

Egyetemi doktori (PhD) értekezés tézisei

**Baromfi reovírusok genetikai diverzitása Kelet-
Közép Európában**

Dr. Gál Bence

Témavezető: Dr. Farkas Szilvia, Bányai Krisztián



ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM
Állatorvostudományi Doktori Iskola

Budapest, 2025.

Témavezető:

.....

Dr. Farkas Szilvia

Állatorvostudományi Egyetem

Szülészeti Tanszék és Haszonállat-Gyógyászati Klinika

.....

Krisztián Bányai

Pécsi Tudományegyetem

.....

Dr. Gál Bence

Tartalomjegyzék

1. Előzmények.....	3
2. Célkitűzések.....	7
3. Anyagok és módszerek	8
4. Eredmények és megbeszélés	12
5. Hipotézisvizsgálat.....	21
6. Új tudományos eredmények.....	22
7. Az értekezés témájában született közlemények ...	24

1. Előzmények

Az Amerikai Egyesült Államokban kutatók egy csoportja arra lett figyelmes, hogy a 2010-es évektől kezdődően ugrásszerűen megnőtt a reovírus okozta tenosynovitis esetek száma a baromfiállományokban. Laboratóriumi vizsgálataik során arra jutottak, hogy a betegséget okozó reovírusok addig nem ismert, új genetikai klaszterekbe tartoznak. Feltételezésük szerint ezen új variánsok áttörhették a hagyományos kereskedelmi vakcinák által nyújtott védeltséget. Ezzel felélénkült a tudományos érdeklődés a baromfi reovírusok irányába, melyet a témában megjelenő közlemények memelkedő száma is alátámaszt. Számos kutatócsoport dolgozik azon, hogy jobban megértsük a reovírusok genetikai diverzitása és a betegség megjelenése közötti összefüggéseket.

A baromfi reovírusok jelentősége több szempontból is kiemelkedő, különösen a gazdasági, állategészségügyi és vakcinológiai vonatkozások miatt. A magyar baromfiágazat jelentős GDP-hozzájáruló, évente 500–550 milliárd forint értéket termel. A reovírusok által okozott betegségek (pl. tenosynovitis, enteritis) csökkentik a termelési hatékonyságot, növelik az elhullást és a

selejtezést, így komoly anyagi veszteséget okoznak. A fertőzések gyakran fiatal brojlercsirkéket érintenek, de más baromfifajokat is megbetegíthetnek. A fertőzés tünetei: ízületi gyulladás, hasmenés, növekedési zavar, elhullás. A vírus ellenálló a környezeti hatásokkal szemben, hosszú ideig fertőzőképes marad. Terjedése gyors, akár kontinenseken át is eljuthat élő állatokkal vagy keltetőtojással.

A vírus gyorsan változik, új variánsai áttörhetik a meglévő vakcinák nyújtotta védelmet. A σC fehérje genetikai változékonysága kulcsfontosságú a vakcinák hatékonyságában, mert ez a fehérje felelős a sejthez kapcsolódásért és az immunitás kialakításáért. A diagnosztika és a vakcinafejlesztés szempontjából fontos a genetikai klaszterek és epitópok pontos azonosítása.

Telepspecifikus autovakcinák alkalmazása egyre gyakoribb, de ezek fejlesztése idő- és erőforrás-igényes.

A vírus genetikai változatossága miatt folyamatos kutatás szükséges.

A baromfi reovírusok különféle evolúciós mechanizmussal bírnak, melyek közé tartozik:

- a pontmutációk kialakulása, amelyet elsősorban az RNS-függő RNS-polimeráz enzim idéz elő;

- a genomszegmenseken belüli inzerciók, deléciók és duplikációk, amelyek szintén hozzájárulhatnak új vírusváltozatok megjelenéséhez;

- valamint a reassortáció, amely akkor következhet be, ha egy gazdasejtet egyszerre több vírus fertőz meg, és ezek homológ szegmensei kicserélődnek.

A vírusok fajhoz sorolásában egyre nagyobb szerepet kapnak a molekuláris módszerek és a genetikai jellemzők, háttérbe szorítva a klasszikus virológiai technikákat. A jelenlegi rendszertani irányelvek szerint két vírustörzs akkor tartozik ugyanabba a fajba, ha:

- nukleotidszintű szekvenciaazonosságuk meghaladja a 75%-ot,
- a core fehérjék aminosav-szekvenciája legalább 85%-ban egyezik,
- a külső kapszidfehérjék esetében pedig legalább 55%-os az egyezés.

Ezzel szemben külön fajba soroljuk azokat a törzseket, amelyek között:

- a nukleotidszintű azonosság kevesebb mint 60%,
- a core fehérjék aminosav-szekvenciája kevesebb mint 65%,
- a külső kapszidfehérjéké pedig kevesebb mint 35%.

Az újgenerációs szekvenálási technológiák elterjedése lehetővé teszi a vírusgenomok teljes szekvenciájának meghatározását. Ezáltal részletes képet kaphatunk a vírusok genetikai sokféleségéről és evolúciós kapcsolataikról. E módszerek széles körű alkalmazása hozzájárulhat a pontosabb diagnosztikai eljárások és hatékonyabb vakcinák kifejlesztéséhez is.

Vizsgálataink fő célja az volt, hogy csirke és pulyka állományokból izolált reovírusok σC szekvenciáját vagy teljes genomszekvenciáját részletesen elemezzük, valamint összefüggést találjunk a genetikai diverzitás és a betegség klinikai megjelenése között.

2. Célkitűzések

Kutatásom során célul tűztem ki, hogy átfogó képet kapjak a baromfi reovírusainak Kelet-Közép Európai előfordulásáról és genetikai jellemzőiről. Az alábbi hipotézisek vizsgálata köré építettem fel kutatómunkámat:

1. Kelet-Közép Európai baromfi állományok esetében a reovírusok nagyobb arányban izolálhatóak reovírusra jellemző tüneteket állatokból, mint tünetmentes állatokból.
2. Kelet-Közép Európában előforduló csirke reovírusok σC génje alapján az I. -től V.-ig genetikai klaszterekbe sorolhatóak.
3. Kelet-Közép Európában csirkéből és pulykából izolált reovírus törzsek σC proteint kódoló S1 génszakaszának nukleotid összetétele azonos.
4. Kelet-Közép Európában csirkéből és pulykából izolált reovírus törzsek σC proteint kódoló S1 génszakaszának nukleotid összetétele meghatározza a reovírus okozta betegség klinikai megjelenését.

3. Anyagok és módszerek

Mintagyűjtés és mintafeldolgozás

A mintagyűjtés egy éven át zajlott, egyrészt baromfitelegeken végzett kórboncolások során, másrészt állatorvos kollégák mintagyűjtésével és beküldésével. Így Magyarország mellett Romániából, Oroszországból és Ukrajnából is származtak minták. A vizsgálatba különböző szövetminták (pl. vékonybél, vakbél nyirokcsomó, ín, ínhüvely, szinóvia) kerültek be, kisebb számban egyéb szervekből (pl. máj, vese, légcső) is. Diagnosztikai cél nem szerepelt a vizsgálatban, így átfogó laborvizsgálatok nem történtek. A gyűjtés során részletes háttérinformációk is rögzítésre kerültek (pl. állatfaj, életkor, kórelőzmény, vakcinázás, származási hely). A minták hűtve érkeztek a laborba, ahol azonosítás után feldolgozásra kerültek.

Vírusizolálás

A minták steril foszfát pufferrel (PBS) és steril fémgolyóval egyedileg homogenizálásra kerültek. Ezt követően $3000 \times g$ -n 2 percre, $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on centrifugálás, majd a felülúszó $0,45\text{ }\mu\text{m}$ pórusméretű poliéter-szulfon (PES)

szűrőn történő átszűrése történt. Az így nyert szűrlet inokulumként került felhasználásra.

A vírusizolálás házityúk eredetű hepatocelluláris karcinóma sejtvonalon (LMH, ATCC CRL-2117) került elvégzésre. A sejtek tenyésztése 10% borjúsavót és penicillin/sztreptomycin antibiotikumot tartalmazó DMEM tápfolyadékban, valamint 37 °C-on, 5% CO₂-tartalmú termosztátban történt.

Az inokulum négylépcsős, tízes alapú hígítási sorával került elvégzésre a sejtek fertőzése. A sejtkárosító hatás (CPE) naponta mikroszkóposan került ellenőrizésre. Az ARV-re jellemző óriássejt-képződés általában az 5–6. napon jelent meg. Negatív eredmény esetén a megfigyelés legfeljebb a 7. napig folytatódott.

CPE megjelenése esetén a mintákat pozitívként (CPE⁺) került jelölésre. Ha 7 nap után sem jelentkezett CPE, vakpasszázsok történtek. Három negatív vakpasszázs után a mintát ARV-negatívnak minősültek és megsemmisítésre kerültek.

A minták feldolgozásához használt molekuláris biológiai módszerek

A rendelkezésre álló mintákból nukleinsav kivonást végeztünk TRI reagens segítségével. A kinyert virális RNS-ről reverz transzkripció (RT) reakcióban, komplementer DNS (cDNS) másolatot készítettünk. A cDNS-t ezután polimeráz láncreakció (PCR) segítségével sokszoroztuk fel csirke reovírus σ C gén-specifikus PCR tesztet segítségével. Az amplifikáció az alábbi primer párok használatával történt: S1_all_F3 (Fw) 5'-GATACTSTCNTTGACTTCGA-3' és S1_all_R2 (Rev) 5'-TCGATGCCSGTACGCACGGT-3 az S1133 vakcinavírus S1 szegmensének ~900 nukleotid (nt) hosszúságú (nt 674 és 1603 közötti pozíció) genom régiójához illeszkedően.

A PCR termékeket agaróz gélelektroforézissel ellenőriztük, a 200-2000 bázispár (bp) közötti sávban lévő termékeket gélkivonásos módszerrel tisztítottuk. Az így amplifikált és tisztított cDNS-ből könyvtárkészítés után Sanger szekvenálást valamint teljes genom szekvenálást végeztünk Illumina újgenerációs szekvenáló platformokon.

Adatelemzés

A Sanger szekvenálásból származó elektroferogramok beolvasására és szerkesztésére a BioEdit, illetve a Geneious Prime szoftvereket használtuk. A kapott szekvenciák összeillesztése az újgenerációs szekvenálás eredményével a Geneious Prime mellett az AliView szoftver segítségével történt. A homológ gének keresését a génbank adatbázisában BLASTN vagy BLASTX algoritmussal végeztük.

A kodon alapú többszörös szekvencia illesztéseket Geneious Prime online illesztőprogrammal végeztük el. A filogenetikai elemzéseket, illetve a szekvencia azonossági számításokat a MEGAX szoftvercsomag segítségével készítettük el. A filogenetikai fák rekonstrukciójához alkalmazott, legjobban illeszkedő szubsztitúciós modell kiválasztása a Bayesi kritériumrendszer alapján történt. A törzsfák készítése maximum-likelihood módszerrel történt, az elkészült fák megbízhatóságát bootstrap elemzéssel (100) ellenőriztük. A szekvenciák közti átlagos nukleinsav és aminosav távolságokat SDTv1.2 szoftver segítségével állapítottuk meg.

4. Eredmények és megbeszélés

Pulyka reovírusok (TARV)

A pulyka reovírusokat (TARV) az 1980-as évek óta ismerjük, és bár általában enyhe megbetegedést okoznak, másodlagos fertőzésekkel súlyosbodhatnak. A 2010-es években az USA-ban új, szokatlan genotípusú törzsek jelentek meg, amelyek magasabb megbetegedési és elhullási arányt okoztak. A magyarországi 2016-os vizsgálat célja a hazai TARV törzsek genetikai jellemzése és összehasonlítása volt más országokból származó törzsekkel.

Három esetben gyűjtöttünk pulykákból vizsgálati mintákat Magyarországon 2016-ban Békés, Vas és Veszprém vármegyéből. A mintagyűjtemény összesen 32 db mintát tartalmazott. A Veszprém vármegyei pulyka telepen gyűjtöttünk ín mintákat (n=10) 14 napos növendék bak állományból. Az állomány 10%-ában észleltünk sántaságot és szétnövést, míg az elhullás normális szinten maradt. Boncolás során a csánk savós-fibrines-vérzéses gyulladása volt látható, egyéb elváltozást nem jegyeztünk fel. Az ín minták közül 6 esetben (60 %) sikerült reovírust izolálnunk. Békés vármegyei nyolchetes hízópulyka állományban

tapasztaltak sántaságot és szórtságot. A tünetek az állomány 20%-át érintették, mindkét ivarban egyenlő mértékben. A csánkizület gyulladása mellett egyéb elváltozást nem sikerült feltárni. Az elhullott állatokból ín (n=10) és bél (n=5) mintákat gyűjtöttünk, melyek közül egy darab ín és egy darab bél minta bizonyult pozitívnak. A Vas vármegyei minták nem kerültek elemzésre, mert felmerült a vágóhídi kontamináció lehetősége.

A genetikai elemzés eredményeként hét izolátum a 2-es klaszterhez sorolható be (hat minta a veszprémi második esetből származik, egy pedig Békésből), miközben egy izolátum Békésből a 3-as klaszterbe tartozik. Érdekes eredmény, hogy az általunk vizsgált törzsek közül az összes ínból származó vírustörzs (n=7) a 2-es klaszterbe került, míg az egyetlen bélből származó izolátum (n=1) a 3-as klaszterhez tartozott. Továbbá a 2-es klaszterbe tartozó vírustörzsek nukleotid alapú összehasonlításban 100%-os azonosságot mutatnak egymással, >99% azonosságot mutatnak egy 2009-ben Magyarországon izolált TARV-val (2-es klaszter), 95,8 – 97,2% azonosságot mutatnak az Amerikai Egyesült Államokban izolált TARV-val (2-es klaszter), valamint 84% azonosságot mutatnak magyar fogoly eredetű

reovírusokkal és 93,5%-ban azonosak magyar fácán eredetű reovírusokkal (2-es klaszter).

A kutatás során alacsony genetikai variabilitást figyeltek meg, különösen a σC fehérjét kódoló gén esetében, amely az antigénkötésért és sejthez kapcsolódásért felelős. Ez a stabilitás valószínűleg a vakcinázás hiányával és a szűk földrajzi elterjedéssel magyarázható. A vizsgált törzsek közül néhány új genetikai klaszterbe sorolható, ami arra utal, hogy a TARV genetikai diverzitása nagyobb lehet, mint korábban gondolták.

A filogenetikai elemzések reasszortációs eseményeket is kimutattak, különösen a μB gén esetében, amely csirke és pulyka eredetű gének keveredését mutatta. Ez felveti a fajok közötti géncsere lehetőségét, bár Magyarországon erre kevés bizonyíték van.

A magyar TARV törzsek genetikai hasonlósága közös eredetre utal, de a pontos leszármazási kapcsolatok feltárásához további, nemzetközi minták bevonásával végzett vizsgálatok szükségesek. A kutatás hangsúlyozza a TARV evolúciójának és terjedésének jobb megértését célzó nemzetközi együttműködés fontosságát.

Csirke reovírusok (ARV)

Mintagyűjtésünk egy éven át zajlott 2016-ban, telepellátó állatorvosok, illetve szaktanácsadó állatorvosok segítségével. Összesen 391 db mintát sikerült gyűjtenünk 38 állattartó telepről Magyarországon (n=346, 31 telep), Romániában (n=36, négy telep), Ukrajnában (n=6, kettő telep) és Oroszországban (n=3, egy telep). Hazánkban Bács-Kiskun (n=20), Baranya (n=53), Békés (n=6), Borsod-Abaúj-Zemplén (n=40), Csongrád (n=9), Győr-Moson-Sopron (n=30), Hajdú-Bihar (n=44), Szabolcs-Szatmár-Bereg (n=94), és Veszprém (n=50) vármegyéből származó minták bevonásával megállapíthatjuk, hogy mintagyűjtésünk szinte a teljes országot reprezentálja. Mintáink brojlercsirke állományokból (n=248), hústípusú tenyésztjük (=brojler szülőpár) állományokból (n=137) és árutojást termelő tyúkállományokból (n=6) származnak. A klinikai háttérrel tekintve az együttműködő állatorvosok beszámolóira hagyatkoztunk és ezek alapján a következő kategóriákba osztottuk mintáinkat: sántaság, runting-stunting szindróma, szórtság (=eltérő fejlettségű egyedek alkotta állomány), hasmenés, hashártyagyulladás, elhullás (=elhullott állatok számának emelkedése), valamint egészséges (=ARV-specifikus tüneteket nem

mutató állomány). A gyűjtött minták nagyjából fele egészséges állatokból származik ($n=197$), míg a minták másik felét változatos tüneteket mutató állományokból nyertük ($n=194$). A legjellemzőbb állományszintű tünetek változatos megjelenésűek és eloszlásúak voltak; sántaság ($n=52$), runting-stunting szindróma ($n=74$), szórság ($n=43$), hasmenés ($n=5$), hashártyagyulladás ($n=6$), emelkedett elhullás ($n=4$). Tíz minta esetében nem tudtuk felmérni az állomány klinikai státuszát.

Magas arányban mutattunk ki ARV-t runting-stunting tünetegyüttesben szenvedő ($28/74 = 38\%$), szórt fejlettségű ($15/43 = 35\%$) és emelkedett elhullással küzdő állományokból ($1/4 = 25\%$). Kisebb arányban találtunk ARV-t sántaságot mutató ($3/49 = 6\%$) állományokban. Az egészséges állományok mintáinak 18%-ában találtunk fertőzőképes reovírust ($35/197$). A két jellemző kórformának (runting-stunting szindróma és tenosynovitis) megfelelően zömében bélből ($n=318$) és ínből ($n=57$) származó mintákat gyűjtöttünk. Egyes esetekben más szervekből (mirigyes gyomor ($n=6$), sziktómló ($n=5$), légcső ($n=2$), vese ($n=2$) és máj ($n=1$)) származó mintákat is megvizsgáltunk.

Az óriássejt képződés, mint az ARV fertőzésre jellemző tünet, 106 mintában volt észlelhető. Nagyobb

részben azonban negatív eredményt kaptunk (n=285). Minden országból sikerült legalább egy reovírust izolálnunk. Magyarországon 346-ból 87 pozitív, Romániában 36 mintából 17 pozitív, Ukrajnában 6 mintából egy pozitív, végül Oroszországból származó három mintánkból egy bizonyult pozitívnak.

CPE-pozitív mintáink bél (n=103) illetve mirigyes gyomor (n=3) mintáink közül kerültek ki. Nem tapasztaltunk CPE-t amikor ín, légcső, sziktömlő, vese vagy máj minták inokulumaival fertőztük az egyrétegű LMH sejteket. A reovírus σ C kódoló génjére specifikus RT-PCR vizsgálatokat végeztünk a CPE-pozitív esetek egy részéből, hogy megerősítsük a kapott eredményünket. A CPE-pozitív minták 77,4 %-ából nem végeztünk ellenőrző RT-PCR vizsgálatot, különösen, ha azt az adott állományból már korábban elvégeztük.

A megerősített ARV esetek száma magas a tipikus reovírusos tüneteket mutató állományokból származó mintákban; (47/184 minta, 26%). Azonban a pozitív minták száma meglepően magasnak bizonyult az ARV-re jellemző tünetektől mentes állományokban is (35/197 minta, 18%). Mind az ARV tüneteket mutató, mind az ARV specifikus tünetektől mentes állományokból származó vírustörzsek hasonló módon oszlanak meg a II., III., IV.

és V.-ös genetikai klaszterben. A fentebb említett két csoport között szignifikáns különbség van (chi-négyzet próba, 16,9, $p=0,00004$).

A mintázott baromfiállományok életkora tág értékek között mozgott. A napos állattól az 51 hetes korú madarakig bezárólag szinte minden életkort lefednek mintáink. Az állományok jelentős része (277/391, 71%) hat hetes vagy fiatalabb volt a mintavételkor. Ebben a korosztályban 68 esetben tudtunk izolálni ARV-t, ami a minták 83%-ának felel meg. Tíz napnál fiatalabb állatból viszont nem sikerült reovírust izolálni.

A σC kódoló gén 768 nukleotid hosszúságú szakaszának vizsgálatát végeztük el a 72 db CPE-pozitív vírustörzs szekvenálási eredménye alapján. Miután a közelebbi rokonságot mutató izolátumokat azonosítottuk a Génbankban BLAST rendszer segítségével, páros azonossági és filogenetikai elemzéseket végeztünk a genetikai kapcsolatok feltárásához. A σC kódoló gén szekvenciájának azonossági és filogenetikai elemzések eredményei szerint a 72 db izolátum öt genetikai klaszterbe sorolható (I.-es klasztertől az V.-ös klaszterig). Az S1133, 1733 és 2408 vakcinatörzsek az I.-es klaszterbe tartoznak, melyekkel az általunk vizsgált

izolátumok mérsékelt szekvencia azonosságot mutattak (nt: 49,7-74,5%; aa: 44,3-74,6%).

A vizsgálat során külföldi minták begyűjtésében szakemberek segítettek, a diagnosztika vírusizolálásra és RT-PCR-re épült. A módszer korlátai miatt előfordulhatott, hogy nem minden ARV-pozitív mintából sikerült vírust izolálni. Érdekes megfigyelés volt, hogy egészséges állományokból származó reovírusok genetikailag hasonlítottak beteg állományok törzseihez, ami potenciális kockázatot jelez.

A minták főként az emésztőrendszerből származtak, és bár sántaságot mutató állatokból a bélből sikerült ARV-t kimutatni, ínból nem, ami más kutatásokkal ellentétes eredmény. Ez időzítési vagy technikai okokra vezethető vissza.

A magyar ARV izolátumok jelentős genetikai diverzitást mutattak, öt genotípusba sorolhatók, főként a II. és IV. klaszterbe. A genetikai hasonlóság a környező országokkal (Románia, Ukrajna, Oroszország) a kereskedelmi kapcsolatokkal magyarázható. A teljes genom elemzések segíthetnék a reasszortációs események jobb megértését.

A klinikai tünetek és genetikai klaszterek között nem találtak egyértelmű összefüggést, ami arra utal, hogy a

σ C alapú genotipizálás nem elegendő a patogenitás megértéséhez. A jövőben új technológiák, például reverz genetikai rendszerek alkalmazása segítheti a reovírusok jobb megismerését és hatékonyabb vakcinák fejlesztését. A multivalens és régióspecifikus vakcinák lehetnek a leghatékonyabb eszközök a védekezésben.

5. Hipotézisvizsgálat

1. Kelet-Közép Európai baromfi állományok esetében a reovírusok szignifikánsan nagyobb arányban izolálhatóak beteg állatokból, mint egészséges állatokból.
> Nem Igazolt
2. Kelet-Közép Európában előforduló csirke reovírusok σC génje alapján az I-V. genetikai klaszterekbe sorolhatóak.
> Igazolt
3. Kelet-Közép Európai baromfiállományokból izolált reovírustörzsek σC génjének aminosav és nukleotid összetétele jelentősen különbözik egymástól.
> Igazolt csirke esetében és nem igazolt pulyka esetében
4. A Kelet-Közép Európai csirke és pulyka állományokból izolált reovírustörzsek σC génjének aminosav és nukleotid összetétele meghatározza a reovírus okozta betegség klinikai megjelenését.
> Nem igazolt

6. Új tudományos eredmények

Ez az első átfogó kutatás magyarországi és Kelet-Közép-Európai baromfiállományok reovírus fertőzöttségének felmérésében, kiterjesztve a reovírusok klinikumára, genetikai diverzitására, valamint ezek összefüggésének vizsgálatára.

Szinte azonos σ C genetikával rendelkező reovírust mutattunk ki ugyanarról a brojler telepről hat év különbséggel, mely felveti a lehetőségét annak, hogy a reovírus képes egy farmon hosszú időn keresztül életben maradni az immunitásért felelős σ C fehérje lényeges változása nélkül.

Csirkék esetében a III.-as genetikai klaszterbe mindössze mirigyesgyomor-mintából származó izolátum került, annak ellenére, hogy több száz bélmintát vizsgáltunk meg. Hasonló eredményről eddig nem számoltak be. További kutatást igényel annak tisztázása, hogy vajon a III.-as klaszterbe sorolható ARV-k esetében szervotropizmusról van-e szó.

Eredményeink szerint a magyarországi pulyka eredetű reovírusok genetikailag azonosnak mutatkoztak, függetlenül a földrajzi eredetüktől. Rámutattunk továbbá

arra, hogy a Magyarországon cirkuláló pulyka reovírusok közös forrásból származnak.

Először izoláltunk és írtunk le III.-as klaszterbe sorolható pulyka eredetű TARV-ot. Eddig ebbe a klaszterbe csak csirke eredetű reovírusokat soroltak. Valószínűleg ez fajok közötti átugrás eredménye.

A pulyka reovírusok μ B fehérjéje esetében először figyeltük meg a csirke és pulyka eredetű gének transzferét.

A vakcinázatlan brojler állományokból származó vírustörzsek nagyobb változékonyságot mutattak a vakcinázott állományokból származó rokonaikhoz képest. További vizsgálatokat igényel annak megértése, hogy a különböző vakcinázási sémák alkalmazásának milyen hatása van az új vírustörzsek kisselektálódására.

7. Az értekezés témájában született közlemények

Farkas S. L., Marton S., Dandár E., Kugler R., Gál B., Jakab F., Bálint Á., Kecskeméti S., Bányai K. (2016) **Lineage diversification, homo- and heterologous reassortment and recombination shape the evolution of chicken orthoreoviruses.** Sci. Rep. 6, 36960; doi: 10.1038/srep36960.

Gál B., Farkas Sz., Bányai K. (2021). **Csirkék reovírus-fertőzései. Irodalmi összefoglaló.** Magyar Állatorvosok Lapja 143. évf. 2021. február. 95–106.

Gál B., Varga-Kugler R., Ihász K., Kaszab E., Domán M., Farkas S. L., Bányai K. (2023). **Marked Genotype Diversity among Reoviruses Isolated from Chicken in Selected East-Central European Countries.** Animals 2023, 13, 2137. [https://doi.org/10.3390/ ani13132137](https://doi.org/10.3390/ani13132137)

Gál B., Varga-Kugler R., Ihász K., Kaszab E., Farkas S. L., Marton S., Martella V., Bányai K. (2023). **A Snapshot on the Genomic Epidemiology of Turkey Reovirus Infections, Hungary.** Animals 2023, 13, 3504. <https://doi.org/10.3390/ani13223504>