a bélben zajlanak le a szaporodás különböző

stádiumai [60]. Európában és világviszonylatban számos énekesmadár (Passeriformes rendbe tartozó) fajból mutattak már ki *Lankesterella*-fajokat [61, 64], de szarkából legjobb tudomásunk szerint ez idáig nem. Kísérleti fertőzésben pozitív eredményt mutattak a nádiposzátafélék (Acrocephalidae), fecskefélék (Hirundinidae) és a cinegefélék (Paridae), ahol is a leggyakrabban fertőzött faj a foltos nádiposzáta (*Acrocephalus schoenobaenus*) volt [61]. 815 vadon élő és 15 elhullott madár vér- és szövetmintáját vizsgáló felmérés során a *Lankesterella* fertőzési aránya 10,7% volt. A minták Szlovákiából, Ausztriából, Litvániából, Magyarországról, Svájcban, Bosznia-Hercegovinából és Oroszországból származtak, többségében cinegefélék, poszátafélék, légykapófélék alkották, kisebb arányban verébfélék, nádiposzátafélék, fecskefélék, füzikefélék, rigófélék és pintyfélék. A parazita leggyakrabban a lépben, tüdőben és agyban volt jelen. A vizsgált madarak közül a legnagyobb fertőzési arányt mutatta a barázdabillegető, kormos légykapó, töviszúró gébics és a foltos nádiposzáta [64]. A szarkából általunk kimutatott *Lankesterella* genotípus valószínűleg új faj, figyelembe véve a gazdaspecifitását (egy genetikai változat mind a tíz fertőzött szarkában) és a más, ismert *Lankesterella*-fajok közötti genetikai különbséget és filogenetikai viszonyokat. Figyelembe véve a madarakat fertőző *Lankesterella*-fajok fejlődésmenetének ismert aspektusait [60, 61], a vérszívó ízeltlábú vektorokkal a madarak száján át fertőződnek. Noha ez megteremthetné annak lehetőségét, hogy a kint (például aviáriumban) kedvtelésből tartott madarak a fertőzött szarkákon vért szívott vektorokkal fertőződjenek, a szarkában kimutatott faj feltételezett gazdaspecifitása miatt ez nem valószínű. A gazdaspecifitást más énekesmadár családok (Paridae, Acrocephalidae) képviselőit fertőző *Lankesterella*-fajok esetében már igazolták [60].

A vizsgálataink alapján a madarak 3,6 %-a bizonyult *T. gondii* fertőzöttnek. A végleges gazdaként számontartott macska a *T. gondii* szöveti tisztáját tartalmazó madár (vagy emlős) agy-, szem- vagy izomszövetének elfogyasztásával vagy fekál-orál úton oocisztával fertőződhet, mely a macskatulajdonos (főképp terhes nő vagy immunszupresszált ember) szempontjából komoly közegészségügyi jelentőséggel bír. Becslések szerint az emberi populáció harmada fertőzött *T. gondii*-val. Ebből kifolyólag a veleszületett toxoplazmózisból származó megbetegedések és halálozások száma is jelentős globális szinten, főként fejlődő országokban. Egy 2013-as tanulmány szerint évi 190.000 esetet elemző vizsgálat eredménye szerint minden 1000 élve született csecsemőből körülbelül 1,5 esetben fordult elő veleszületett toxoplazmózis [65]. Európai Betegségmegelőzési és Járványvédelmi Központ (ECDC) adatai alapján a veleszületett

toxoplazmózis bejelentett esetei az Európai Unióban 2015 óta folyamatosan csökkennek. 2015-ben 281 jelentett eset volt, melybe nem tartozik bele az Egyesült Királyság által jelentett esetek száma, 2023-ban 43 veleszületett toxoplazmózist jelentettek. A tavalyi év során az EU tagállamaiban legnagyobb számban Lengyelországban (n=25), Spanyolországban (n=5) és Németországban fordult elő (n=4). Emellett rögzítettek még esetet Portugáliából (n=3), Szlovéniából (n=2), Romániából (n=1), Szlovákiából (n=1), Csehországból (n=1) és Magyarországról (n=1) is [66]. Kisebb higiénia odafigyeléssel sokat tehetünk a fertőzöttség elkerülésének érdekében, úgymint a rendszeres kézmosási rutin, a macskaalom napi cserélése, a nyers zöldségek alapos mosása fogyasztás előtt és nem megfelelően hőkezelt hústermékek kerülése. Amennyiben terhes nő, immunszupresszált beteg vagy *T. gondii* fertőzöttség szempontjából egyéb rizikóbeteg van a családban, javasolt a társállatok benti tartásmódját megszüntetni, legalábbis nagy mértékben korlátozni. A társállatok udvaron történő etetése során a megmaradt táplálékot ne hagyjuk kint, ezáltal is csökkentve a madarak ház körüli megjelenését. Az udvarba kihelyezhetőek madarakat riasztó tárgyak, madárijesztők vagy kisebb beruházással madár vészjelzést utánzó hangsugárzók. A napjainkban feltörekvő „One Health” szemlélet ebben az esetben is megmutatkozik, mivel a környezet állapota, az állatok és az emberek egészségügyi státusza egy egységet alkot [41].

Kevés kutatás szól a *T. gondii* varjúfélékben való előfordulásáról. Európa területén egy 2011-ben leírt spanyolországi felmérésben 200 vadon élő madár agymintáját vizsgálták PCR módszerrel, ebből 12 (6%) minta mutatott *T. gondii* fajra pozitivitást, melyből 5 minta szajkóból és másik 5 minta szarkából származott [67]. Szintén Spanyolországban 2011-ben módosított agglutinációs teszttel mutatták ki a *T. gondii* jelenlétét a hollók 80,5%-ában [68]. Míg a Közép-Olaszországi Pisa tartomány területén 2020-ban 651 szarka és 120 dolmányos varjú szívizomzatát vizsgálva, 5,8 %-ukból (41 szarka, 4 dolmányos varjú) mutatták ki a *T. gondii*-t PCR módszerrel [42]. Európán kívüli kutatásokat tekintve 2018-ban az iráni Teherán területén 55 dolmányos varjú agyszövet mintájából 9 (16,3%) adott pozitív eredményt [45]. A jelen kutatás eredményét összevetve a szakirodalmi adatokkal, a vizsgálataink alacsonyabb fertőzöttséget mutattak az előbb részletezett európai tanulmányokkal szemben. Azonban az eredményeink alapján a szarkákban Magyarországon első alkalommal kimutatott *Toxoplasma* törzs 18S rRNS szekvenciájában egyezett az erősen virulens RH törzsszel. Ez kutyákban neurológiai tüneteket (görcs, ataxia, bénulás), szemtüneteket (conjunctivitis, uveitis), valamint bőrtüneteket (duzzanatok,

pyogranulomatózis és nekrotizáló bőrgyulladás) okozhat. Macskákban a fertőzés változatos tünetekben nyilvánulhat meg. A fertőzött született kölykökben májgyulladás, tüdőgyulladás és agyvelőgyulladás alakulhat ki, mely alapján a tünetek főként hasvízkórban, letargiában és nehézlégzésben nyilvánulnak meg. Idősebb macskákban emésztőszervi, légzőszervi, idegrendszeri és szemet érintő tünetek is fellelhetők [70]. Mivel a szarkák táplálékának összetevői között szerepel a kutyák (macskák) ürüléke [71], nemcsak más köztigazdák szöveteinek elfogyasztásával fertőződhetnek, hanem közvetlenül a végleges gazda macskák oocysta tartalmú bélsarából is. A *Toxoplasma*-hordozó és főleg a kertekben előforduló szarkák, mint potenciális zsákmányállatok eredményeink szerint hozzájárulhatnak a kutyák és macskák fertőződéséhez.

Az egyetlen hazai szarkából kimutatott *Isoospora*-faj rokonait (*I. phylidonyrisae*, *I. coronoidae*) madaraktól legjobb tudomásunk szerint eddig csak Ausztráliában mutatták ki [72, 73]. Viszont érdekes módon közép-európai rágcsálókban már azonosítottak hasonló genotípusokat (4. ábra), de azok pszeudoparaziták voltak, mivel feltételezhetően (de nem igazoltan) madárürülékből származhattak [74]. Vizsgálatunkkal így legjobb tudomásunk szerint első alkalommal igazoltuk közvetlenül ezen ausztráliai *Isoospora*-fajok rokonainak jelenlétét európai madárban. Mivel eredményünk szerint az érintett szarka agyszövege volt fertőzött, ez egyúttal a teljességében nem ismert fejlődésmenet azon részének igazolása, hogy az énekesmadarakat fertőző *Isoospora*-fajok az emésztőcső falából a limfoid sejtek és/vagy makrofágok révén eljutnak a központi idegrendszerbe [69].

Eredményeink alapján elmondható, hogy az egyre növekvő urbanizálódott madárállomány – jelen esetben varjúfélék – valós járványtani és egészségügyi kockázatot rejtenek mind a társállatokra, mind az emberekre nézve az általuk potenciális terjesztető egysejtű paraziták tekintetében. A varjúfélék további vizsgálatával reményem szerint több járványtanilag is jelentős faj jelenlétét tudjuk még majd igazolni.

## 6. Összefoglalás

Az utóbbi évtizedekben folyamatosan nő a kedvtelésből tartott állatok száma. Ezzel párhuzamosan, az urbanizáció következtében a nagyvárosi környezet egyre több vadon élő állatfaj számára is tud új élőhelyet és táplálékot nyújtani. Míg korábban elsősorban falvakban, tanyákon és mezőgazdasági területeken fordultak elő bizonyos varjúfélék (Passeriformes: Corvidae), ma már nagy számban láthatók városi parkokban és házak udvaraiban egyaránt. Ezen környezeti változásokból kiindulva kutatásunk fő célja volt megvizsgálni, hogy egyes urbanizálódott varjúfélék potenciális forrásul szolgálhatnak-e kedvtelésből tartott állatok egysejtű parazitás fertőzéseinek.

A tanulmány során összesen 285 egyed agyszövetéből és szájüregéből (szájtampon) történt mintavétel. A madarak többségét Budapesten a Liszt Ferenc Nemzetközi Repülőtér és Dömsöd környékén lőtték ki állománygyérítés céljából. A minták nagy részét szarka (*Pica pica*; n = 279), néhány szajkó (*Garrulus glandarius*; n = 4) és dolmányos varjú (*Corvus cornix*; n = 2) tette ki. A mintákból a DNS-t a QIAamp DNA Mini Kit segítségével vontuk ki, majd azokat konvencionális PCR vizsgálatnak és a pozitívakat szekvenálásnak vetettük alá.

Tíz szarka agymintájából sikeresen kimutattuk a *Toxoplasma gondii* (Apicomplexa: Sarcocystidae) jelenlétét. A 18S rRNS gén hosszú szekvenciája alapján ez a genotípus 100%-ban egyezett az erősen patogén RH és ME49 törzzsel. További 9 szarka *Lankesterella* (Apicomplexa: Lankesterellidae) pozitívnak bizonyult. A minták között azonos 18S rRNS szekvenciát mutató genotípus csak 98,7%-ban (1021/1034 bp) egyezett a génbanki adatok közül hozzá legközelebb álló genetikai változattal (mezei poszátából), ami alapján valószínűleg új faj. A Trichomonadida egysejtűek kimutatását célzó PCR alapján 8 szarka szájtampon mintája mutatott pozitivitást. Együttes fertőzés nem volt jelen egyik madárban sem.

Eredményeink szerint a városi környezetben egyre nagyobb számban jelenlévő varjúfélék lehetőséget teremthetnek egyes egysejtű paraziták terjedésének. Ezek közül a szarkák *Toxoplasma*-fertőzöttsége származhat macskák ürülékéből vagy köztigazdák elfogyasztásából, és a fertőzött szarkáktól, mint zsákmányállatoktól a kutyák és macskák is fertőződhetnek. Azonban az újonnan kimutatott *Lankesterella*-faj úgy tűnik, gazdaspecifikus, így a társállatként kint (például aviáriumban) tartott madarakat nem veszélyezteti azáltal, hogy ha a fertőzött szarkán vért szívó vektorokat az utóbbiak megeszik.

## 7. Summary

In recent decades, the number of pets has been steadily increasing due to changes in animal husbandry practices. At the same time, urbanization has also provided new habitats and food source for an increasing number of wildlife species in urban environment. While certain corvids (Passeriformes: Corvidae) were previously found primarily in villages, farms and agricultural areas, they are now commonly seen in parks and house yards alike. Based on these environmental changes, the primary goal of our research was to investigate whether some urbanized corvids could potentially serve as sources of protozoan parasitic infections in pets.

In the present study, samples were collected from the brain tissue and oral cavity (oral swab) of 285 individuals. Most of the birds were exterminated for population control around Liszt Ferenc International Airport Budapest and around Dömsöd. The majority of samples originated from Magpies (*Pica pica*; n = 279), in addition, from some Eurasian Jays (*Garrulus glandarius*; n = 4) and Hooded Crows (*Corvus cornix*; n = 2). DNA was extracted from the samples using the QIAamp DNA Mini Kit followed by conventional PCR analysis, and the positive samples were sequenced.

The presence of *Toxoplasma gondii* (Apicomplexa: Sarcocystidae) in the brain tissues of 10 Magpies was successfully justified. Based on a long sequence of the 18S rRNA gene, this genotype was 100% identical to the highly pathogenic RH and ME49 strains. Another 9 Magpies tested positive for a *Lankesterella* sp. (Apicomplexa: Lankesterellidae). Among these samples the genotype sharing the same 18S rRNA sequence matched only 98.7% (1021/1034 bp) to the closest genetic variant in the GenBank database (from Common Whitethroat), therefore it probably represents a new species. Based on the PCR targeting Trichomonadida, oral swab samples of 8 Magpies showed positivity. Co-infection was not proven in any of the birds.

Our results show that the increasing presence of corvids in urban environments may provide opportunities for the spread of certain protozoan parasites. Among these, *Toxoplasma* infection of Magpies can arise from feces of cats or the consumption of intermediate hosts, in addition, dogs and cats can also get infected from infected magpies as prey animals. However, the newly detected species of *Lankesterella* appears to be host-specific, thus companion birds (e.g. in aviaries) are not at risk from eating vectors that suck blood from infected magpies.

## Irodalomjegyzék

1. Zalai Tamás (szerk), Hadarics Tibor (2008) Magyarország madarainak névjegyzéke - Nomenclator Avium Hungariae. Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Budapest 208-213
2. Lars S, Peter J. G, Schmidt A, Dr Magyar G, Dr Sós E, Killian M, Dan Z, Haraszthy L (2005) Madárhatározó: Európa és magyarország legátfogóbb terepi határozója. Park Könyvkiadó, Budapest
3. Faragó S, Kovács G, Hajas PP (2017) A szarka (*Pica pica*) kezelési terve Magyarországon. MAVK 13:49–81. <https://doi.org/10.17243/mavk.2017.049>
4. Haraszthy László (1998) Magyarország madarai. Mezőgazda Kiadó, Budapest 350-359
5. Csiki E. (1919): Biztos adatok madaraink táplálkozásáról – Tizedik közlemény. Aquila 26: 76–104.
6. Al Nasser Y, Muco E, Alsaad AJ (2024) *Pica*. In: StatPearls. StatPearls Publishing, Treasure Island (FL)
7. A vad védelméről, a vadgazdálkodásról, valamint a vadásatról szóló 1996. évi LV. törvény végrehajtásának szabályairól szóló 79/2004. (V. 4.) FVM rendelet - Nemzeti Jogszabálytár. <https://njt.hu/jogszabaly/2004-79-20-82>. Accessed 9 Apr 2024
8. Országos Vadgazdálkodási Adattár [http://www.ova.info.hu/vg\\_stat/VA-2022-2023.pdf](http://www.ova.info.hu/vg_stat/VA-2022-2023.pdf)
9. Cnotka J, Güntürkün O, Rehkämper G, Gray RD, Hunt GR (2008) Extraordinary large brains in tool-using New Caledonian crows (*Corvus moneduloides*). Neuroscience Letters 433:241–245. <https://doi.org/10.1016/j.neulet.2008.01.026>
10. Prior H, Schwarz A, Güntürkün O (2008) Mirror-Induced Behavior in the Magpie (*Pica pica*): Evidence of Self-Recognition. PLOS Biology 6:e202. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0060202>
11. Szakony S (2022) Városi környezetben élő madarak menekülő viselkedésének terepi vizsgálata. Budapest
12. Jokimäki J, Suhonen J, Vuorisalo T, Kövér L, Kaisanlahti-Jokimäki M-L (2017) Urbanization and nest-site selection of the Black-billed Magpie (*Pica pica*) populations in two Finnish cities: From a persecuted species to an urban exploiter. Landscape and Urban Planning 157:577–585. <https://doi.org/10.1016/j.landurbplan.2016.08.001>
13. Krystofkova M, Fousova P, Exnerova A (2011) Nestling diet of the Common Magpie (*Pica pica*) in urban and agricultural habitats. Ornis Fenn 88:138–146
14. Raymond S, St. Clair CC (2023) Urban Magpies Frequently Feed on Coyote Scats and May Spread an Emerging Zoonotic Tapeworm. EcoHealth 20:441–452. <https://doi.org/10.1007/s10393-023-01664-5>
15. Stull JW, Brophy J, Weese JS (2015) Reducing the risk of pet-associated zoonotic infections. CMAJ 187:736–743. <https://doi.org/10.1503/cmaj.141020>
16. Tuboly Sándor, Varga János: A háziállatok fertőző betegségei - Állatorvosi járványtan II.
17. Tizard I (2004) Salmonellosis in wild birds. Seminars in Avian and Exotic Pet Medicine 13:50–66. <https://doi.org/10.1053/j.saep.2004.01.008>
18. Ferrari RG, Rosario DKA, Cunha-Neto A, Mano SB, Figueiredo EES, Conte-Junior CA (2019) Worldwide Epidemiology of Salmonella Serovars in Animal-Based Foods: a Meta-analysis. Appl Environ Microbiol 85:e00591-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.00591-19>
19. Lamichhane B, Mawad AMM, Saleh M, Kelley WG, Harrington PJ, Lovestad CW, Amezcua J, Sarhan MM, El Zowalaty ME, Ramadan H, Morgan M, Helmy YA (2024) Salmonellosis: An Overview of Epidemiology, Pathogenesis, and Innovative Approaches to Mitigate the Antimicrobial Resistant Infections. Antibiotics 13:76. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13010076>
20. Ahmed NA, Gulhan T (2021) Campylobacter in Wild Birds: Is It an Animal and Public Health Concern? Front Microbiol 12:812591. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.812591>
21. GiRiŞgiN AO, Alasonyalilar DemiRer A, Büyükcangaz E, Khider M, BiRliK S, İPek V (2019) Postmortem findings on a group of *Pica pica* (Passeriformes: Corvidae). Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi 66:155–161. <https://doi.org/10.33988/auvf.547504>
22. El-Mahallawy H, Hamza D, Ahmed Z (2022) Fecal Carriage of *S. aureus* and the *mecA* Gene in Resident Wild Birds and Its Zoonotic Potential. Journal of Applied Veterinary Sciences 0:0–0. <https://doi.org/10.21608/javs.2022.132870.1143>
23. Escribano-Romero E, Jiménez de Oya N, Camacho M-C, Blázquez A-B, Martín-Acebes MA, Riscalde MA, Muriel L, Saiz J-C, Höfle U (2021) Previous Usutu Virus Exposure Partially Protects Magpies (*Pica pica*) against West Nile Virus Disease But Does Not Prevent Horizontal Transmission. Viruses 13:1409. <https://doi.org/10.3390/v13071409>
24. Verhagen JH, Fouchier RAM, Lewis N (2021) Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses at the Wild–Domestic Bird Interface in Europe: Future Directions for Research and Surveillance. Viruses 13:212. <https://doi.org/10.3390/v13020212>

25. Mendoza Roldan JA, Otranto D (2023) Zoonotic parasites associated with predation by dogs and cats. *Parasites & Vectors* 16:55. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-05670-y>
26. Carrera-Játiva PD, Morgan ER, Barrows M, Wronski T (2018) GASTROINTESTINAL PARASITES IN CAPTIVE AND FREE-RANGING BIRDS AND POTENTIAL CROSS-TRANSMISSION IN A ZOO ENVIRONMENT. *J Zoo Wildl Med* 49:116–128. <https://doi.org/10.1638/2016-0279R1.1>
27. Halajian A, Eslami A, Mobedi I, Amin O, Mariaux J, Mansoori J, Tavakol S (2011) Gastrointestinal Helminths of Magpies (*Pica pica*), Rooks (*Corvus frugilegus*) and Carrion Crows (*Corvus corone*) in Mazandaran Province, North of Iran. *Iran J Parasitol* 6:38–44
28. Dr. Hornok Sándor (2014) Protozoológia, Egysejtű élősködők. A/3 Nyomdaipari és Kiadói Szolgáltató Kft., Szent István Egyetem, Állatorvostudományi Kar, Budapest
29. (*Pica serica*) in Beijing, China. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*. <https://doi.org/10.1089/vbz.2023.0101>
30. Dezfili BS, Manera M, Rubini S (2020) Intestinal Histopathology due to an Acanthocephalan in Two Corvid Species from Northern Italy. *Journal of Wildlife Diseases* 57:215–219. <https://doi.org/10.7589/JWD-D-20-00080>
31. Sitko J, Heneberg P (2024) Avian trematodes of central European corvids are heterogeneous regarding preferences for host species and age. *Journal of Helminthology* 98:e17. <https://doi.org/10.1017/S0022149X23001001>
32. Stabler RM (1954) *Trichomonas gallinae*: A review. *Experimental Parasitology* 3:368–402. [https://doi.org/10.1016/0014-4894\(54\)90035-1](https://doi.org/10.1016/0014-4894(54)90035-1)
33. Tuska-Szalay B, Sipos G, Takács N, Kontschán J, Sándor A, Péter Á, Berta K, dr. Kerek A, Jerzsele A, Votycka J, Hornok S (2022) Molecular epidemiological study of *Trichomonas gallinae* focusing on central and southeastern Europe. *Frontiers in Veterinary Science* 9:. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.1050561>
34. Tuska-Szalay B, Gilbert J, Takács N, Boldogh S, Fáy J, Sterczér Á, Psáder R, Kontschán J, Izsó Á, Hornok S (2024) Molecular-phylogenetic investigation of trichomonads in dogs and cats reveals a novel *Tritrichomonas* species. *Parasites & Vectors* 17:. <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06343-0>
35. Ryan UM, Feng Y, Fayer R, Xiao L (2021) Taxonomy and molecular epidemiology of *Cryptosporidium* and *Giardia* – a 50 year perspective (1971–2021). *International Journal for Parasitology* 51:1099–1119. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2021.08.007>
36. Barbosa AD, Egan S, Feng Y, Xiao L, Ryan U (2023) *Cryptosporidium* and *Giardia* in cats and dogs: What is the real zoonotic risk? *Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases* 4:100158. <https://doi.org/10.1016/j.crpvbd.2023.100158>
37. Adam RD (2021) *Giardia duodenalis*: Biology and Pathogenesis. *Clinical Microbiology Reviews* 34:e00024-19. <https://doi.org/10.1128/CMR.00024-19>
38. Plutzer J, Tomor B (2009) The role of aquatic birds in the environmental dissemination of human pathogenic *Giardia duodenalis* cysts and *Cryptosporidium* oocysts in Hungary. *Parasitology International* 58:227–231. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2009.05.001>
39. Egan S, Barbosa AD, Feng Y, Xiao L, Ryan U (2024) The risk of wild birds contaminating source water with zoonotic *Cryptosporidium* and *Giardia* is probably overestimated. *Science of The Total Environment* 912:169032. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.169032>
40. Hayes L, Robinson G, Chalmers RM, Ormerod SJ, Paziowska-Harris A, Chadwick EA, Durance I, Cable J (2023) The occurrence and zoonotic potential of *Cryptosporidium* species in freshwater biota. *Parasites & Vectors* 16:209. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-05827-9>
41. Aguirre AA, Longcore T, Barbieri M, Dabritz H, Hill D, Klein PN, Lepczyk C, Lilly EL, McLeod R, Milcarsky J, Murphy CE, Su C, VanWormer E, Yolken R, Sizemore GC (2019) The One Health Approach to Toxoplasmosis: Epidemiology, Control, and Prevention Strategies. *EcoHealth* 16:378–390. <https://doi.org/10.1007/s10393-019-01405-7>
42. Mancianti F, Terracciano G, Sorichetti C, Vecchio G, Scarselli D, Perrucci S (2020) Epidemiologic Survey on *Toxoplasma gondii* and *Trichinella pseudospiralis* Infection in Corvids from Central Italy. *Pathogens* 9:336. <https://doi.org/10.3390/pathogens9050336>
43. Jones JL, Holland GN (2010) Annual burden of ocular toxoplasmosis in the US. *Am J Trop Med Hyg* 82:464–465. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2010.09-0664>
44. de Barros LD, Miura AC, Minutti AF, Vidotto O, Garcia JL (2018) *Neospora caninum* in birds: A review. *Parasitology International* 67:397–402. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2018.03.009>
45. Abdoli A, Arbabi M, Pirestani M, Mirzaghavami M, Ghaffarifar F, Dalimi A, Sadraei J (2018) Molecular assessment of *Neospora caninum* and *Toxoplasma gondii* in hooded crows (*Corvus cornix*) in Tehran, Iran. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 57:69–73. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2018.06.008>

46. Juozaitytė-Ngugu E, Švažas S, Šneideris D, Rudaitytė-Lukošienė E, Butkauskas D, Prakas P (2021) The Role of Birds of the Family Corvidae in Transmitting Sarcocystis Protozoan Parasites. *Animals* 11:3258. <https://doi.org/10.3390/ani11113258>
47. Hornok S, Mester A, Takács N, Baska F, Majoros G, Fok É, Biksi I, Németh Z, Hornyák Á, Jánosi S, Farkas R (2015) Sarcocystis-infection of cattle in Hungary. *Parasites & Vectors* 8:69. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0685-9>
48. Solano-Gallego L, Sainz Á, Roura X, Estrada-Peña A, Miró G (2016) A review of canine babesiosis: the European perspective. *Parasites & Vectors* 9:336. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1596-0>
49. Penzhorn BL, Oosthuizen MC (2020) Babesia Species of Domestic Cats: Molecular Characterization Has Opened Pandora's Box. *Front Vet Sci* 7: <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00134>
50. Yabsley MJ, Shock BC (2013) Natural history of Zoonotic Babesia: Role of wildlife reservoirs. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife* 2:18–31. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2012.11.003>
51. Willi B, Meli ML, Cafarelli C, Gilli UO, Kipar A, Hubbuch A, Riond B, Howard J, Schaarschmidt D, Regli W, Hofmann-Lehmann R (2022) Cytauxzoon europaeus infections in domestic cats in Switzerland and in European wildcats in France: a tale that started more than two decades ago. *Parasites & Vectors* 15:19. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-05111-8>
52. Hornok S, Boldogh SA, Takács N, Kotschán J, Szekeres S, Sós E, Sándor AD, Wang Y, Tuska-Szalay B (2022) Molecular epidemiological study on ticks and tick-borne protozoan parasites (Apicomplexa: Cytauxzoon and Hepatozoon spp.) from wild cats (Felis silvestris), Mustelidae and red squirrels (Sciurus vulgaris) in central Europe, Hungary. *Parasites & Vectors* 15:174. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05271-1>
53. Baneth G, Allen K (2022) Hepatozoonosis of Dogs and Cats. *Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice* 52:1341–1358. <https://doi.org/10.1016/j.cvsm.2022.06.011>
54. Sándor AD, Kalmár Z, Matei I, Ionică AM, Mărcuțan I-D (2017) Urban Breeding Corvids as Disseminators of Ticks and Emerging Tick-Borne Pathogens. *Vector Borne Zoonotic Dis* 17:152–154. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.2054>
55. Cepicka I, Hampl V, Kulda J, Flegr J (2006) New evolutionary lineages, unexpected diversity, and host specificity in the parabasalid genus Tetratrichomonas. *Mol Phylogenet Evol* 39:542–551. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.01.005>
56. Ho MS, Barr BC, Marsh AE, Anderson ML, Rowe JD, Tarantal AF, Hendrickx AG, Sverlow K, Dubey JP, Conrad PA (1996) Identification of bovine Neospora parasites by PCR amplification and specific small-subunit rRNA sequence probe hybridization. *Journal of Clinical Microbiology* 34:1203–1208. <https://doi.org/10.1128/jcm.34.5.1203-1208.1996>
57. Homan WL, Vercammen M, De Braekeleer J, Verschueren H (2000) Identification of a 200- to 300-fold repetitive 529 bp DNA fragment in Toxoplasma gondii, and its use for diagnostic and quantitative PCR. *Int J Parasitol* 30:69–75. [https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(99\)00170-8](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(99)00170-8)
58. Reischl U, Bretagne S, Krüger D, Ernault P, Costa J-M (2003) Comparison of two DNA targets for the diagnosis of Toxoplasmosis by real-time PCR using fluorescence resonance energy transfer hybridization probes. *BMC Infect Dis* 3:7. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-3-7>
59. Schares G, Herrmann DC, Beckert A, Schares S, Hosseinienejad M, Pantchev N, Globokar Vrhovec M, Conrath FJ (2008) Characterization of a repetitive DNA fragment in Hammondia hammondi and its utility for the specific differentiation of H. hammondi from Toxoplasma gondii by PCR. *Mol Cell Probes* 22:244–251. <https://doi.org/10.1016/j.mcp.2008.04.003>
60. Saravana Bhavan Venkatachalam AK, Čepička I, Hrazdilová K, Svobodová M (2023) A Lankesterella passerine (Apicomplexa: Coccidia) gazdaspecifikussága. *European Journal of Protistology* 90:126007. <https://doi.org/10.1016/j.ejop.2023.126007>
61. Chagas CRF, Harl J, Preikša V, Bukauskaitė D, Ilgūnas M, Weissenböck H, Valkiūnas G (2021) Lankesterella (Apicomplexa, Lankesterellidae) Blood Parasites of Passeriform Birds: Prevalence, Molecular and Morphological Characterization, with Notes on Sporozoite Persistence In Vivo and Development In Vitro. *Animals* 11:1451. <https://doi.org/10.3390/ani11051451>
62. Jerzak, L. (2001). Synurbanization of the magpie in the Palearctic. In: Marzluff, J.M., Bowman, R., Donnelly, R. (eds) *Avian Ecology and Conservation in an Urbanizing World*. Springer, Boston, MA. [https://doi.org/10.1007/978-1-4615-1531-9\\_19](https://doi.org/10.1007/978-1-4615-1531-9_19)
63. Desoky A (2015) A Review of Bird Control Methods at Airports
64. Keckeisen C, Šujanová A, Himmel T, Matt J, Nedorost N, Chagas CRF, Weissenböck H, Harl J. Isospora and Lankesterella Parasites (Eimeriidae, Apicomplexa) of Passeriform Birds in Europe: Infection Rates, Phylogeny, and Pathogenicity. *Pathogens*. 2024 Apr 18;13(4):337. doi: 10.3390/pathogens13040337.

65. Djurković-Djaković O, Dupouy-Camet J, Van der Giessen J, Dubey JP (2019) Toxoplasmosis: Overview from a One Health perspective. Food and Waterborne Parasitology 15:e00054. <https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2019.e00054>
66. <https://atlas.ecdc.europa.eu/public/index.aspx>
67. Darwich L, Cabezón O, Echeverría I, Pabón M, Marco I, Molina-López R, Alarcia-Alejos O, López-Gatius F, Lavín S, Almería S (2012) Presence of *Toxoplasma gondii* and *Neospora caninum* DNA in the brain of wild birds. Veterinary Parasitology 183:377–381. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.07.024>
68. Molina-López R, Cabezón O, Pabón M, Darwich L, Obón E, Lopez-Gatius F, Dubey JP, Almería S (2012) A *Toxoplasma gondii* és a *Neospora caninum* magas szeroprevalenciája a hollóban ( *Corvus corax* ) Spanyolország északkeleti részén. Research in Veterinary Science 93:300–302. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2011.05.011>
69. Keckeisen C, Šujanová A, Himmel T, Matt J, Nedorost N, Chagas CRF, Weissenböck H, Harl J (2024) Isospora and Lankesterella Parasites (Eimeriidae, Apicomplexa) of Passeriform Birds in Europe: Infection Rates, Phylogeny, and Pathogenicity. Pathogens 13:337. <https://doi.org/10.3390/pathogens13040337>
70. Calero-Bernal R, Gennari SM. Clinical Toxoplasmosis in Dogs and Cats: An Update. Front Vet Sci. 2019 Feb 26;6:54. doi: 10.3389/fvets.2019.00054. PMID: 30863754; PMCID: PMC6399377.
71. Clarkson, K. 1984. The breeding and feeding ecology of the Magpie *Pica pica*. Ph.D. dissertation, University of Sheffield, UK.
72. Liu D, Brice B, Elliot A, Ryan U, Yang R. *Isospora coronoides* n. sp. (Apicomplexa: Eimeriidae) from the Australian raven (*Corvus coronoides*) (Passeriformes: Corvidae) (Linnaeus, 1758) in Western Australia. Parasitol Res. 2019 Aug;118(8):2399-2408. doi: 10.1007/s00436-019-06378-8.
73. Yang R, Brice B, Berto BP, Ryan U. Morphological and molecular description of a new species of Isospora (Apicomplexa) from a New Holland honeyeater (Phylidonyris novaehollandiae). Parasitol Int. 2021 Aug;83:102348. doi: 10.1016/j.parint.2021.102348.
74. Trefancová A, Mácová A, Kvičerová J. Isosporan Oocysts in the Faeces of Bank Voles (*Myodes glareolus*; Arvicolinae, Rodentia): Real Parasites, or Pseudoparasites? Protist. 2019 Feb;170(1):104-120. doi: 10.1016/j.protis.2018.12.002.

## Köszönetnyilvánítás

A kutatás alatt és a dolgozatom megírásában sokan segítettek, támogattak, akiknek hálámat és köszönetemet szeretném kifejezni.

Elsősorban hálás köszönettel tartozom témavezetőmnek, Dr. Tuska-Szalay Barbarának, akinek fáradhatatlan munkája, segítsége, támogatása és iránymutatása nélkül ez a dolgozat nem készülhetett volna el. Odaadó türelmével, ötletadó gondolataival, hasznos tanácsaival és lelkesedésével átlendített bármilyen nehézségen a közös munkánk során. Továbbá köszönöm a mintagyűjtéstől kezdve a dolgozatom befejezéséig nyújtott folyamatos útmutatásait és javaslatait.

Köszönettel tartozom Dr. Hornok Sándor tanszékvezető úrnak, hogy az Állatorvostudományi Egyetem Parazitológiai és Állattani Tanszékén lehetőséget biztosított kutatásom megvalósításához és kiemelkedő szakmai tudásával, tanácsaival segítette dolgozatom elkészítését.

Nagyon köszönöm önzetlen segítségét Horváth Martinnak, hogy a mintavételezés során végzett munkájával a kutatást előrelendítette és a folyamatos előkészülettel a munkámat jelentősen segítette, gyorsította.

Hálás köszönettel tartozom Takács Nórának, tanszéki biomérnöknek, a PCR-vizsgálatok során nyújtott felelősségteljes munkájáért és megbízható eredményeiért.

Köszönettel tartozom továbbá Szabó Lajosnak, a Budapest Airport madár- és vadvédekezési csoport vezetőjének és Dr. Gergely Imrének a kutatásom alapjául szolgált madártetemek felajánlásáért.

Tiszta szívvel köszönöm kedves családomnak, akik az egyetemi éveim alatt mindenben támogattak, segítettek és rendületlenül kísérték azon az egyetlen úton, melyet gyermekkoromban megálmodtam magamnak. Nem utolsó sorban hálásan köszönöm Páromnak az összes biztató szót, kitartó türelmét és rengeteg segítségét, melyet az évek alatt kaptam, továbbá nagyon köszönöm, hogy a legnehezebb napokban is mindig mellettem volt!



## Diplomamunka konzultációs lap állatorvostan hallgatók részére

A hallgató neve: Gaál Klaudia

Neptun-kódja: XK9VAA

A témavezető neve és beosztása: Dr. Tuska-Szalay Barbara – tanszéki állatorvos, PhD-hallgató

Tanszék: Parazitológiai és Állattani Tanszék

A diplomadolgozat címe: Szarkákban előforduló egysejtű paraziták molekuláris vizsgálata

## Konzultáció - 1. félév

| Időpont |      |    |     | Téma/Témavezető megjegyzése | Témavezető aláírása |
|---------|------|----|-----|-----------------------------|---------------------|
|         | Év   | Hó | Nap |                             |                     |
| 1.      | 2024 | 02 | 05  | Boncolás                    | dr. —               |
| 2.      | 2024 | 02 | 29  | Boncolás                    | dr. —               |
| 3.      | 2024 | 04 | 03  | Boncolás                    | dr. —               |
| 4.      | 2024 | 03 | 12  | Szakedolgozat írás          | dr. —               |
| 5.      | 2024 | 04 | 11  | Boncolás                    | dr. —               |

Érdemjegy az első félév végén: 5

## Konzultáció - 2. félév

| Időpont |      |    |     | Téma/Témavezető megjegyzése | Témavezető aláírása |
|---------|------|----|-----|-----------------------------|---------------------|
|         | Év   | Hó | Nap |                             |                     |
| 1.      | 2024 | 09 | 10  | Dolgozat írás               | dr. —               |
| 2.      | 2024 | 09 | 17  | — k —                       | dr. —               |
| 3.      | 2024 | 10 | 23  | — k —                       | dr. —               |
| 4.      | 2024 | 10 | 01  | — k —                       | dr. —               |
| 5.      | 2024 | 10 | 08  | — k —                       | dr. —               |

Érdemjegy a második félév végén: .....5.....

A nyomtatvány a hallgatói és a tanszéki ügyintézői aláírás, valamint az átvétel dátuma nélkül nem érvényes. A konzultációs lap a diplomamunka mellékletét képezi!



A diplomamunka - a szakra vonatkozóan - a Tanulmányi- és Vizsgaszabályzatban, valamint az Útmutató a szakdolgozatok/diplomamunkák készítéséhez című mellékletében leírt követelményeknek megfelel.

A diplomamunka befogadható, védeésre alkalmasnak találtam.

Hallgató aláírása: .....

*Gaál Klaudia*

*de u*

.....  
témavezető aláírása

Tanszéki előadó aláírása: .....

*Ferenc Rej*

Átvétel dátuma: .....

*2024.10.15.*

1. melléklet Nyilatkozat TDK- és szakdolgozat azonosságáról

## NYILATKOZAT

Alulírott **Gaál Klaudia** (XK9VAA) nyilatkozom, hogy szakdolgozatom, melynek címe „*Városi környezetben élő varjúfélék szerepe társállatok egyes protozoon-fertőzöttségeiben*” tartalmi és formai szempontból teljes mértékben megegyezik azonos című, a 2024. évi TDK konferencián szerepelt dolgozatommal.

Budapest, 2024. november 27.

.....Gaál Klaudia.....

Gaál Klaudia