

**ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM**

**INTÉZMÉNYI ÚNKP KONFERENCIA**

**2024. JÚLIUS 3.**

**ABSZTRAKTFÜZET**



NEMZETI KUTATÁSI, FEJLESZTÉSI  
ÉS INNOVÁCIÓS HIVATAL



Új Nemzeti  
Kiválóság Program



KULTURÁLIS ÉS INNOVÁCIÓS  
MINISZTERIUM

## Tartalomjegyzék

<b>„Tehetséggel fel!” Felsőoktatást Megkezdő Kutatói Ösztöndíj kategória</b> .....	3
Gulyás Dorottya .....	4
Jandó Benedek .....	5
Kovács Bereniké .....	6
Tóth Gábor Ábris .....	7
<b>Alapképzés Hallgatói Kutatói Ösztöndíj kategória</b> .....	8
Fülei Zsombor Nimród .....	9
<b>Mesterképzés Hallgatói Kutatói Ösztöndíj kategória</b> .....	10
Balkó Eszter.....	11
Dorkó Annamária.....	12
Huber Fanni Sára .....	13
Maróthy Róbert Dániel .....	14
Szabó Ábel .....	15
Szalai Luca .....	16
<b>Doktori Hallgatói Kutatói Ösztöndíj kategória</b> .....	17
Igriczi Barbara.....	18
Dr. Mózes Borbála .....	19
Takács-Vágó Hunor .....	20
Dr. Tóth Adrienn Gréta .....	21
Zorkóczy Orsolya .....	22
<b>”Tudománnyal fel!” Doktorvárományosi és Posztdoktori Kutatói Ösztöndíj kategória ....</b>	23
Jakab Szilvia .....	24
Tamás Vivien.....	25
<b>Bolyai+ Felsőoktatási Fiatalkutatói, Kutatói Ösztöndíj kategória</b> .....	26
Dr. Nagy-Schuller tot Peursum Annamária .....	27
Dr. Vincze Boglárka .....	28



**Az Új Nemzeti Kiválósági Program  
2023/2024. tanévi pályázati nyertesei**

„Tehetséggel fel!” Felsőoktatást Megkezdő Kutatói Ösztöndíj kategória

## Gulyás Dorottya

Kutatás címe: Melatonin hormon szerepe a lóban

Dr. Gáspárdy András (Állattenyésztési és Genetikai Tanszék)

A melatonin egy olyan hormonfehérje, amely szerepet játszik a cirkadián rendszer szabályozásában, kiemelkedően fontos a szaporodásban, pigmentsejtek működésében, de hatással van a csont- és érrendszerre, illetve az energiaháztartásra, immunműködésre is. Nagyon ősi molekula, hiszen olyan egyszerű szervezetekben is létezik, mint a prokarióták és olyan összetettekben is, mint az emberek. Számos területen alkalmaznak melatonin kiegészítést, mint pl.: szemészet, toxikológia, hematológia, kardiológia, öregedés lassítása, rák megelőzés. A melatonin fontos szerepet játszik a lovak szezonális reprodukciós ciklusában. Egyes tanulmányok szerint a melatonin befolyásolhatja a lovak viselkedését is, például csökkentheti a stresszt és javíthatja a viselkedési problémákat. Melatonin kiegészítők alkalmazása nyugtató hatással lehet a lovakra stresszes helyzetekben, például szállítás során.

Irodalmi munkám fő célja egy egységes, könnyen átlátható összefoglaló készítése, ami a fentebb említett témakörök felé érdeklődőknek a hasznára válhat. Több angol és magyar nyelvű cikk, kutatás tanulmányozásával készült el a feldolgozás. Huszenicza munkájától egészen napjaink fő kutatási eredményeihez eljutva készült el a szakirodalmi összefoglaló. Nem tartom kizártnak, hogy a későbbiekben a pályázatnak köszönhetően akár egy TDK munkával lépjek feljebb vagy diplomamunkám fő témája legyen a melatonin hormon.

## Jandó Benedek

### Recens és historikus folyami halközösségek modellezésének módszertani nehézségei és lehetőségei

Témavezető: Dr. Pásztor-Kovács Szilvia (Zoológiai Tanszék)

A folyami halközösségek szerveződésében szerepet játszó paraméterek jelentőségének meghatározása, valamint ezen közösségek dinamikáját lekövető modellek felépítése a halökológia és az ökohidraulika egyik központi kérdése. Az ilyen modellezések nagyban segíthetnek komplex folyami élőhelyek helyreállítását (pl: ártérrekonstrukciók) megcélzó természetvédelmi beavatkozások megtervezésében és képesek lehetnek előre jelezni az abiotikus vagy biotikus körülmények változásának eredményeképpen végbemenő strukturális átrendeződéseket a halközösségekben. Ennek ellenére jelenleg is hiányos ismeretekkel rendelkezünk a Dunához hasonló nagy folyamok halközösségeinek szerveződéséről. Kutatásunkban a közösség szintű modellezéseket megnehezítő módszertani problémák feltárására és megoldására tettünk kísérletet egy gyakorlati példán, a Gemenc, mint komplex folyami-hullámtéri élőhelyek, halközösségeinek neurális hálókkal történő modellezésén keresztül. A halak közösség szintű modellezését érintő nehézségeket 4 kategóriába lehet sorolni: (1) halfaunisztikai adatok rendelkezésre állása és pontossága; (2) halfaunisztikai, illetve halászati mintavételi módszerek reprezentativitása, szelektivitása és eltérő hibafaktorai; (3) abiotikus és biotikus magyarázó változók mért vagy modellezett adatainak elérhetősége; és (4) a modellezés alapjául szolgáló statisztikai módszerek korlátai. A machine learning (ML) alapú megközelítések hatékonyan képesek lekövetni a non-lineáris hal-élőhely összefüggéseket, így megfelelőnek bizonyulnak a közösségi szintű modellezésre is. Azonban nagy tanító adatigényük és például a neurális hálók esetében, nehezebb átláthatóságuk miatt a rendelkezésre álló (sokszor meglehetősen kis) tanító adatsor a betáplálást megelőzően számos, a megszokottakon túlmenő adattranszformáción kell átessen a kívánt modellteljesítmény elérése érdekében. Ezenkívül a modellezésbe bevont magyarázó változóktól függően speciális modell architektúra lehet szükséges, amely a tanító adatsor, úgyszintén a megszokottakon túlmenő előzetes elemzését igényli. Összességében, tehát elmondható, hogy a folyami halközösségek ML módszerekkel történő közösség szintű modellezése a bemeneti adatok rendkívül széleskörű előzetes elemzésével, valamint sokszempontú és összetett adattranszformációk elvégzésével valósítható csak meg, ezután azonban a komplex és nehezen megfogható közösségszerkezet leképezésével nagyban segítheti az élőhelyrekonstrukciós feladatokat.

## Kovács Bereniké

### Új-Kaledónia ugrópókjainak taxonómiai vizsgálata

Témavezető: Dr. Szűts Tamás (Zoológiai Tanszék)

A különböző szigetek biodiverzitása nagyon sokféle és egyedi, hiszen ezek olyan élőhelyek, ahol az evolúciós események a többi szárazföldről elszeparáltan történhetnek, amely számos endemikus faj létrejöttét eredményezi. Ennek vizsgálata biogeográfiai szempontból is fontos, ugyanis a szigeteken élő fajok gyakran előfordulnak más közeli területeken is, amely információval szolgálhat arról, hogy honnan és mikor kerülhettek oda az adott élőlények. Sok olyan sziget található a Földön, ami nagyon diverz élővilággal rendelkezik, mint például Hawaii, Galapagos szigetek vagy a kutatásunk fókuszában álló Új-Kaledónia.

Új-Kaledónia egy trópusi sziget Ausztráliától keletre, amit 50 millió éve még teljesen beborított a tenger, így az ott élő fajok azóta jelentek meg a területen. Az itt kialakult élővilág kiemelkedően egyedi és egyrésztől fajgazdag, másrésztől sok taxon hiányzik, így a kutatása sok új felfedezéssel járhat. Napjainkban az élőhelyek biodiverzitásának vizsgálatát az általánosabb módszerek mellett molekuláris filogenetikával is végzik, amely során molekuláris óra használatával a különböző fajok kialakulása időhöz is köthető. Az ÚNKP-s kutatásom fókuszában álló ugrópók filogenetikájáról már készítették átfogó munkát, azonban az Új-Kaledonián élő fajok szinte teljesen kimaradtak. A kutatásomnak egyik fő célja ezt a hiány pótolni, illetve hogy a most begyűjtött fajokat / nemzettségeket taxonómiai szempontból is megvizsgáljam.

A kutatás során használt minták a párizsi Nemzeti Természettudományi Múzeum által szervezett gyűjtőexpedíciókból származnak. A gyűjtött egyedeket morfológiai és molekuláris taxonómiai módszerekkel is megvizsgáltuk. A taxonómiai munka mintegy 4 tudományra új faj felfedezésével járt. A molekuláris filogenetikai vizsgálat során először pók lábakból izoláltunk DNS-t, majd PCR után három lókuszt megszekvenáltattuk, melyek a 28s, 16s, és CO1. Az analízis eredményeként új fajok is felfedezésre kerültek, valamint a korábban publikált filogenetikai törzsfában újonnan felfedezett és már ismert ugrópók is elhelyezésre kerültek.

## Tóth Gábor Ábris

### A *Batrachochytrium dendrobatidis* kétéltűkórokozó varangymérgekkel szembeni érzékenységének vizsgálata

Témavezető: Dr. Ujszegi János (ELKH Evolúciós Ökológiai Osztály)

A *Batrachochytrium dendrobatidis* (röviden Bd) rajzospórás gomba által okozott kitridiomikózis egy rendkívül nagy hatású kétéltűbetegség, mely már legalább 90 faj kihalásában játszott szerepet az elmúlt évszázadban. A betegség különböző régiókban eltérő súlyossággal jelentkezik, aminek okai a helyi elterjedésű Bd vonalak eltérő fertőzőképességében és a kétéltűpopulációk eltérő hatékonyságú védekezésében keresendők. A kétéltűek kémiai védekezése az elsődleges védelmi vonal a betegségekkel szemben. Az egyik legelterjedtebb védekezési mód a varangyfélék bőrében termelődő szteránvázis mérgek (bufadienolidok), melyek elválasztási mintázata földrajzi különbségeket mutat. Ezek az anyagok a Bd elleni védekezésben is hatékonyak lehetnek, ezt azonban eddig kevés tanulmány vizsgálta, és az sem ismert, hogy a különböző földrajzi elterjedésű Bd vonalak érzékenysége eltérő-e az azonos, illetve más régiókból származó bufadienolid-szekrétumokkal szemben.

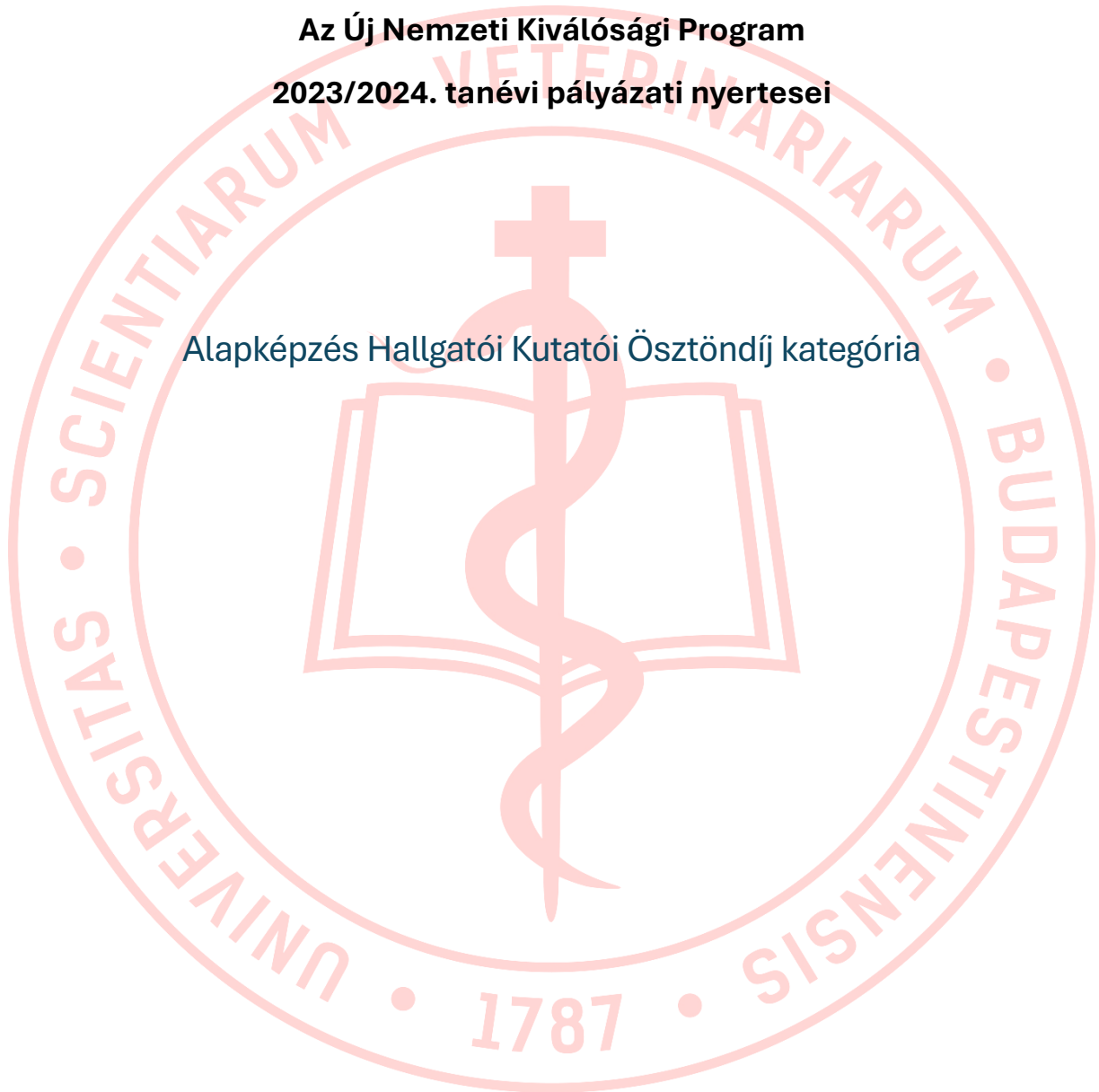
Ennek a kérdésnek a megválaszolásához 5 európai ország barnavarangy-populációiban gyűjtött mérlegminták ugyanezen országokból származó Bd-izolátumokra gyakorolt növekedésgátló hatását vizsgáltuk teljes faktoriális elrendezésű in vitro kísérletben. A mérlegminták bufadienolid komponenseinek számát és mennyiségét HPLC-MS segítségével meghatároztuk, majd kezeltük a folyadékban nevelt Bd kultúrákat a különböző hígítású mérlegmintákkal és meghatároztuk a növekedésre gyakorolt gátló hatás mértékét a folyadék-kultúrák optikai denzitásának mérésével.

Eredményeink egyértelműen alátámasztják, hogy a bufadienolid szekrétumok gátolják a Bd növekedését, továbbá azt mutatják, hogy a gátlás mértéke függ a mérlegminta és a Bd-izolátum származási helyétől, valamint ezek interakciójától is. Nem találtunk olyan mintázatot, hogy adott Bd-izolátum ellen az ugyanabból a régióból származó varangyméreg lenne a leghatékonyabb, vagy éppen a legkevésbé hatékony, a mérgek hatékonyságában tapasztalt különbségek tehát nem magyarázhatóak csupán egyoldalú lokális adaptációval. A továbbiakban tervezzük a mérlegminták összetételének összehasonlítását, a gátlásért felelős komponensek beazonosítását.



**Az Új Nemzeti Kiválósági Program  
2023/2024. tanévi pályázati nyertesei**

Alapképzés Hallgatói Kutatói Ösztöndíj kategória





## Fülei Zsombor Nimród

### Hazai kétéltű populációk monitorozása egyes DNS vírusokra

Témavezető: Dr. Papp Tibor (ELKH Állatorvostudományi Kutatóintézet)

A kétéltűek populációi világszerte csökkenő trendet mutatnak, amiben a fertőző ágensek is szerepet játszanak. A ranavírusok [RV] több kontinensen elhullásokat okoztak, s jelenlétüket hazánkban is sikerült már gyűjteményi mintákból qPCR módszerrel kimutatni, ám genetikai jellemzésük („tipizálás”) nem történt. Vizsgálatunk egyik célja, hogy frissen gyűjtött tampon mintákból a hazai kétéltűekben előforduló RV-ról további adatokat nyerjünk, valamint egyéb e fajokban fontos DNS-vírusok (herpeszvírusok [HV] és cirkovírusok [CV]) kimutatását is megkíséreljük.

A tavalyi évben 22 tampon mintát kaptunk, majd idén újabb 93 mintát gyűjtöttünk 15 Pest megyei élőhelyről. Az eddigi eredményeink a visegrádi Pisztrángos-tónál fogott 2 barna varangy (*Bufo bufo*) és egy gyepi béka (*Rana temporaria*), valamint egy adyligeti tó állományából származó további 4 barna varangy és 9 erdei béka (*Rana dalmatina*) mintáiból származnak. Utóbbi faj több egyedének bőrén multifokális bőrelváltozások voltak megfigyelhetők. A 9 közül 6 egyednél volt kimutatható a Nyugat Európában nem rég leírt új HV faj a ranid herpeszvírus 3 [RaHV-3], melynek ez az egyik első igazolt magyarországi előfordulása. Mivel e hazai variáns már a részleges DNS polimeráz gén szekvenciájában is eltért a nyugatitól, ezért egy variabilis génre, az ORF 97-re új primereket terveztünk. Sikerült továbbá mindkét tóban kimutatni azt a 10 éve Lázbercről leírt barna varangy cirkovírust, amely a vírusnemzetség egyetlen kétéltű eredetű tagja volt a közelmúltig, amikor újabbról is beszámoltak. Emellett két RaHV-3-mal fertőzött erdei békából, további kisméretű cirkuláris vírusokat [CV] mutattunk ki. Ezek egyike a galamb cirkovírusokra hasonlított nagymértékben (95%). A másik egy ciklovírusnak tűnik, de minden GenBank-i szekvenciától jelentősen eltér (egyezés max. 45%). A varangy cirkovírus teljes genom szekvenálása érdekében is új primereket terveztünk, genom felét sikerült eddig leszekvenálni. RV fertőzésre az eddig vizsgált állatokban mi nem találtunk bizonyítékot, továbbá célzott, szélespektrumú PCR-rel adenovírust sem sikerült kimutatni. Az idén gyűjtött minták feldolgozása folyamatban van.

**Az Új Nemzeti Kiválósági Program  
2023/2024. tanévi pályázati nyertesei**

Mesterképzés Hallgatói Kutatói Ösztöndíj kategória



## Balkó Eszter

### A csökkent AgRP neuron-funkció hatása a testsúlyra, élettartamra és viselkedésre kalória restriktív egerekben

Témavezető: Dr. Rác Bence (Anatómiai és Szövetani Tanszék)

A hipotalamikus agouti-related peptidet (AgRP) és neuropeptid Y-t (NPY) kifejező neuronok kritikus szerepet játszanak az éhségérzet kialakításában. Az AgRP neuronok kizárólag a hypothalamus arcuatus magjában találhatóak, és a POMC neuronokkal együtt a táplálékfelvétel és energiaháztartást szabályozó ún. melanokortin rendszer alapját képezik. Az AgRP neuronok viselkedésre gyakorolt hatása azonban kevésbé tisztázott, és esetlegesen fontos kapcsolódási pontot jelenthet különböző mentális betegségekkel, táplálkozási zavarokkal, mint az anorexia nervosa is. Kísérleteinkben a neonatális kortól csökkent AgRP neuronzámmal rendelkező AgRPDTR egérmodellt vizsgáltuk ad libitum és kalória restriktív (CR) diéta mellett. Az állatokkal viselkedéstanulmányokat végeztünk, hogy felderítsük, milyen hatással vannak az AgRP neuronok az állatok felderítő viselkedésére és szorongására. Mivel ezek a neuronok elsősorban éhezéssel és negatív energiaegyensúly esetén aktívak, így vizsgáltuk a normál, és csökkent mennyiségű AgRP neuronnal rendelkező állatok CR-hoz való alkalmazkodását is. A CR-ról számos tanulmány kimutatta, hogy sikeresen alkalmazható az öregedési folyamatok lassítására, és az élethossz megnövelésére. Tekintve az AgRP neuronok éhezéssel játszott szerepét, kísérleteinkben azt a hipotézist is megvizsgáljuk, hogy az AgRP neuronok elengedhetetlenek a CR kedvező élettani hatásainak megjelenéséhez. Eredményeink az AgRP neuronok egy korábban ismeretlen ivarspecifikus szerepére utalnak az éhezési periódosukhoz való metabolikus és viselkedésbeli alkalmazkodásban.

## Dorkó Annamária

### Mit tudnak a magyarok az antibiotikum-rezisztenciáról?

Témavezető: Dr. Süth Miklós

Az antibiotikum-rezisztencia általános kihívásként jelentkezik az orvosi és az állatorvosi tevékenységben egyaránt. A kihívás mértékéről árulkodik, hogy az Egészségügyi Világszervezet 2023-as állásfoglalása szerint az emberiséget veszélyeztető 10 legnagyobb veszély között tartjuk számon az antibiotikumok hatástalanná válását. Okozója általában a nem megfelelően alkalmazott antibiotikum-kezelés, de emellett számos más tényező szerepet játszik a terjedésében. A helyzet javítását az új gyógyszerek fejlesztését célzó kutatások, az egészségügyben és állategészségügyben dolgozó szakemberek tudatosabb antibiotikum-felírási és felhasználási gyakorlata, valamint a betegek és az állattartók szemléletformálása eredményezheti.

Kutatásom célja a magyar lakosság antibiotikum-használattal és -rezisztenciával kapcsolatos tudásszintjének és legfontosabb attitűdjeinek megismerése – beleértve az állattartókat is –, továbbá az antibiotikum-rezisztenciával kapcsolatos társadalmi szemléletformálás alapjainak bemutatása egy Magyarországon 2019-ben, a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal által lefolytatott, nemekre, életkorcsoportokra és földrajzi eloszlásra reprezentatív, nagy elemszámú lakossági felmérés alapján.

Az eredmények rámutattak, hogy bár a lakosság jelentős része tisztában van az antibiotikumok helyes alkalmazásával, számos tévhit azonosítható. Az antibiotikumok felhasználásával kapcsolatban a tájékoztatás hiányos: az emberek esetében minden ötödik, míg az állatok kezelésére vonatkozóan minden tizedik esetről maradt el az orvosi tájékoztatás. Az antibiotikum alkalmazáshoz köthető kockázatok sem ismertek: az antibiotikum-rezisztencia jelenségéről a válaszadók több mint fele még soha nem hallott, további egyötöde bár halott róla, nem ismeri a fogalom jelentését.

A felmérés alapján javasolható egy országos, szemléletformáló program kidolgozása, amely célzottan kezeli az azonosított hiányosságokat és tévHITEKET. Az egészségügyi szakemberek bevonásával, valamint a közoktatásba való jobb integrációval hozzájárulhatunk az AMR elleni hatékonyabb fellépéshez.

## Huber Fanni Sára

Mezőgazdaságban alkalmazott peszticidok zsírsav anyagcserére gyakorolt hatásainak vizsgálata méhek agydúcában

Témavezető: Dr. Mackei Máté (Élettani és Biokémiai Tanszék)

Az azol típusú gombaölő szerek széles körű használata jelentős aggodalomra ad okot a nem-célszervezetekre, például a beporzás és az ökoszisztéma egészsége szempontjából kulcsfontosságú mézelő méhekre (*Apis mellifera*) gyakorolt hatásukkal kapcsolatban. A méhek száma világszerte aggasztó mértékben csökken, mely egy multifaktoriális folyamat, az inszekticidek szerepe nem elhanyagolható a jelenség kialakulásában.

Kutatásunk során a tebukonazol szubletális hatásait kívántuk vizsgálni, mely egy nagy mennyiségben alkalmazott gombaölő készítmény a mezőgazdaságban. A vizsgálati csoportok számára *ad libitum* 48 órán keresztül adagoltuk a különböző koncentrációjú tebukonazol (letális dózis (LD)50/10, LD50/20, LD50/40/méh/nap). Ezután a méhek központi idegrendszerét kipreparálva a mintáinkat homogenizáltuk, és gázkromatográfia-tömegspektrometria (GC-MS) módszerrel meghatároztuk a zsírsav profiljukat.

Összességében elmondhatjuk, hogy a tebukonazolnak való kitettség negatívan befolyásolta a méhek központi idegrendszerének zsírsav anyagcseréjét. Számos zsírsav komponens mérését elvégeztük munkánk során, így láthatóvá vált például a laurinsav (C12:0) és mirisztinsav (C14:0) koncentrációjának emelkedése, mely oxidatív stressz jelenlétére utal. Ezek mellett az alfa-linolénsav (C18:3; n-3; ALA) és az olajsav (C18:1; n-9) koncentrációja is emelkedett, mely utóbbi változás kimutatható néhány neurodegeneratív kórképben is. A pentadekánsav (C15:0) és palmitinsav (C16:0) koncentrációja szintén emelkedett, illetve az össz telített zsírsav, valamint az össz-zsírsav mennyiségében is a fentiekhez hasonló változásokat állapítottunk meg.

Mindezek tükrében elmondható, hogy a tebukonazol negatívan befolyásolta a méhek központi idegrendszerének zsírsav homeosztázisát. További kutatásokra van szükség a hosszú távú ökológiai hatások tisztázásához és az azolok használatával kapcsolatos kockázatok mérséklésére irányuló stratégiák kidolgozásához.

## Maróthy Róbert Dániel

Kutatás címe: Stressz iránti sérülékenység agyi hálózati jellemzőinek feltérképezése poszttraumás stressz zavar modellben

Témavezető: Dr. Tóth Máté (ELKH, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet)

A poszttraumás stressz zavar (PTSD) egy erős stresszszorral összefüggő pszichiátriai kórkép, mely a traumát átéltek kb. 10-20%-ában okoz tüneteket. A zavar fő jellemzője a maladaptív félelmi tanulás, mely a félelmi generalizáció és kioltódás zavarában jelenik meg. Bár bizonyos agyterületek (amigdala, hippokampusz) változásai ismertek, a zavar komplexitása miatt elengedhetetlen a hálózat szintű változások azonosítása, megértése.

Kísérleteinkben egy rágcsáló PTSD modellben vizsgáltuk a félelmi generalizáció mögötti hálózati jellemzőket. Ennek során hím patkányokat tettünk ki kontrollálhatatlan lábsokk sorozatnak (trauma), majd 4 héttel később mértük félelmi válaszukat a trauma és egy biztonságos kontextusban (arányuk a generalizáció indexe). Utóbbi alapján sérülékeny és ellenálló (magas és alacsony generalizációt mutató) csoportokat azonosítottunk. Ezen csoportokból agymintákat vettünk a generalizáció időpontjában, majd immunhisztokémiai jelöléssel vizualizáltuk a neuronális aktivációt (c-Fos) a serkentő (Neurogranin) és gátló (GAD67) neuronok markereivel egyetemben, hogy a két csoport agyi hálózati jellemzőit összehasonlíthassuk. A jelölt mintákat egy standard atlaszra illesztettük és automatizálva kvantifikáltuk a jeleket a teljes agy kiterjedésében.

Eredményeink aktivitási és sejtszámbeli eltéréseket erősítettek meg a szakirodalomban már ismert régiókban, így a cinguláris kéreg és a hippokampusz területén. Emellett eddig azonosítatlan régiókban is találtunk változásokat (pl. retrosplenialis és entorhinális kéreg). A teljes agyi hálózatra kiterjedő analízisünk pedig rámutatott, hogy a sérülékeny állatoknál gyengébb funkcionális kapcsoltság figyelhető meg az aktivitás-korrelációknál. Összefoglalva eredményeink tovább árnyalják a félelmi generalizáció mechanizmusának megértését PTSD esetében.



## Szabó Ábel

### Növényi alapú antibiotikum alternatívák in vivo hatékonyságának meghatározása házityúk szalmonellózisa esetén

Témavezető: Dr. Kerek Ádám (Gyógyszertani és Méregtani Tanszék)

Az antimikrobiális rezisztencia terjedésének megfékezése és sikeres leküzdése mindannyiunk közös felelőssége, saját, illetve állataink egészségének megőrzése érdekében. A rezisztencia folyamatos növekedése és terjedése miatt olyan alternatív kezelési módokra van szükség, amelyekkel az antimikrobiális szerek használata részben vagy egészben kiváltható. Ezek kiemelt kutatási jelentőséggel bírnak. Olyan alternatív hatóanyagokra van szükségünk, melyek biztonságosan és eredményesen alkalmazhatók a haszonállattartásban, ezáltal jelentősen csökkenve az ágazat antibiotikum-felhasználását. Kutatási célként tűztük ki, hogy különböző, növényi alapú antibiotikum alternatívákat teszteljünk in vivo módon, a házityúkok szalmonellózisával szemben. Háromféle, különböző adalékanyagot, görögcsénát, búzacsírárt, és probiotikumokat tartalmazó takarmánykiegészítő hatékonyságát vizsgáltuk, amelyek képesek lehetnek csökkenteni a szalmonella okozta fertőzés megeredését, ezáltal csökkentve annak gazdasági károkozását, valamint a humánegészségügyi kockázati szerepét. Ennek során 180 db Bábólna Tetra-SL tojóhibrid fajtát 6 hetes felnevelési időszak alatt vizsgáltunk. Fertőzést követően vizsgáltuk a kezelések hatását a szalmonella megeredésére, ürítésének időbeli változására, mellette pedig folyamatosan monitoroztuk az állatok klinikai állapotát. Mértük a testtömeggyarapodást, a takarmányfogyasztást, illetve ezek segítségével fajlagot számoltunk, feljegyeztük a klinikai tünetek manifesztálódását. A felnevelés végén szakszerű eutanáziát követően kórbonctani és kórszövettani vizsgálatokat végeztünk, összehasonlítva az egyes csoportok makroszkópos elváltozásait, a bélboholyhossz, a kripta-mélység, azok arányának, valamint a felszívófelület alakulását. Az eredményeink kiértékelése után kiválasztottuk a legígéretesebb takarmánykiegészítőt, mely a görögcsénát tartalmazó kivonat volt. Ezt követően már csak ezt a takarmánykiegészítőt tovább vizsgálva meghatároztuk, hogy milyen mennyiségben alkalmazva tudjuk elérni a legjobb biológiai hatást (1x, 10x és 100x dózisban) ún. dózis-válasz hatásvizsgálat keretében, szintén tojótyúkok fertőzésével, a korábbi kísérlet alapjait követve. Egyedül az állatlétszámot növeltük a statisztikusok javaslatát figyelembe véve, hogy a kísérlet minél érzékenyebb legyen a változásokra, és így csoportonként 15 állattal dolgoztunk (összesen 270). Ez utóbbi állatkísérlet még jelen pillanatban is zajlik. A kísérlet végén szintén elvégezzük a kórbonctani és kórszövettani vizsgálatokat.

Kutatási eredményeink hozzájárulnak egy nagyüzemben biztonságosan alkalmazható takarmánykiegészítő fejlesztéséhez, amely segítségével az antibiotikum felhasználás csökkentő, illetve alternatívaként szolgálhat a házityúkok szalmonellózisának megelőzésében.



## Szalai Luca

Kutatás címe: Az enrofloxacin farmakokinetikai/farmakodinámiai analízise sertés ízületi folyadékban *Glaesserella parasuis* fertőzés esetén

Témavezető: Dr. Somogyi Zoltán (Gyógyszertani és Méregtani Tanszék)

Az enrofloxacin a fluorokinolonok csoportjába tartozó koncentrációfüggő baktericid hatású antibakteriális szer. Széles antibakteriális spektrummal rendelkezik, mind a Gram-pozitív, mind a Gram-negatív baktériumokkal szemben hatásosnak bizonyul. Szubkután, intramuszkulárisan és szájon át alkalmazva jól felszívódik, a szöveti megoszlása kiváló, a lipofilitása miatt képes átjutni a szervezet speciális barrierein. Kutatásunk elsődleges célja az engedélyezett 7,5 mg/kg dózisban, egyszeri beadással, szubkután alkalmazott enrofloxacin farmakokinetikai paramétereinek meghatározása volt sertés vérplazmában és ízületi folyadékban, illetve a kapott adatok jelentőségének vizsgálata a *Glaesserella parasuis* okozta ízületgyulladások kezelésében.

A kísérletet 10 db, 10 hetes,  $29,51 \pm 1,71$  kg testtömegű DanBred genetikájú ártány sertésen végeztük, amely során vér és ízületi folyadék mintákat gyűjtöttünk a gyógyszerbeadást megelőzően és az azt követő időpontokban: 15, 30, 45, 60, 90 perccel, továbbá 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 12, 24 és 48 órával vért, és 1, 2, 3, 4, 8, 12, 24 és 48 órával ízületi folyadékot vettünk.

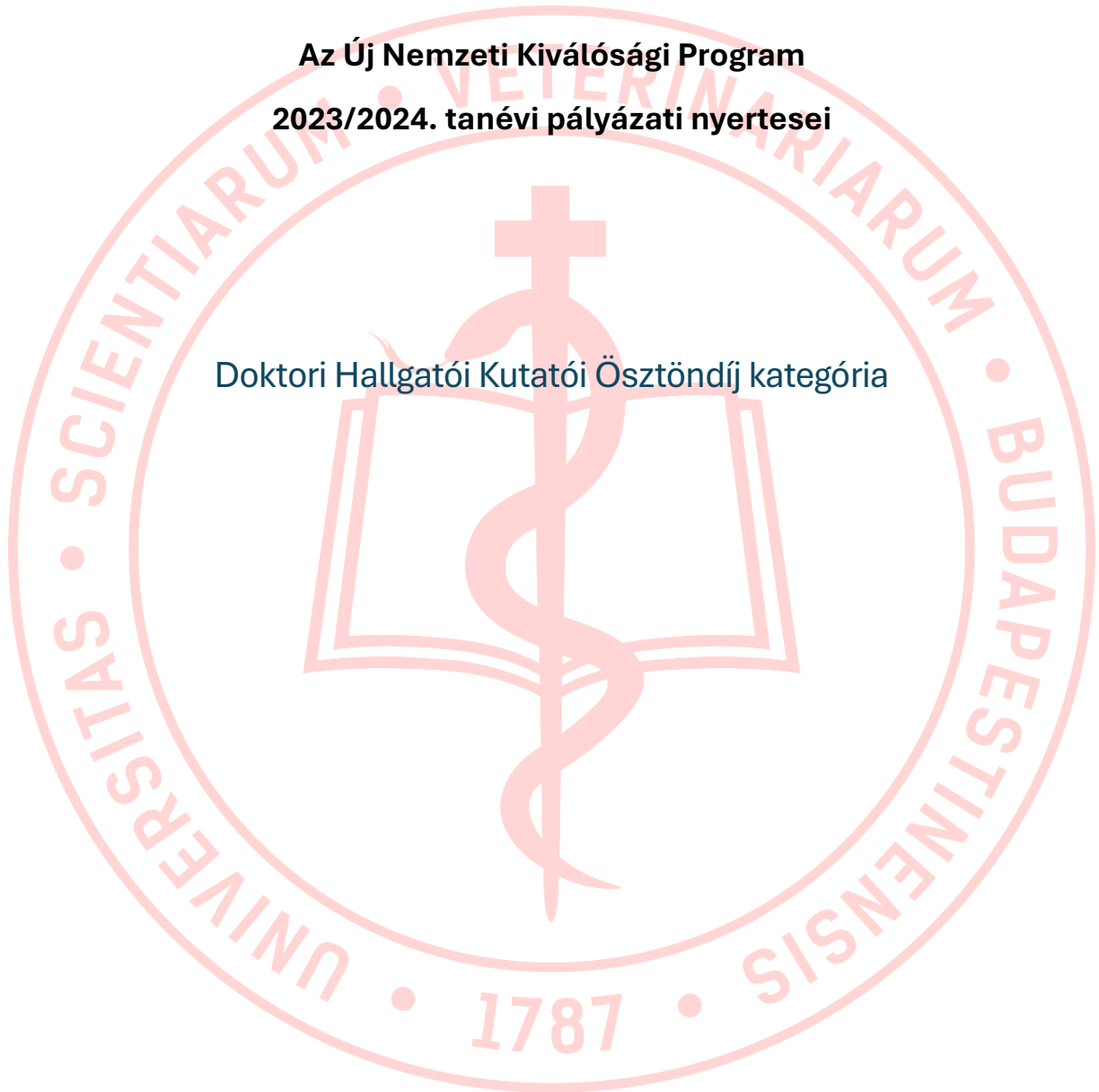
A hatóanyagkoncentrációt a két folyadéktérben folyadékkromatográfia-tömegspektrometria (LC-MS/MS) segítségével határoztuk meg. Az így kapott adatokat koncentráció-idő görbén értékeltük a vérplazmában és az ízületi folyadékban, ezután nemrekeszes farmakokinetikai elemzéssel számítottuk ki a jelentősebb farmakokinetikai paramétereket ( $t_{max}$ ,  $C_{max}$ ,  $Cl$ ,  $V_d$ ,  $AUC_{0-\infty}$ ,  $t_{1/2}$ ,  $K_e$ )

Az enrofloxacin  $5,03 \pm 1,62$  h ( $t_{max}$ ) alatt érte el a maximális koncentrációt ( $C_{max}$ ) a vérplazmában, amelynek értéke  $1,66 \pm 0,33$   $\mu\text{g/ml}$ -nek bizonyult. Az ízületi folyadékban  $8,60 \pm 2,09$  h alatt érte el a  $1,67 \pm 0,49$   $\mu\text{g/ml}$ -es  $C_{max}$  értéket. Az enrofloxacin clearance-e ( $Cl$ ) a vérplazmában  $0,19 \pm 0,02$  (l/h)/kg, míg az ízületi folyadékban  $0,18 \pm 0,05$  (l/h)/kg volt. A látszólagos megoszlás ( $V_d$ ) az előbbi térben  $3,57 \pm 0,64$  l/kg-nak, az utóbbiban  $2,96 \pm 0,97$  l/kg-nak bizonyult. A görbe alatti terület ( $AUC_{0-\infty}$ ) a vérplazma esetén  $38,89 \pm 3,89$  (h  $\times$   $\mu\text{g}$ )/ml, az ízületi folyadék esetén  $45,26 \pm 12,68$  (h  $\times$   $\mu\text{g}$ )/ml volt.

Szakirodalmi adatok alapján az egészséges sertésekben meghatározott AUC/MIC farmakodinámiai célérték (28,64 óra) alapján 90%-os valószínűség (PTA) mellett a *G. parasuis* okozta szepszémia és ízületgyulladás esetében a javasolt farmakokinetikai/farmakodinámiai határérték (PK/PDCO) 1  $\mu\text{g/ml}$ . Abban az esetben, ha a *G. parasuis* fertőzött sertésekben meghatározott farmakodinámiai célértéket (43,12 óra) vesszük alapul, akkor 90%-os valószínűség mellett a *G. parasuis* okozta szepszémia és ízületgyulladás esetében a javasolt PK/PD határérték 0,5  $\mu\text{g/ml}$ .

**Az Új Nemzeti Kiválósági Program  
2023/2024. tanévi pályázati nyertesei**

Doktori Hallgatói Kutatói Ösztöndíj kategória



## Igriczi Barbara

### A PPV1 és az újonnan azonosított PPV-k (PPV2-7) vizsgálata hazai és szlovákiai sertéstelepeken

Témavezető: Dr. Balka Gyula (Patológiai Tanszék)

A Parvoviridae családba tartozó sertésparvovírusok (PPV-k) kisméretű DNS-vírusok, amelyek közül a PPV1 a sertések szaporodásbiológiai rendellenességeinek egyik leggyakoribb kiváltó oka. Az elmúlt két évtizedben 7 új PPV-t írtak le, amelyeket PPV2–PPV8-ként neveztek el. Genomjuk két fő nyitott olvasási keretet (ORF-et) tartalmaz, amelyek közül az ORF1 a nem szerkezeti fehérjéket (NS), míg az ORF2 a kapszidfehérjéket (VP) kódolja. Az új PPVk jelenlétét már világszerte több országban igazolták, de klinikai, illetve gazdasági jelentőségük nagyrészt ismeretlen. Eddig a PPV2, PPV3, és PPV4 jelenlétét írták le magyarországi állományokban.

Kutatásunk célja, hogy felmérjük a PPV-k elterjedtségét és genetikai változatosságát a magyar és szlovákiai sertésállományokban. Összesen 27 hazai sertéstartó telepről érkező, 2505 savó-, 228 rágókötel- és 114 herelési-folyadékminta qPCR-vizsgálatát végeztük el. Az erősen pozitív minták esetében az NS1 vagy a VP gén szekvenciájának a meghatározását és filogenetikai elemzését is elvégeztük. Ezenkívül 2 szlovákiai telepről beérkezett mintákat is teszteltünk.

Egy telep kivételével az összes vizsgált állományban sikerült kimutatni legalább egy PPV jelenlétét. A vírusok összehasonlításakor a PPV1-et 16, a PPV2-t 24, a PPV3-at 20, a PPV4-et 14, a PPV5-öt 19, a PPV6-ot 22, a PPV7-et 23 és a PPV8-at 15 telepen detektáltuk, de az állományon belüli prevalenciák jelentősen eltértek. A legnagyobb előfordulási arányokat a rágókötelmintákban figyeltük meg, ahol a pozitív minták aránya 14% (PPV4) és 54% (PPV7) között változott. A legtöbb PPV-t sikerült kimutatni minden korcsoport savómintáiban, de a 10, 14 és 18 hetes sertések esetében detektáltuk kimagasló gyakorisággal a vírusokat. A filogenetikai elemzések a PPV2 és PPV7 esetében nagyobb genetikai változatosságot mutattak a többi PPV-hez képest.

Eredményeink azt mutatják, hogy minden PPV jelen van, és néhányuk széles körben elterjedt Magyarországon. Az összes PPV jelenlétét kimutattuk Szlovákiában is és a PPV8-at Kínán kívül a világon először azonosítottuk. A vizsgált telepeken a vírusok alapvetően tünetmentes állatokban, szubklinikai fertőzés formájában vannak jelen.

## Dr. Mózes Borbála

### A bélnyálkahártya transzkriptomjának változásai a kutyák krónikus enteropathiájának különböző betegcsoportjaiban

Témavezető: Dr. Psáder Roland (Belgyógyászati Tanszék és Klinika)

A kutatás során elsősorban az idült emésztőszervi betegségekben szenvedő kutyák gyomor- és bélnyálkahártyájában zajló gyulladásos folyamatokat szeretnénk megismerni, ezen belül is a bélgyulladásban előforduló molekuláris szereplők pontosabb feltérképezése a fő célunk. A gyulladásos válaszban jelentős molekuláris jelátviteli útvonalak pontos ismerete felbecsülhetetlen lehet nem csak a betegség diagnosztikájában, hanem a célzott terápia tervezésében is. Munkánk során az RNA-Seq nevű újgenerációs szekvenálási technikát alkalmazzuk (jelenlegi ismereteink szerint elsőként ennek a betegségcsoportnak a vizsgálatánál), mely az adott beteg bélnyálkahártya mintájában aktuálisan jelen lévő RNS molekulák minőségi és mennyiségi meghatározását teszi lehetővé. Az így nyert információhalmaz neve transzkriptom, mely egyfajta pillanatkép az adott betegség során a sejtekben, szövetekben játszódó folyamatokról, változásokról. A kontrollminták és a krónikus enteropathia eleségre-, illetve immunszuppresszióra reagáló formáinak transzkriptomját egymáshoz hasonlítva fény derülhet a kórfejlődés néhány kulcsszereplőjére, melyeket a jövőben diagnosztikai és terápiás eljárások során lehetne hasznosítani.

Jelenleg 13 krónikus enteropathiás kutya betegünk duodenum mintájából áll rendelkezésre bioinformatikai adat, melyből 8 kutya az eleségváltásra reagáló enteropathia (FRE) és 5 kutya az immunszuppresszióra reagáló enteropathia (IRE) alcsoportból származik. 4 db negatív kontroll mintát vizsgáltunk egészséges kutyákból származó duodenum biopsziákból.

Az adatok bioinformatikai értékelése jelenleg folyamatban van, itt mélyebb útvonalelemzéseket, majd ezek alapján az expresszáldott fehérje-, illetve biológiai funkció szintjén történő validálásokat tervezünk. Eddigi eredményeink tükrében számos, az egészségeshez képest eltérően kifejeződő géncsoportot találtunk, melyek főleg a TNF útvonalhoz és a proinflammatorikus citokinekhez, kemokinekhez és adipokinekhez, a komplementhez, az antigénprezentációhoz és fagocitózishoz, gyulladásos, sejtés és humorális immunfolyamatokhoz, glükokortikoidokhoz, valamint az epesav anyagcseréhez kötődnek.

## Takács-Vágó Hunor

### Szexuális szelekció vizsgálata különböző ugrópók taxonokon

Témavezető: Dr. Szűts Tamás (Zoológiai Tanszék)

A létért folyó harc, vagyis a természetes szelekció során az élőlények közül azok lesznek sikeresek, amik adott körülmények között maximalizálják a túlélésüket és/vagy utódszámukat. Az egyik stratégia csak az utódszámra koncentrálni, a túlélést kevésbé figyelembe véve. Ezt a stratégiát szexuális szelekciónak hívjuk, és jellemzően hímekre hat. A szexuális szelekció során az egyedek a másik nem ivarsejtjeinek megtermékenyítéséért versengenek. Ennek során gyakran extrém különbségek alakulhatnak ki a nemek között. A legnagyobb fajszerű pókcsalád, az ugrópók esetében a nagy csáprágó sok faj hímjére jellemző, így felmerül a kérdés, hogy ez a jelenség lehet-e szexuális szelekció eredménye.

Vizsgálataimat a Guineai öböl szigetein (Sao Tomé és Príncipe) előforduló Maltecora és Pochyta fajokon végeztem. Ha a faj hímeire szexuális szelekció hat, akkor a testmérethez viszonyított csáprágó is jellemzően ú.n. pozitív allometriát mutat, ez azt jelenti, hogy a nagyobb hímeknek a testméretükhöz képest is nagyobb a csáprágójuk. A kutatás során több, mint 100 példányt vizsgáltam meg. a két afrikai szigeten élő Maltecora, illetve Pochyta genuszba tartozó példányokat vizsgálok meg. Mintegy 100 példányról készítettem 10-10 képet, amely alapján a méréseim végeztem. Előzetes eredményeink szerint a Maltecora hímek jellemzően két csoportra (fajra) bonthatóak. Nőstények hasonló adatait is felvettük. Feltételezzük, hogy a nőstények méretei csak természetes szelekció alatt állnak, így, ha az adott fajok hímeinél a csáprágó mérőszámai nagyobbak és nagyobb varianciát mutatnak, mint a nőstények mérőszámai, akkor ez szexuális szelekcióra utal.

## Dr. Tóth Adrienn Gréta

### Ixodes ricinus kullancsok metagenomjának One Health szemléletű vizsgálata

Témavezető: Dr. Solymosi Norbert (Bioinformatikai Központ)

A vizsgálataink során a célunk klimatikusan reprezentatív geolokációkon gyűjtött *Ixodes ricinus* kullancsok fejlődési stádium- és időjárásfüggő bakteriom-különbségeinek felmérése, valamint közegészségügyileg jelentős bakteriom tulajdonságok leírása volt.

A kullancsminták gyűjtését követően Illumina platformon történt shotgun szekvenálás során short read adatokat kaptunk, amiket bioinformatikailag elemeztünk. A statisztikai elemzés a geolokációkhoz kapcsolt időjárás és a bakteriom, valamint a bakteriom tagjai közötti korrelációk felméréseivel és a minták különböző taxondiverzitás-mutatóinak prezentálásával történt, figyelembe véve a kullancsok fejlődési stádiumát (nimfa, vagy felnőtt nőstény) is.

A magbakteriomban, vagyis a legalább 1% relatív abundanciával jelenlevő nemzetségeken belül a nőstények és a nimfák között a szignifikáns eltérések a következőknél voltak leírhatóak: *Arsenophonus*, *Bacillus*, *Candidatus Midichloria*, *Rhodococcus*, *Sphingomonas*, *Staphylococcus* és *Wolbachia*. A nőstények esetében a hőmérsékleti viszonyokat figyelembe véve a következő nemzetségeknél volt megfigyelhető szignifikáns eltérés: *Curtobacterium*, *Pseudomonas* és *Sphingomonas*. Nem volt olyan nemzetség, amelynél szignifikáns különbség mutatkozott a nőstények között a geolokációkhoz köthető csapadékkategóriák szerint. A nimfák esetében egyedül a *Curtobacterium*-oknál volt szignifikáns az eltérés a hőmérsékleti kategóriák esetében. A *Bacillus* és *Curtobacterium* nemzetségek a csapadékkategóriák figyelembe vételekor mutattak szignifikáns eltérést a nimfáknál. A fentieknek megfelelően, a kullancsok által terjesztett, sokszor közegészségügyileg is jelentős baktériumok taxonómiai összetétele szignifikáns eltéréseket mutathat az eltérő éghajlati viszonyok és az eltérő fejlődési stádiumok között. Eredményeink továbbá az indikátor baktériumfajok azonosításán keresztül rávilágíthatnak lehetséges biológiai kullancs eradikációs lehetőségekre is.



## Zorkóczy Orsolya

Di- és trinukleotid mikroszatelliták vizsgálata dámszarvasban (*Dama dama*) igazságügyi genetikai célokra

Témavezető: Dr. Zenke Petra (Állattenyésztési és Genetikai Tanszék)

A dámszarvas (*Dama dama*) egy hazánkban is honos, agancstrófeája és vadhúsa miatt egyaránt értékes faj. Az eredetileg európai és kis-ázsiai eredetű szarvasféle genetikai diverzitása erősen lecsökkent a jégkorszakok alatti kontinensről való kihalása, és az azt követő, általában kis létszámú alapítóegyeddel történő betelepítése miatt.

Az olyan, jogi következményekkel járó esetek megoldásában, mint az orvvadászat vagy az ütközéses vadkár a genetikai módszerek komoly segítséget nyújthatnak. Egyedi azonosításra leggyakrabban a tetramer mikroszatellitákat alkalmazzák, amelyek megbízhatóbban analizálhatók, azonban kevésbé polimorfak dimer és trimer társaikkal szemben. A dámszarvas alacsony genetikai diverzitása miatt a jelenleg rendelkezésre álló 14 tetramer mikroszatellita további trimer és dimer markerekkel való kiegészítése ezért indokolt. Az igazságügyi standardokat figyelembe véve olyan markereket kerestünk, amelyek lehetőleg a legkevesebb melléktermék képződése mellett megbízhatóan kiértékelhető termékcsúcsokat eredményeznek.

Ehhez első körben az irodalomból és a GenBank adatbázisából válogattunk ki kilenc trimer és 40 dimer szerkezetű mikroszatellitát. Az összesen így 49 markernek több lépcsős PCR optimalizációs folyamat során meghatároztuk az annealációs hőmérsékleti optimumokat, amelyek alapján öt amplifikációs protokollt hoztunk létre. Kilenc marker a nem megfelelő minőségű vagy mennyiségű PCR-termék miatt kiesett a tesztelési folyamatból, amelynek hátterében az eltérő forrásfajt vagy az általunk használt fluoreszcens jelölési technika optimumeltolási tulajdonságát feltételeztük. A megmaradt 40 markert négy mintán teszteltük kapilláris elektroforézissel, hogy megállapíthassuk azok értékelhetőségét. Az elektroferogramok mintázata alapján kategorizáltuk a markereket és a legjobb értékeket mutató (legkevesebb műterméket adó) 27 mikroszatellitával polimorfizmus vizsgálatot végeztünk kibővített mintaszámon.



**Az Új Nemzeti Kiválósági Program  
2023/2024. tanévi pályázati nyertesei**

„Tudománnyal fel!”

Doktorvárományosi és Posztdoktori Kutatói Ösztöndíj kategória



## Jakab Szilvia

Az IBH kóroktanában szerepet játszó adenovírusok genetikai jellemzése és az ellenük való vakcinás védekezés alapjainak megteremtése

Témavezető: Dr. Bányai Krisztián (HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet)

Az Adenoviridae családba tartozó aviadenovírusok világszerte jelentős gazdasági károkat okoznak a baromfiágazatban. A csirkék adenovírus okozta számos kórképei közül a sejtzárványos májgyulladás kialakulásáért főként az Aviadenovirus gallinae és Aviadenovirus hepatitis (ismertebb nevükön FadV-D és -E) fajok a felelősek.

A pályázat keretein belül célunk volt a világ számos szegletéből származó FAdV D törzsizolátumok, illetve egyéb referencia törzsek genetikai diverzitásának és rekombinációs mintázatának feltérképezése a teljes genom szekvencia meghatározásának segítségével.

Munkánk során összesen 45 db FadV-D teljes genom szekvenciáját állapítottuk meg és az elemzésekhez bevontuk a génbankban megtalálható 31 db teljes genom szekvenciát is. Az általunk meghatározott genom szekvenciák hossza, valamint a kódoló régiók elrendeződése nem mutatott eltérést a referencia törzsekkel összehasonlítva. A vizsgált FadV-D törzsek között a korábban is megfigyelt mértékű genetikai változatosságot láttuk (nukleotid azonosság: 89,8-100%). Filogenetikai elemzésünk szerint a FadV-D törzsizolátumok közül a legközelebbi rokonságot 1 db a FadV-3, míg a többi a FadV-2 és FadV-11 törzsekkel mutatták. Míg számos FadV-2 és -11 törzs teljes genomja meg van határozva, addig a FadV-3 rekordok korlátozott mennyiségben állnak rendelkezésre, mindössze egy referencia és egy általunk karakterizált érhető el. A két FadV-3 törzs között a nukleotid azonosság 99,04% volt, továbbá mindkét törzs hasonló mértékben mutat nagy genetikai eltérést a FadV-2 és -11 törzsektől a hexon és ORF19 régiók közötti genom szakaszon. További elemzéseink azt mutatták, hogy a rekombináció rendkívül gyakori a törzsek között. A rekombinációs töréspontok a genomon belül az ORF13, ORF12, pTP és pVII régiókon összpontosultak.

Eredményeinkkel jelentősen növeltük az elérhető FadV-D teljes genom szekvencia adatok mennyiségét, amelyek segítségével részletesebben megismerhettük a FadV D törzsek heterogenitását.

## Tamás Vivien

### Új generációs AAV génterápiás vektorok fejlesztése májbetegségekre

Témavezető: Dr. Zádori Zoltán (HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet)

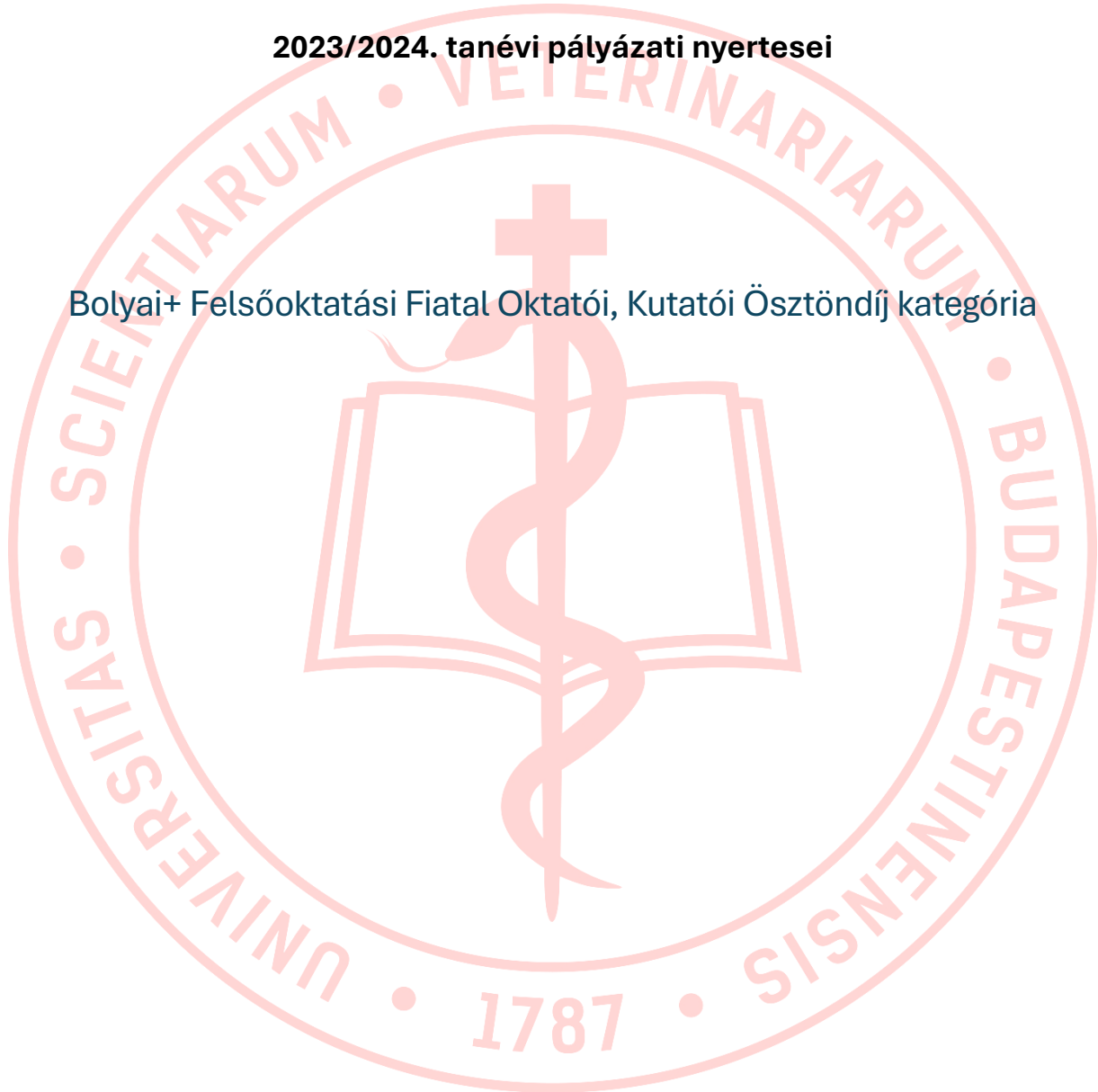
Bár az adeno-asszociált vírusok (AAV-k) jelenleg a legígéretesebb vektorok a génterápiában, hatékony alkalmazásukat azonban számos akadály nehezíti. Az akadályok közé tartozik, hogy az emberi populáció mintegy 50%-ánál a már meglévő immunitás az AAV kapszidokkal szemben sok esetben kizárja az AAV alapú génterápiás szerek szisztémás alkalmazását. A fennálló problémák megoldásának egyik lehetséges módja olyan új AAV vektorok létrehozása, amelyekkel szemben az egyének vagy nem, vagy kisebb valószínűséggel rendelkeznek immunitással, illetve amelyek hatékonyabban képesek transzdukálni a májat. Az AAV-k széles körben elterjedtek számos emlős faj több szöveteiben is, illetve magas szekvencia-diverzitással rendelkeznek elsősorban a kapszidfehérje (VP1) hipervariábilis régióiban.

Célunk a pályázat időtartama alatt májminták gyűjtése nagytestű haszonállatok és társállatok májából, melyből új AAV-változatokat tudunk azonosítani. Reményeink szerint ezek az új változatok jobb máj-transzdukációs képességgel rendelkeznek az eddig elérhető vírusoknál. Az új vírusvariánsok kapszidjait szekvenálás után amplifikáljuk és vektorizáljuk, hogy a későbbiekben felhasználhatók legyenek állatkísérletekre.

Összesen 884 mintát gyűjtöttünk Magyarország különböző területeiről. A minták többsége (809) az általános monitoring során került gyűjtésre, 75 pedig patológias eredetű volt. A munka első felében diagnosztikai PCR-t terveztünk, az AAV-k magas szekvenciadiverzitása miatt összesen 3 humán AAV-khez közeli kládhoz (főemlős, rágcsáló, patás). A PCR fejlesztését úgy végeztük el, hogy a primerek páronként és triplex PCR-ként is felhasználhatóak legyenek. A PCR-t egy korábbi AAV pozitív mintán validáltuk, a detekciós limit pedig 128 kópiának bizonyult. Jelenleg feldolgozott 720 mintából 15 bizonyult agaróz gélelektroforézissal végzett elemzés után pozitívnak, melyből jelenleg 1 részleges szekvenciaelemzése már megtörtént, ahol 73%-os egyezést állapítottunk meg a legközelebbi rokon AAV-hez (kecske AAV – AAVGo1). A VP1 teljes amplifikálását a mintákban található kevés mennyiségű vírus és a VP1 hossza miatt két úton kezdtük meg. Egyrészt az új variánsokra általánosan felhasználható primereket terveztünk a kapszidfehérje viszonylag konzervatív két végére, illetve a közepére, esetleges semi-nested felhasználásra. Másrészt pedig a már részleges szekvenciával rendelkező mintán az ismert szakaszból kiindulva mintaszpecifikus, asszimmetrikus PCR-el kívánjuk a VP1 teljes szekvenciáját meghatározni. Az ösztöndíjas időszak fennmaradó idejében az új minták VP1 szekvenciáinak teljes meghatározása és amplifikálása után a vektorizálást kívánjuk elvégezni és HepG2 sejteken vizsgálni a vírusok transzdukációs képességét.

**Az Új Nemzeti Kiválósági Program  
2023/2024. tanévi pályázati nyertesei**

Bolyai+ Felsőoktatási Fialat Oktatói, Kutatói Ösztöndíj kategória



## Dr. Nagy-Schuller tot Peursum Annamária

### Lovak patájának komputertomográfiai vizsgálata

Lógyógyászati Tanszék és Klinika

**Bevezetés:** Lovak szarutokjának komputertomográfiai (CT) vizsgálatáról minimális szakirodalmi adat áll rendelkezésre. Sánta lovak patájáról készült CT felvételek helyes kiértékeléséhez szükség van egészséges lovakon felállított referenciaértékekre.

**Célkitűzések:** 1. Referenciatartományok felállítása a szarutok CT felvételeken mérhető vastagságáról sántaságmentes angol telivér és díjugratásban versenyző sportlovakban; 2. A hegyfal vastagságának összehasonlítása CT- és röntgenfelvételeken és ezek összevetése anatómiai preparátumokkal.

**Anyag és módszer:** Ötvenkilenc sántaságmentes ló (30 angol telivér és 29 díjugratásban versenyző sportló) 115 patáján mértük a hegyfal és az oldalfalak teljes vastagságát, illetve az írha és az elszarusodott réteg vastagságát előre meghatározott standardizált pontokon. Kutatásunk második részében a hegyfal vastagságát három standardizált ponton mértük lateromedialis röntgenfelvételeken (n=60), sagittalis CT rekonstrukciókon (n=60) és anatómiai preparátumokon (n=21). Méréseink eredményeit az adatok eloszlásának vizsgálata után t-teszt vagy Mann-Whitney U teszt segítségével elemeztük.

**Eredmények:** Méréseinkkel felállítottunk egy referenciatartományt a pata hegyfalának és oldalfalának CT felvételeken mérhető vastagságához angol telivér versenylovakban és díjugratásban versenyző sportlovakban. Megállapítottuk, hogy a sagittalis CT felvételen mért hegyfalvastagság szignifikánsan kisebb, mint a röntgenfelvételeken mért vastagság ( $p < 0.01$ ). Az anatómia preparátumok és a CT felvételeken mért vastagság között kisebb volt a különbség, mint a röntgen- és anatómiai mérések között ( $p < 0.01$ ).

**Következtetések:** A röntgenfelvételeken kidolgozott referenciaértékek nem alkalmazhatók CT vizsgálatok elemzésekor. Sánta lovak CT felvételeinek helyes kiértékeléséhez hozzájárul a két különböző diszciplínában versenyző sántaságmentes lovak patáin felállított referenciatartomány.

## Dr. Vincze Boglárka

Az ovum pick-up beavatkozás hatása a szívfrekvencia-változékonyságra egyes stressz paraméterekkel összefüggésben

Szülészeti Tanszék és Haszonállat-gyógyászati Klinika

Az asszisztált reprodukciós eljárások egyik legspeciálisabb beavatkozása az ovum pick-up (OPU), amely egy fajoként változó vastagságú aspirációs tű használatát igényli. Az eddigi közlemények alapján a beavatkozás biztonságosnak minősül, azonban más beavatkozásokhoz hasonlóan itt is felmerül a módszer az állatra kifejtett hatása, azon belül is a stressz a szívfrekvencia-változékonyságban megjelenő hatása.

A stressz rövid-, közép-, és hosszú távú jelenlétének monitorozására rendkívül jól alkalmazható módszer a HRV (heart rate variabilitás) mérési módszere, melyhez már számítógépes bluetooth kapcsolattal vezérelhető EKG-készülékek állnak rendelkezésre, amelyek akár 24 órás folyamatos megfigyelést tesznek lehetővé úgy, hogy az állat életvitelét nem zavarják, és sok adatot szolgáltatnak, amelyek a szívfrekvencia más módszerrel észre nem vehető apró változékonyságát detektálják (Vincze et al., 2015). Más állatorvosi beavatkozások stressz-keltő hatását már sok tanulmányban vizsgálták, azonban lovakban és szarvasmarhában még nem rendelkezünk ilyen irányú kutatási eredményekkel.

Az OPU beavatkozások költsége és klinikai bonyolultsága miatt a vizsgálatok jelenleg is tartanak, befejezésük várhatóan 2024. június hó végén történik.

Eddig a módszer validálása és klinikai protokoll kialakítása történik. Az eddigi eredmények alapján az OPU rövid távon csökkent egyes HRV-paramétereket (RMSSD), azonban egyes állatokban hozzászokást okoz, másokban pedig az újabb beavatkozások nyugtalanságot, amely azonban szedatívumok alkalmazásával csökkenhető.