

Egyetemi doktori (PhD) értekezés tézisei

**TÁRSÁLLATOK EGYSEJTŰ
PARAZITÁINAK MOLEKULÁRIS
JÁRVÁNYTANI VIZSGÁLATA**

Dr. Tuska-Szalay Barbara

Témavezető: Prof. Dr. Hornok Sándor, az
MTA levelező tagja



ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM
Állatorvostudományi Doktori Iskola

Budapest, 2025

Témavezető:

.....

Prof. Dr. Hornok Sándor, az MTA levelező tagja

Parazitológiai és Állattani Tanszék

Állatorvostudományi Egyetem

.....

Dr. Tuska-Szalay Barbara

Tartalom

1. Előzmények.....	3
2. Célkitűzések.....	7
3. Anyag és módszer	8
4. Eredmények és megbeszélés	11
5. Új tudományos eredmények	18
6. Az értekezés témájában született közlemények 20	
7. Az értekezéshez nem kapcsolódó publikációk	24

1. Előzmények

A társállatok napjainkban egyre fontosabb szerepet töltenek be életünkben, és ennek következtében nagyobb figyelmet is szentelünk nekik. Ezzel párhuzamosan az állatorvosi parazitológia területén is gyorsuló fejlődés zajlik, legfőképp a diagnosztikai módszerek területén. A protozoonok gyakori parazitáknak mondhatók, hiszen a társállatoknál rutinszerűen alkalmazott féregellenes készítmények zöme nem hatékony ellenük, így nagyobb lehetőség nyílik a terjedésükre. Ezen túlmenően, különféle terjedési móddal jellemezhetőek, így vektorok révén vagy közvetlenül is tovább juthatnak fogékony gazdáiba. A vektor által közvetített egysejtű parazitákat különböző ízeltlábú vektorok, úgymint kullancsok vagy szúnyogok terjeszthetik. Emellett, képesek intracellulárisan fejlődni a vörösvérsejtekben és/vagy fehérvérsejtekben. Közülük Európában egyrészt a *Hepatozoon*-fajokat érdemes megemlíteni, amelyek a fertőzött kullancsvektor elfogyasztása révén okozzák fogékony gazdaszervezeteik fertőződését. Másrészt a piroplazmákat, például a *Babesia canis*-t, amely kutyákban akár elhullással járó kórképet okozhat.

Emellett, macskákban előfordulhat Európában a *Cytauxzoon europaeus*, amely kevésbé patogén az USA-ban előforduló *Cytauxzoon felis*-hez képest. A piroplazmák többségét elsősorban kullancsok közvetítik, de vannak olyan fajok, amelyek más utat is találtak a hatékony terjedéshez, mint például a *Babesia gibsoni*, mely harapás útján és transzplacentárisan is tovább adható. Emellett, a *Hepatozoon felis* és a *C. europaeus* is képes fertőzni az utódokat a méhlepényen át, ráadásul egyes *Hepatozoon*-fajoknál a húsevés is szerepet játszhat az átvitelben.

A nem *vector-borne* egysejtűek közül a *Giardia duodenalis* és különböző *Acanthamoeba*-fajok képesek víz útján terjedni. Mindkettő zoonótikus, így human-egészségügyi szempontból is jelentősnek tekinthető. A *Giardia duodenalis*-nak kilenc genotípusa van, amelyek közül az A és B genotípus emberben is előfordul, és hasi diszkomfortot, hasmenést, ritkán bőrelváltozást tud okozni. A *Giardia* ciszták hónapokig is képesek ellenállni a kedvezőtlen környezeti körülményeknek, ezáltal az állatok újra fertőződése gyakran előfordul. Az *Acanthamoeba*-fajok opportunistá egysejtű paraziták, és elsősorban arról ismertek, hogy emberekben a

szaruhártya gyulladását tudják okozni. Mindazonáltal, kutyákban, macskákban, hüllőkben és lovakban is beszámoltak már a jelenlétükről. A *Trichomonas*-fajok szintén jelentős homoxen, nem vektor által terjesztett protozoonok, amelyek a nyálkahártyák felszínén élőködnek: galambok szájgaratüregében a *Trichomonas gallinae*, vagy kutyák, macskák vastagbelében a *Tritrachomonas foetus* és a *Pentatrachomonas hominis*. Utóbbi faj emberben is előfordul. Mind közvetlenül terjednek, bár feltételezik, hogy a *T. foetus* életsiklusában a meztelen csigák paratenikus gazdaként jelen lehetnek.

A társállatok azon egysejtűi közül, amelyek köztigazdával fejlődnek, a *Toxoplasma gondii*, a *Neospora caninum* és a *Sarcocystis*-fajok a legjelentősebbek. A *Toxoplasma gondii* mind állat-, mind közegészségügyi szempontból kiemelten fontos, hiszen az egyik legelterjedtebb zoonótikus faj. Embereknél a terhesség alatt foetopathogen, ahogy ez a *N. caninum*-ra is igaz tehenek esetében.

Magyarország a XXI. század elején azon európai országok közé tartozott, ahol a társállatok legtöbb egysejtű élőködőjét még nem vagy alig vizsgálták molekuláris biológiai módszerekkel, különösen tekintettel

a gazdaspecifitásukra, terjedési módjaikra, genetikai és filogenetikai jellemzőikre. Ez alapján kiemelten fontosnak és ígéretesnek tartottuk e hiánypótló vizsgálatok elvégzését.

2. Célkitűzések

Céljaink közé tartozott, hogy megvizsgáljuk:

Ad 1. Rágcsálók és nyulak *Giardia*-fertőzöttségét

Ad 2. Galambfélékben előforduló *Trichomonas*-fajokat

Ad 3. Macskákat és kutyákat fertőzni képes *Trichomonas*-fajokat

Ad 4. Hüllők ürülékében előforduló protozoonokat

Ad 5. *Acanthamoeba*-fajok jelenlétét szembetegségben szenvedő kutya- és macskabetegeknél

Ad 6. Nyers hússal etetett kutyák és macskák ürülékében található egysejtűeket

Ad 7. *Sarcocystis* sporocisztákat kutyaürülékben

Ad 8. *Hepatozoon felis* és *Cytauxzoon europaeus* jelenlétét kijáró házimacskákban

Ad 9. *Babesia gibsoni* elterjedtségét és molekuláris jellemzőit „harci kutyákban”

Ad 10. Egyes protozoonok genetikai sokféleségét terjedési útjuk függvényében

3. Anyag és módszer

A jelen tanulmányban részt vevő társállatokból összesen 1039 mintát (bélsár, béltartalom, vér, szájüreg, szájgarat, kötőhártya és szövet) gyűjtöttünk. Azokat különböző egysejtű paraziták jelenlétére vizsgáltuk meg. Mindezt hagyományos parazitológiai vizsgálat és/vagy molekuláris biológiai módszerek, köztük filogenetikai elemzés segítségével végeztük el. A minták többsége Magyarországról származott.

A tradicionális parazitológiai módszereken belül a bélsármintákból 1200 vagy 1300 g/l sóoldattal felszindúsítást végeztünk, míg a vérmintákból vérkenetet készítettünk és elemeztük azokat. Az kutatásban vizsgált összes béltartalomból és bélsármintából a DNS-t a QIAamp® Fast DNA Stool Mini Kit (QIAGEN, Hilden, Németország) segítségével vontuk ki a gyártó utasításait betartva, vagy attól kisebb módosításokkal eltérve. Míg a szájüregi, szájgarat-, kötőhártya-, vér- és szövetmintákból származó DNS-t a QIAamp DNA Mini Kit-tel (Qiagen, Hilden, Németország) vontuk ki a gyártó vér- vagy szövet protokollja szerint. Következő lépésként konvencionális PCR vizsgálatokat végeztünk egyes protozoonok

jelenlétének meghatározása érdekében (1. táblázat). A GenBank-ból nyert és filogenetikai vizsgálatba bevont szekvenciák 97-100%-os lefedettséget mutattak a vizsgálatainkból származó szekvenciákkal, illetve azokat azonos hosszúságúra vágtuk le. Az adatok vizsgálatát 1000-szer újrafuttatva kaptuk a *bootstrap* értékeket. A filogenetikai elemzést MEGA 7.0 és MEGA 11.0 program segítségével végeztük. Végül, több egysejtű parazita faj genetikai változatosságát vizsgáltuk meg a különböző terjedési útvonalaik tekintetében. Elsősorban azon fajokra fókuszálva, amelyeket a közelmúltban fedeztek fel vagy először elemeztek molekulárisan Magyarországon vagy annak földrajzi régiójában, beleértve az itt foglaltakat.

Table 1. A PCR vizsgálatok során vizsgált egysejtű paraziták és azok célgénjei.

Célcsoport	Célgén
<i>Giardia</i> spp.	<i>bg, gdh, tpi</i>
Trichomonadida	18S rRNA, alpha-tubulin, ITS2
<i>Acanthamoeba</i> spp.	18S rRNA
<i>Neospora</i> - <i>Toxoplasma</i> - <i>Cystoisospora</i> spp.	COI
<i>Neospora</i> sp.	NC5
<i>Toxoplasma</i> sp.	repeat region
Piroplasmida <i>Sarcocystis</i> spp.	18S rRNA
<i>Hepatozoon</i> spp.	18S rRNA
<i>Cytauxzoon</i> spp.	<i>cytb</i>
<i>Babesia gibsoni</i>	<i>cox1, cytb</i>

4. Eredmények és megbeszélés

Vizsgálataink során *Giardia* cisztákat találtunk parazitológiai módszerrel vándorpatkányokban, csincsillákban és degukban. A PCR vizsgálatok eredményei alapján a *Giardia duodenalis* B és G genotípusát sikerült azonosítani két patkányban, míg az E genotípust egy hódban. Továbbá, szintén B genotípust detektáltunk egy csincsillában. Eredményeink megerősítik a rágcsálók járványtani szerepét giardiosis esetén. Emellett, kiemelendő, hogy az általunk vizsgált rágcsálók zöme tünetmentes hordozó volt, ami nagyobb tudatosságra ösztönöz a kedvtelésből tartott rágcsálók esetében, hiszen üríthetik a zoonótikus genotípusú *Giardia duodenalis* cisztáit.

További vizsgálataink során *Trichomonas gallinae*-t azonosítottunk galambfélékből 73%-os prevalenciával. A szűrővizsgálat alapján versenygalambokban szignifikánsan magasabb volt a *T. gallinae* előfordulása, mint városi galambokban. Összesen hat *Trichomonas* altípust mutattunk ki, közülük a *Trichomonas* sp. Hu-TG37 a házi ragadozókat fertőzni képes *Trichomonas* spp. (*T. canistomae* és *T. tenax*) filogenetikai csoportjába tartozott

mérsékelt támogatottsággal, ami arra utal, hogy akár egy új faj lehet. Ezen eredmény további járványtani vizsgálatokat tesz szükségessé kutyák és galambok közötti lehetséges kontaktról és annak szerepéről ezen protozoonok átvitelében. Mindemellett, ezek az első adatok a *T. gallinae* genetikai sokféleségéről Magyarországon, Romániában és az egész délkelet-európai régióban.

A kisállatok *Trichomonas*-fajaira irányuló vizsgálatok eredményeként a házimacskák 13,8%-a volt pozitív *Trichomonas foetus*-ra, míg 2,1%-a *Pentatrichomonas hominis*-ra. Ezenfelül, egy macska mintája olyan *Trichomonas*-faj DNS-ét tartalmazta, amely genetikailag legszorosabb rokonságban az egérből izolált *Trichomonas casperi*-vel állt. Az utóbbi fajból származó DNS kimutatása egy ragadozó-zsákmány kapcsolat lehetséges szerepére utalhat a macskafélék *Trichomonas*-fajainak evolúciójában, mint ami madarak trichomonosisánál már ismert. Mindemellett, a kutyák 16%-a bizonyult még *T. foetus* pozitívnak, és a legjobb tudásunk szerint ez az első jelentés a *T. foetus*-ról kutyákban a Földközi-tenger medencéjétől északra eső európai országokban.

Egy leopárd gekkó bélsármintájában egy ez idáig nem ismert *Monocercomonas*-fajt találtunk, mely a *Monocercomonas colubrorum*-mal volt a legközelebb rokonságban. Ezenkívül, hat hüllőfaj bélsármintája mutatott pozitivitást az *Acanthamoeba* nemzetséget célzó PCR vizsgálattal. Közülük két mintában – egyik sárga anakondából, másik együtt tartott viperagyík /mexikói viperagyíkból származott – *Acanthamoeba hachetti*-t azonosítottak, amely a T11 genotípusú törzsekkel csoportosult. Egy sztyeppi varánuszról *Acanthamoeba castellanii*-t, míg egy galléros gyíkból *Acanthamoeba lugdunensis*-t tudtunk kimutatni. Továbbá, egy zöld leguán mintája azonosnak bizonyult az *Acanthamoeba* T13 genotípusával. Ezen opportunisták kórokozókra vonatkozó eredményeink rávilágítanak a kedvtelésből tartott hüllők ürülékében lévő protozoonok monitorozásának fontosságára, hiszen fertőzés forrását jelenthetik más állatok és a velük kontaktusba kerülő emberek számára.

Szemész állatorvos kollégák segítségével, szemtüneteket mutató kutyák és macskák szemében acanthamoebákat keresve, nem tudtuk igazolni azok jelenlétét. Annak ellenére, hogy egyes *Acanthamoeba*-fajok az emberek szaruhártyagyulladásának egyik jól

ismert kórokozói, kisállatok esetében elhanyagolhatónak látszik hazánkban annak kockázata, hogy *Acanthamoeba* okozta szembetegséggel forduljanak az állatorvosokhoz.

Ezenfelül, BARF étrenden tartott kutyákat és macskákat is megvizsgáltunk különböző protozoonok jelenlétére. Habár a molekuláris vizsgálatok negatívnak bizonyultak *Neospora*-, *Toxoplasma*- és *Sarcocystis*-fajok jelenlétére, két kutya bélsármintájában *Cystoisospora canis*-t, *Cystoisospora ohioensis* komplexhez tartozó fajt, valamint *Eimeria stiedai*-t detektáltunk. Továbbá, az egyik mintában *Sarcocystis* sporocystát is láttunk. Míg ez utóbbi minden bizonnyal a nyers hús fogyasztásával függ össze, addig a *Cystoisospora*-fajok jelenléte nem feltétlenül a BARF étrend következménye, hiszen már szélesebb körben előfordultak a nyers húsos takarmányozás elterjedését megelőző években. Az *E. stiedai* viszont úgynevezett pszeudoparazitaként volt jelen az adott bélsármintában. Annak érdekében, hogy elkerüljük azon fertőzőképes egysejtű paraziták terjedését, amelyek veszélyeztethetik a BARF étrenden tartott háziállatok vagy azok környezetében élők egészségi állapotát, a húsok/zsigerek 2-3 napos fagyasztása erősen ajánlott.

Egy kutya bélsármintájában a *Sarcocystis morae* DNS-ét mutattuk ki, emellett ovális alakú és $14,95 \times 9,75$ μm méretű sporocisztáit is megfigyelhettük. A *Sarcocystis morae*-t a közelmúltban írták le új fajként, jellemzően gímszarvas és dámszarvas köztigazdával. Habár a filogenetikai tulajdonságai alapján feltételezték, hogy kutyafélék a végleges gazdái, ez az első molekuláris bizonyíték a kutyák végleges gazdaszerepére a *S. morae* életciklusában. A *Sarcocystis*-fertőzött kutya feltehetően szarvasfélék húsát fogyasztotta nyers hús alapú étrend részeként.

A piroplazmákat és *Hepatozoon*-fajokat célzó vizsgálatban 127 házimacska közül 1-nél mutattuk ki a *Hepatozoon felis* jelenlétét, míg a *Cytauxzoon europaeus*-t nem detektáltuk. A pozitív macskát olyan régióban tartották, ahol a *H. felis* endemikus vadmacskákban. Ráadásul az itt talált II. genotípusú *H. felis* az első, amelyet házimacskában azonosítottak Európában. A fertőzés nagy valószínűséggel fertőzött kullancsok elfogyasztásával történt a vadmacskákkal közös élettérben. Összességében elmondható, hogy a macskafélék hepatozoonozisa és cytauxzoonozisa Közép-Európa déli részén egy növekvő jelentőségű

parazitózisnak számít. A *H. felis* és a *C. europaeus* eddig csak vadmacskákban fordult elő ezen az endemikus területen, azonban a jelenlegi eredmények szerint a *H. felis* házimacskában is megjelent.

Kutyák piroplazmáinak vizsgálata során 79 kutya 40,5%-a *B. gibsoni*-ra, míg 10,1%-a *B. vulpes*-re lett pozitív PCR vizsgálattal. Emellett, a *Babesia*-fertőzött kutyák 62,45%-a hemotróp mycoplasmákat is hordozott. Az itt izolált *B. gibsoni* *cox1* génszekvenciája a legközelebbi azonosságot egy Japánból jelentett *B. gibsoni*-val mutatta, azonban volt egy nem szinonim mutációja (M33I). Ezenfelül, a 11 *B. gibsoni*-pozitív minta, amelyek *cytb* génjének szekvenciaváltozatait elemeztük, egy közös mutáció (P310S) jelenlétét mutatta. Ami a legfontosabb, hogy a *B. gibsoni*-nak két további nem szinonim mutációja is azonosítható volt, az M121I és az F258L, egy súlyos recidiváló vérszegénységben szenvedő kutyában atovakon kezelést követően. Filogenetikai szempontból mindkét *cytb* szekvencia variáns együtt csoportosult, és a két Magyarországon azonosított haplotípus a legszorosabb rokonságot a Kínából és Japánból származó haplotípusokkal mutatta. Legjobb tudomásunk szerint ez a *B. gibsoni* első *cox1* és

cytb jellemzése Európában, valamint az első jelentés ezen piroplazmák és hemoplazmák „harci kutyák” körében történő megjelenéséről Magyarországon és térségében.

Végül, de nem utolsó sorban, az általunk kiválasztott protozoonok genetikai változatosságának összehasonlítása során négy apicomplexa parazita (*B. gibsoni*, *C. europaeus*, *S. morae* és *H. felis*) közül az utóbbi rendelkezett a legnagyobb genetikai diverzitással. Míg a nem apicomplexa egysejtűek (*T. gallinae*, *P. hominis*, *T. foetus* és *A. castellanii*) közül szintén az utóbbi bizonyult a legnagyobb genetikai diverzitásúnak. Az átviteli mód jelentős hatással lehet az egysejtű paraziták genetikai sokféleségére, aminek hátterében fejlődésmeneti stratégiájuk, és abból következően az ivaros szaporodás gyakoriságának vagy esélyének a megléte a kétéosztódással szemben. Különösen a gazdaszervezetek közötti közvetlen átvitel hiánya a közös vonás a *H. felis* és az *A. castellanii* terjedésében, ami – az ivaros szaporodás relatíve nagyobb részesedésével – hozzájárul genetikai sokféleségükhöz.

5. Új tudományos eredmények

Ad 1. Az első jelentés a kedvtelésből tartott deguk *Giardia*-hordozó státuszáról, és a *G. duodenalis* E genotípusának előfordulásáról hódokban

Ad 2. Első jelentés a *T. gallinae* genetikai sokféleségéről a dél-közép- és délkelet-európai régióban

Ad 3. Első bizonyíték régiókban a *T. foetus* jelenlétére kutyákban, és egy eddig ismeretlen vastagbél *Tritrichomonas*-faj kimutatására macskákban

Ad 4. A *Monocercomonas* és *Acanthamoeba* nemzetség eddig nem jelentett fajainak detektálása, melyek potenciálisan klinikopatológiai jelentőséggel bírhatnak hullókben, beleértve a zoonótikus fajokat is

Ad 5. Kutya-, illetve macska páciensek szembetegségei mögött *Acanthamoeba* jelenléte nem áll fenn

Ad 6. A BARF étrend hozzájárulhat a környezet *E. stiedai* oocisztákkal való szennyezéséhez

Ad 7. Az első molekuláris bizonyíték a kutyák végső gazdaszerepének alátámasztására a *S. morae* életciklusában

Ad 8. Az első európai jelentés a II. genotípusba tartozó *H. felis* jelenlétéről kijáró házimacskákban

Ad 9. A *B. gibsoni* első *cox1* és *cytb* jellemzése Európában, valamint az első jelentése ezen fajnak és a hemoplazmáknak a megjelenéséről a Földközi-tenger medencéjétől északra élő „harci kutyákban”

Ad 10. A gazdaszervezetek közötti közvetlen átvitel hiánya növelheti egyes egysejtű paraziták, úgymint a *Hepatozoon*- és az *Acanthamoeba*-fajok genetikai sokféleségét

6. Az értekezés témájában született közlemények

1. Hornok S, Keve G, **Tuska-Szalay B** (2025) **Transmission route-dependent genetic diversity of selected protozoan parasites as reflected by the phylogenetic analysis of the 18S rRNA gene.** Acta Vet Hung. <https://doi.org/10.1556/004.2025.01128>
2. **Tuska-Szalay B**, Sipos D, Czabán D, Kalmár Z, Keve G, Szekeres S, Kelemen BS, Sándor AD, Hornok S (2025) **Pet and wild rodents as hosts of *Giardia duodenalis* in Central Europe, Hungary.** Acta Vet Hung. <https://doi.org/10.1556/004.2024.01115>.
3. **Tuska-Szalay B**, Jerzsele Á, Hornok S (2024) **Egysejtű élősködők ellenalkalmazható gyógyszerek az állatorvoslásban.** MAGYAR ÁLLATORVOSOK LAPJA, 146 (8). pp. 487-500. ISSN 0025-004X.

<https://doi.org/10.56385/magyallorv.2024.08.487-500>

4. **Tuska-Szalay B**, Gilbert J, Takács N. Boldogh SA, Fáy J, Sterczér Á, Psáder Á, Kontschán J, Izsó Á, Hornok S (2024) **Molecular-phylogenetic investigation of trichomonads in dogs and cats reveals a novel *Tritrichomonas* species.** Parasites Vectors 17, 271.
<https://doi.org/10.1186/s13071-024-06343-0>
5. **Tuska-Szalay B**, Papdeák V, Vizi Z, Takács N, Hornok S (2024) **Parasitological and molecular investigation of consequences of raw meat feeding (BARF) in dogs and cats: implications for other pets living nearby.** Parasitol Res. 123(2):114. [https://doi: 10.1007/s00436-024-08124-1](https://doi.org/10.1007/s00436-024-08124-1).
6. **Tuska-Szalay B**, Boldogh SA, Farkas R, Rompos L, Takács N, Beresnyák V, Izsó Á, Kontschán J,

- Lanszki J, Hornok S (2023) **Screening of domestic cats from north-eastern Hungary for *Hepatozoon felis* and *Cytauxzoon europaeus* that cause infections in local wildcat populations.** Pathogens. 12(5):656. <https://doi:10.3390/pathogens12050656>.
7. **Tuska-Szalay B**, Sipos G, Takács N, Kontschán J, Sándor AD, Péter Á, Berta K, Kerek Á, Jerzsele Á, Votýpka J, Hornok S (2022) **Molecular epidemiological study of *Trichomonas gallinae* focusing on central and southeastern Europe.** Front Vet Sci. 9:1050561. <https://doi:10.3389/fvets.2022.1050561>.
8. **Tuska-Szalay B**, Kelly H, Takács N, Kontschán J, Votýpka J, Hornok S (2022) **Molecular evidence of *Monocercomonas* and *Acanthamoeba* in the feces of captive reptiles.** Parasitol Res. 121(12):3681-3687. <https://doi:10.1007/s00436-022-07677-3>.

9. **Tuska-Szalay B**, Vizi Z, Hofmann-Lehmann R, Vajdovich P, Takács N, Meli ML, Farkas R, Stummer-Knyihár V, Jerzsele Á, Kontschán J, Szekeres S, Hornok S (2021) ***Babesia gibsoni* emerging with high prevalence and co-infections in "fighting dogs" in Hungary.** Curr Res Parasitol Vector Borne Dis. 1:100048. [https://doi: 10.1016/j.crpvbd.2021.100048](https://doi.org/10.1016/j.crpvbd.2021.100048).

10. **Tuska-Szalay B**, Takács N, Kontschán J, Vizi Z, Hornok S (2021) **Dogs are final hosts of *Sarcocystis morae* (Apicomplexa: Sarcocystidae): First report of this species in Hungary and its region - Short communication.** Acta Vet Hung. 69(2):157-160. [https://doi: 10.1556/004.2021.00017](https://doi.org/10.1556/004.2021.00017).

7. Az értekezéshez nem kapcsolódó publikációk

1. Hornok S, Boldogh SA, Takács N, Sándor AD, **Tuska-Szalay B** (2022) **Zoonotic ecotype-I of *Anaplasma phagocytophilum* in sympatric wildcat, pine marten and red squirrel - Short communication.** Acta Vet Hung. [https://doi: 10.1556/004.2022.00021](https://doi.org/10.1556/004.2022.00021).
2. Hornok S, Boldogh SA, Takács N, Kontschán 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.** Parasit Vectors. 15(1):174. [https://doi: 10.1186/s13071-022-05271-1](https://doi.org/10.1186/s13071-022-05271-1).
3. Hornok S, Daccord J, Takács N, Kontschán J, **Tuska-Szalay B**, Sándor AD, Szekeres S, Meli

ML, Hofmann-Lehmann R (2022) **Investigation on haplotypes of ixodid ticks and retrospective finding of *Borrelia miyamotoi* in bank vole (*Myodes glareolus*) in Switzerland.** Ticks Tick Borne Dis. ;13(1):101865. doi: 10.1016/j.ttbdis.2021.101865.

4. Kerek Á, Csanády P, **Tuska-Szalay B**, Kovács L, Jerzsele Á (2023) **In Vitro Efficacy of Hungarian Propolis against Bacteria, Yeast, and *Trichomonas gallinae* Isolated from Pigeons—A Possible Antibiotic Alternative?** Resources. 12(9):101.
<https://doi.org/10.3390/resources12090101>