

ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM

EKÖP KUTATÁSOK
2024/2025

INTÉZMÉNYI EKÖP KONFERENCIA
2025. MÁJUS 13.

Tartalomjegyzék

„Hallgatók” kategória	3
Dorkó Annamária	4
Heim Nóra	5
Horváth Luca	6
Jandó Benedek	7
Kovács Bereniké Dorka	8
Nagy Máté	9
Örkényi Zoltán	10
„Doktori hallgatók” kategória	11
Balogh Emese	12
Dr. Boros Koppány	13
Dr. Keve Gergő	14
Lőrincz Eszter	15
Máté Dóra	16
Dr. Máté Marietta	17
Dr. Nagy E. Zsófia	18
Dr. Németh Krisztián	19
Pataki Anna	20
Pitó Andor	21
Dr. Pintér Krisztina	22
Dr. Tolnai Csenge	24
Dr. Tóth Adrienn Gréta	25
„Fiatal oktató-kutató” kategória	26
Dr. Berekméri Eszter	27
Dr. Dénes Lilla	28
Dr. Hoitsy Márton	29
Dr. Igriczi Barbara	30
Dr. Kerek Ádám	31
Dr. Kovács László	32
Dr. Mackei Máté	33
Dr. Szakos Dávid	34
Dr. Szilasi Anna	35

**A 2024/2025. tanévi Egyetemi Kutatói Ösztöndíj Program
ösztöndíjasai**

„Hallgatók” kategória



Dorkó Annamária

Laboratóriumi hússal kapcsolatos fogyasztói attitűdök és kockázatészlelés Magyarországon reprezentatív lakossági vizsgálat alapján

Témavezető: Dr. Kasza Gyula/Dr. Szakos Dávid (Alkalmazott Élelmiszertudományi Tanszék)

A fenntarthatóság és az alternatív fehérjeforrások kiemelkedő szerepet játszanak a XXI. század élelmiszeripari diskurzusában. A fogyasztói magatartás és döntések jelentős hatással vannak az élelmiszerlánc működésére, különösen az új technológiák, például a laboratóriumi húsok megjelenésekor. A társadalmi elvárások és a hagyományos táplálkozási szokások közötti feszültségek folyamatosan alakítják a piaci dinamikát. Az alternatív fehérjeforrások, így a laboratóriumi húsok is, egyre nagyobb figyelmet kapnak, mivel a hagyományos húsfogyasztás növekedése mellett a fenntartható megoldások keresése sürgetőbbé vált. A laboratóriumi húsok elfogadása azonban sok esetben politikai és társadalmi tényezőkön is múlik, így elengedhetetlen, hogy a fogyasztói attitűdök és aggodalmak felmérése prioritást élvezzen a technológiai innovációk bevezetése során.

A kutatás során 1003 felnőtt korú fogyasztó válaszait elemeztük, amely minta a Központi Statisztikai Hivatal (KSH) 2022-es népszámlálási adatainak megfelelően reprezentatívnak tekinthető nemek, életkorcsoportok és lakóhely szerint. Ennek köszönhetően lehetőségünk nyílt a magyar társadalmon belül fogyasztói csoportok azonosítására és a laboratóriumi hússal kapcsolatos különböző attitűdök részletes megértésére, amelyhez hierarchikus, agglomeratív Ward-féle klaszterezési módszert alkalmaztunk.

Az eredmények rávilágítottak arra, hogy a magyar társadalom kicsivel több mint kétharmada már hallott a laboratóriumi húsról, jellemzően internetes forrásokból tájékozódta ezzel kapcsolatban. Bár a fogyasztók egy része elismeri a lehetséges előnyöket, jelentős mértékű kockázatészlelés figyelhető meg a lakosság körében, és a többség elutasítóan viszonyult ehhez a fehérjealternatívához. A kutatás során három, egymástól szignifikánsan eltérő csoportot sikerült meghatározni, amelyek eltérő attitűdöket képviseltek a laboratóriumi húsok piaci bevezetésével kapcsolatban. Ez a kutatás átfogó képet nyújtott a magyar lakosság laboratóriumi hússal kapcsolatos attitűdjeiről, így segítve a jogalkotókat és a vállalkozásokat a stratégiai döntések meghozatalában.

A kutatás eredményei jól hasznosíthatók a laboratóriumi húsok piaci bevezetését megelőzően a fogyasztók ismereteinek és véleményének számszerűsítésében, lehetővé téve a kockázatok és lehetséges előnyök, valamint a társadalmi hozzáállás figyelembevételével történő megalapozott szakpolitikai döntések meghozatalát. A célzott tájékoztatás, a fogyasztói ismeretek bővítése, valamint az érintett ágazati szereplők bevonása támogatja a fenntartható élelmiszerfogyasztást és az élelmiszerlánc-biztonság fenntartását.

Heim Nóra

Sertésből izolált baktériumok érzékenysége potenciált szulfonamidokkal szemben

Témavezető: Dr. Mag Patrik (Gyógyszertani és Méregtani Tanszék)

A potenciált szulfonamidok (PSA) AMEG D kategóriába tartozó antibakteriális szerek. Kutatásunk során sertések légzőszervi betegség komplexében (PRDC) résztvevő baktériumok érzékenységét vizsgáltuk három potenciált szulfonamiddal szemben, valamint vizsgáltuk a szinergizmus mértékét a kombinációk két hatóanyaga között.

Kutatásunk első lépéseként meghatároztuk a VetPath program keretében sertésekből izolált 12 *P. multocida*, 14 *S. suis*, 13 *A. pleuropneumoniae* (APP) és 10 *G. parasuis* törzs minimális gátló koncentrációját (MIC) trimetoprim-szulfametoxazol (TRP-SX), trimetoprim-szulfaklórpiridazin (TRP-SKP) és trimetoprim-szulfadiazin (TRP-SD) hatóanyagok 1:19 arányú kombinációjával szemben, négy különböző táplevesben. Ezt követően NAD-dal kiegészített kationadjuvált Müller-Hinton levesben meghatároztuk a potenciált szulfonamidok MIC-értékét, ezúttal 1:5, 1:10, 1:19 és 1:40 arányban is.

Végül vizsgáltuk a törzsek érzékenységét külön a három szulfonamid komponenssel és trimetoprimmel szemben is, hogy ki tudjuk számítani a frakcionált gátló koncentráció indexet (FIC_i), ami a szulfonamid és a trimetoprim hatóanyagok közötti szinergizmusról ad tájékoztatást. *P. multocida* esetén a TRP-SMX és a TRP-SD kombinációk MIC-értékei egyaránt ≥ 128 µg/ml voltak, tekintet nélkül a két hatóanyag arányára. A TRP-SKP kombináció MIC₅₀-értéke 32 µg/ml volt az összes aránynál. *S. suis* törzseknél a MIC₅₀-érték TRP-SMX és TRP-SKP esetén csökkent a szulfonamid arányának növekedésével, míg a TRP-SD kombináció MIC₅₀-értéke mindegyik vizsgált aránynál 32 µg/ml volt. APP törzseknél a MIC₅₀-érték mindegyik kombinációnál csökkent a szulfonamid arányának növekedésével. *G. parasuis* törzseknél a MIC₅₀-érték TRP-SMX és TRP-SKP esetén 2 µg/ml volt, tekintet nélkül a trimetoprim és a szulfonamid komponensek arányára, míg TRP-SD esetén a MIC₅₀-érték csökkent a szulfonamid arányának növekedésével. A FIC_i-ről elmondható, hogy ahogyan a trimetoprim és a szulfonamid közötti arány növekedett, a FIC_i-érték az összes vizsgált baktérium esetén nőtt. A vizsgált *S. suis*, *A. pleuropneumoniae* és *G. parasuis* törzsek felénél határoztunk meg egyértelműen szinergista hatást mindhárom PSA esetén, míg a *P. multocida* törzsek esetén csupán a TRP-SKP hatóanyagnál tapasztaltunk egyértelmű szinergizmust.

Horváth Luca

Az ovum pick-up hatása a szívfrekvencia paraméterekre szarvasmarhában

Témavezető: Dr. Vince Boglárka (Szülészeti Tanszék és Haszonállat-gyógyászati Klinika)

A transzvaginális petesejt aspiráció (másnéven ovum pick-up, OPU) a napjainkban sikeresen alkalmazott, minimál invazív petesejt gyűjtési technika szarvasmarhában. Az állattenyésztésben egyre nő az igény a genetikailag kiemelkedő, nagy teljesítményű utódok nagyszámú előállítására. Erre a célra az in vitro embrió előállítás nagyszerű lehetőség, azonban sikerességének alapvető feltétele a megfelelő mennyiségű és minőségű petesejt nyerése donor állatokból, amit az OPU-val biztosítani tudunk. Az OPU-hoz szükséges felszerelés és a technika már egy jól bevált protokoll alapján működik szarvasmarhában, ami a szakirodalom alapján nem jár káros következményekkel és többször is ismételhető, viszont az állatjóllétre gyakorolt hatásáról eddig nem rendelkezünk adatokkal.

Munkánk során a beavatkozás által kiváltott stresszhatás mérését tűztük ki célul. A stressz monitorozására a szívfrekvencia-variabilitás (heart rate variability, HRV) különböző jelzőszámait használtuk, mivel ezek jól tükrözik a vegetatív idegrendszer működését, illetve lehetőségünk van a két ág – a szimpatikus és a paraszimpatikus rendszer – aktivitásának külön vizsgálatára. A méréshez szükséges adatokat a Televet 100 nevű EKG felvevő készülékkel rögzítettük.

Kutatásunkban 4 szarvasmarhával dolgoztunk. Az első mérés során az állatok bármiféle manipulációja nélkül rögzítettük a nyugalmi EKG-t. Az elektródák állatra való felhelyezése után hagytunk némi időt az adaptációra, majd körülbelül 8-10 percig mértük a szívjeleket. Ezek az adatok szolgáltak referenciaként. Következő alkalommal az elektródák felhelyezés és az adaptációs idő után transzvaginális petesejt aspirációt végeztünk. A teljes vizsgálat alatt rögzítettük az állatok EKG-ját és feljegyeztük azokat az időpontokat amikor az állaton valamilyen beavatkozás történt: epidurális anesztézia, bélsár eltávolítása a rektumból, péra és gáttájék megtisztítása, OPU készülék hüvelybe helyezése, punkció(k) és aspiráció folyamata.

Az állatok R-R távolságai csökkentek az OPU beavatkozás során, azonban különbözőképpen reagáltak a beavatkozásra. A nyugtalanabb tehenek a második alkalommal kisebb mértékben voltak izgatottak, és ez az SDNN és RMSSD változásaival volt összefüggésben. Megfigyelhető volt az egyedi reakció, amelyet a HRV-paraméterek változásai is tükröztek.

Jandó Benedek

Halközösségek Machine Learning (ML) alapú modellezése komplex folyami élőhelyen

Témavezető: Verbőczyné Füstös Vivien (BME Vízépítési és Vízgazdálkodási Tanszék) Dr. Szűts Tamás (Zoológiai Tanszék)

Változó világunkban a biodiverzitásváltozás monitorozása elsődleges szerepet tölt be a trendek és az élőlények környezettel való interakcióinak megértésében. Nincs ez másképp a halak esetében sem, amelyek számos kiterjedt vízi életmódú taxon mellett gyakran képezik tárgyát vízi ökológiai vizsgálatoknak. Folyami élőhelyek esetén azonban a gyorsan változó és nehezen megközelíthető környezet akadályozza az átfogó mintavételt, ugyanígy a teljes közösséget lefedő modellezést is. Ebből adódóan hiányos ismeretekkel rendelkezünk a folyami halközösségek szerveződéséről.

A rendszertelen mintavétel „kifoltozására” és a komplex, összefüggő környezeti paraméterek szimultán alkalmazására jelenthetnek megoldást a Machine Learning (ML) alapú modellezési megközelítések, amelyek megfelelően képesek felismerni és alkalmazni a halak és környezetük közötti komplex kapcsolatot. Ennek ellenére folyami-hullámtéri halközösségek kiterjedt modellezésére korábban nem alkalmazták őket. Kutatásunkban a folyami-hullámtéri halközösségek kaszkádolt neurális hálókkal történő modellezéséhez javasolunk egy, a hiányos adatgyűjtést, az eltérő mintavételi módszerek torzítottságát (eDNS és elektromos halászgép), a halfajok egyenlőtlen gyakorisági eloszlását és a változó környezetet figyelembe vevő módszertani keretrendszer Európa egyik legnagyobb természetközeli állapotban megmaradt hullámterének példáján.

A változó folyami környezethez alkalmazkodva egy normál (max. 2650 m³s⁻¹) és egy árvízi (max. 6000 m³s⁻¹) lehatárolást hoztunk létre a hidrológiai háttérváltozók numerikus modellezéséhez is használt domborzati modell alapján. A minták egyenetlen térbeli eloszlása és az eltérő mintavételi módszerek miatt a tanító adatsorban szereplő, egy időben felvett mintákat a hullámtéren víztestenként, míg a főágon 2000 (peremeknél 3000) méteres szakaszonként vontuk össze. Ezzel a modellezés léptéke valamelyest igazodik a halközösségek feltételezett szerveződési léptékéhez. Annak érdekében, hogy a ritkábban előforduló fajok is megfelelően reprezentálva legyenek a modellben, a fajokat funkcionális csoportokba soroltuk. A csoportosítás nagyban meghatározza a modell későbbi alkalmazhatóságát, így kétféle grafikus módszert is kipróbáltunk. A környezet részletes leírásához időben állandóként kezelt (statikus) és időben változó (dinamikus) hidrológiai, vegetációs, tájhasználati, topografikus és a mintavételt jellemző környezeti háttérváltozókat rendeltünk a tanító adatsorhoz. A környezeti háttérváltozók főkomponens analízissel történő vizsgálata rávilágított a hullámtéri és folyami élőhelyek közötti jelentős különbségekre. Míg a főág esetében a korábbi folyami hal-élőhelypreferencia vizsgálatoknál is legjelentősebbnek megjelölt vízsebesség, vízmélység, mederanyag-összetétel változók bizonyulnak jó leíró paramétereknek, addig a heterogénebb hullámtéren a tájhasználati és vegetációs változók rajzolnak ki egy élőhelyi gradienst. Ez az éles különbség bizonyos halfajok jelenlétében is meglátszik, ami a megfelelő modell tanítást és validálást is megnehezíti.

Kutatásunk folytatásaként az eddigi tapasztalatok alapján leginkább alkalmazhatónak tűnő egyfajos kimenetű, kaszkádolt modell architektúrát és a hullámtéri-főági mintákat egyaránt tartalmazó k-szoros keresztvalidációval történő tanítást szeretnénk felhasználni egy, a lehető legjobb magyarázó erővel bíró közösségi modell megalkotására.

Kovács Bereniké Dorka

A ventromediális hipotalamikus mag gátló bemeneteinek feltérképezése az agresszív viselkedés vonatkozásában

Témavezető: Dr. Puska Gina (Zoológiai Tanszék)

Az emlőszállatok viselkedésében fontos szerepet játszanak a különböző szociális interakciók, és az ezekhez társított válaszreakciók kialakítása. A fajtárs felé irányuló barátságos viselkedések az affiliatív viselkedések, míg az egyedek érdekeinek ütközése agresszív viselkedéshez vezet. Az agresszív viselkedés szabályozásában komplex neurális háló vesz részt, melynek kulcsfontosságú tagja a hipotalamusz ventromediális magja (VMH). Bár a VMH alapvető anatómiai kapcsolatai ismertek, annak átfogó vizsgálatára, hogy általános neurokémiai jellegzetesség tekintetében milyen neuronok képzik a bemeneteit, még nem került sor. Így kutatásom céljaként ennek vizsgálatát tűztem ki.

Munkám során egy retrográdan, a terminálisoktól a sejttestek felé terjedő idegi nyomjelző anyagot, a kolera toxin B alegységet (CTB) injektáltam a VMH-ba hím egerekben. A gátló bemenetek vizsgálatára használt egértörzsben a GABA vezikuláris transzportert kifejező sejtekben egy zöld fluoreszcens fehérje is termelődik. Ezáltal konfokális mikroszkóp használatával a gátló GABA-erg sejtek fluoreszcenciáját detektálhatjuk a CTB immunhisztokémiai jelölése mellett. A kettősen jelölt neuronok számát egy elemző szoftver gépi tanuláson alapuló alkalmazásával határoztam meg.

Az eredményekből arra következtethetünk, hogy a VMH jelentős gátló bemenetet kap a szociális viselkedésekben szerepet játszó mediális preoptikus magból és laterális szeptumból, valamint az agresszív viselkedésben kulcsfontosságú anterior hipotalamuszból. Ezek mellett, félelemért, stresszválaszért és agresszióért felelős amigdala területekről számottevő serkentő projekció érkezik a vizsgált agyterületre, csakúgy, mint a kognitív funkciókban kulcsfontosságú prefrontális kéregből.

A rágcslómodellek vizsgálatából származó eredmények humán vonatkozásban is fontosak, ugyanis ezzel közelebb kerülhetünk az egyes fokozott agresszióval jellemzett kórképek hátterében álló molekuláris és neurális mechanizmusok megértéséhez.

Nagy Máté

Molekuláris ivar-meghatározási módszer fejlesztése afrikai ökörbékában (*Pyxicephalus adspersus*)

Témavezető: Dr. Szabó Krisztián, Balogh Emese (Zoológiai Tanszék)

Az afrikai ökörbéka rendelkezik heteromorf ivari kromoszómákkal, de molekuláris ivarmeghatározására még nincs kifejlesztve módszer. A fajban megfigyelhető ivari dimorfizmus, a hímek jelentősen nagyobbak, mint a nőstények, de ez csak az ivarééshez közeledve alakul ki. A genetikai markerek segítségével a juvenilis egyedek ivara is azonosítható. Ezek a markerek a hobbiállat-tenyésztők számára is hasznosak lehetnek a korai ivarmeghatározásban.

A poikilotherm gerincesek ivardetermináns régiói kevésbé konzerváltak, mint a melegvérűeké, ezért ezeknél az állatoknál gyakran előfordulhat, hogy eltérő lókusz felelős az ivardeterminációért, és még a közeli rokon fajok esetében is különbözhet az ivarmeghatározási rendszer, ezért az ivar markerek általában fajspecifikusak. Kutatásunk célja egy olcsó és egyszerűen használható PCR-alapú markerkészlet kifejlesztése volt az afrikai ökörbéka ivarmeghatározására, ami nélkülözni tudja az invazív mintagyűjtést.

A marker fejlesztéshez az NCBI adatbázisba feltöltött ökörbéka genomot használtuk. Az ivari kromoszómák illesztése során 168 potenciálisan ivarhoz kötött szakaszt azonosítottunk, melyek a markerek alapjául szolgáltak. Előzetesen 25 lókuszra terveztünk primerpárokat, amik megfelelő méretű in/del különbségeket tartalmaztak.

A tesztelés során négy markert találtunk ivarmeghatározásra alkalmasnak. A termékeket megszekvenáltuk, hogy validáljuk a referencia szekvenciával való egyezést. Mintáinkat másodlagos hasznosítás során gyűjtöttük. A tesztek izomszövetből és vérből kivont DNS minták felhasználásával végeztük el, 26 ismert ivarú (14 hím, 12 nőstény) egyeden. Az izomszöveteket juvenilis békákból, míg a vérmintákat ivarérett egyedektől gyűjtöttük, az ivart morfológiai bélyegek és szövettan alapján állapítottuk meg. A PCR-tesztek által megállapított ivar minden esetben megegyezett a fenotípusos ivarral, és a szekvenált amplikonok nem mutattak eltérést a referenciagenomtól, így kijelenthetjük, hogy a markerek ivari kötődése 100%-os.

Örkényi Zoltán

Hőstressz által indukált ivarváltásra való hajlam összehasonlítása erdei és antropogén területeken élő populációk között erdei békánál (*Rana dalmatina*)

Témavezető: Dr. Bókony Veronika (ATK Növényvédelmi Intézet)

A genotípusos ivarmeghatározású ektoterm gerincesek képesek lehetnek fenotípusos ivarukat korai életkörülményeikhez igazítani ivarváltással, melynek elméleti modellek alapján számos populációdinamikai és evolúciós következménye várható környezeti változás esetén. Azon élőhelyeken, melyek gyakran idéznek elő ivarváltást, módosulhat az ivarváltási hajlam mértéke az ivarváltott egyedek relatív fitneszének függvényében, mégis az ivarváltás adaptív értékéről és evolúciós potenciáljáról kevés adat áll rendelkezésre. Kutatásunkban „common-garden” kísérletet végeztünk erdei békákon (*Rana dalmatina*), mely faj lárvakori hőstressz hatására maszkulinizációs ivarváltással reagál.

Azt vizsgáltuk, hogy az ivarváltásra való hajlam mikroevolúciósan megváltozott-e olyan populációkban, melyek antropogén, melegebb élőhelyeken élnek, összevetve az erdős, hűvösebb környezetben élő populációkkal. Emellett, az ivarváltás adaptív értékének megítélése érdekében, összevetettünk fitneszhez kötődő jellemzőket hőhatásnak kitett genotípusos nőtények között, melyek fenotípusos hímmé (ivarváltott), illetve nőténnyé fejlődtek.

Azt találtuk, hogy az ivarváltás gyakorisága különbözött a családok között, és magasabb volt antropogén származás esetében, függetlenül attól, hogy lárválisan milyen hőmérsékleti kezelésnek voltak kitéve az állatok az ivardetermináció időszakában. A hőkezelt egyedeknél az ivarváltott és az ivarazonos nőtények lárvafejlődési ideje, illetve átalakuláskori testtömege hasonló volt, azonban előbbiek a kísérlet végére nagyobb testtömeget értek el, mint utóbbiak, megközelítve az ivarazonos hímek tömegét.

Ezen eredmények azt sugallják, hogy az ivarváltásra való hajlam megnövekedhetett antropogén élőhelyeken adaptív mikroevolúció révén, feltehetően azért, hogy csökkentse a hőstressz okozta növekedéscsökkenés fitneszköltségét. Az ivarváltás környezeti hatásra való bekövetkezése tehát adaptív stratégiát kínálhat ektoterm gerincesek számára az antropocén korszak kihívásaival szemben.

**A 2024/2025. tanévi Egyetemi Kutatói Ösztöndíj Program
ösztöndíjasai**

„Doktori hallgatók” kategória



Balogh Emese

Piretroid rovarirtószerek hatásának vizsgálata kételtűekben

Témavezető: Dr. Bókony Veronika (ATK Növényvédelmi Intézet)

A környezetbe kikerülő szennyezőanyagok képesek megváltoztatni a vadon élő állatok ivararányát ivarspecifikus mortalitás révén, de ivarváltást is előidézhhetnek a poikilotherm gerincesek korai egyedfejlődése során, melynek következtében a fenotípusos ivar nem egyezik meg az ivari kromoszómák által meghatározott genotípusos ivarral.

Bár ezeknek az ivararány-eltolódást okozó hatásoknak jelentős ökológiai következményei lehetnek, az ökotoxikológiai kutatásokban ritkán vizsgálják őket, különösen olyan irányból, amely lehetővé tenné a két mechanizmus elkülönítését. Ezért vizsgálatunkban két, a kémiai szűnyoggyérítésben gyakran használt szintetikus piretroid, a deltametrin és az etofenprox hatásait elemeztük, melyek korábbi kutatások eredménye alapján élettani és viselkedésszerű elváltozásokat okozhatnak vízi szervezetekben, azonban egyetlen tanulmány sem vizsgálta még, hogy befolyásolják-e az ivari fejlődést a kételtűekben.

Vizsgálatunk célja annak meghatározása volt, hogy a két piretroid környezetileg releváns koncentrációi milyen hatást gyakorolnak az erdei béka (*Rana dalmatina*) fenotípusos ivararányára, az ivarfüggő mortalitásra, valamint az ivarváltás előfordulására.

Terepen gyűjtött petékből nevelt ebihalakat mezokozmoszban neveltünk fel úgy, hogy a vízbe 0.03 vagy 0.3 µg /l deltametrin vagy etofenproxot adagoltunk háromszor a metamorfózisig. A négy kezelési csoportból három esetben nem tapasztaltunk szignifikáns hatást. Az alacsony koncentrációjú etofenprox kezelés esetében azonban két hónappal a metamorfózis után a fenotípusos ivararány a hímek irányába tolódott el. A molekuláris ivarmeghatározás alapján az ivararány eltolódását azonban nem ivarváltás, hanem a nőstények fokozott mortalitása okozta.

Az eredményeink rámutatnak arra, hogy az ökotoxikológiai vizsgálatokban el kell különíteni, hogy az endokrin károsító anyagok az ivarmeghatározást befolyásolják-e, vagy ivarfüggő mortalitást idéznek elő.

Dr. Boros Koppány

A metacarpalis condylusok összehasonlító mágneses rezonanciás és komputertomográfiás vizsgálata angol telivér versenylovakban

Témavezető: Dr. Nagy Annamária (Lógyógyászati Tanszék és Klinika)

Angol telivér versenylovak esetében a sportkarriert veszélyeztető, illetve katasztrofális kimenetelű végtagsérülések megelőzése kiemelt állatjólléti és gazdasági jelentőséggel bír. A hármashat metacarpalis csont condylusainak törése ezek közül is az egyik leggyakoribb és legsúlyosabb elváltozás, különösen az Egyesült Királyságban, ahol vezető okként tartják számon a galopp versenyek során bekövetkező sérülések között. A modern képalkotó diagnosztikai eljárások, különösen a mágneses rezonanciás (MRI) és komputer tomográfiás (CT) vizsgálatok, lehetőséget nyújtanak a töréseket megelőző szubklinikai elváltozások korai detektálására.

Jelen kutatás célja a metacarpalis condylusok MRI és CT megjelenésének összehasonlítása versenytréningben részt vevő angol telivérekben. A vizsgálatba 40 ló került bevonásra, akiket 2021 végétől kezdődően fél évente, öt alkalommal vizsgáltunk komplex módon. Minden vizsgálati kör állt egy fizikális vizsgálatból, valamint az elülső csüdök röntgen-, low-field MRI-, és fan-beam CT vizsgálatából. A vizsgálati protokoll része a csontszöveti sűrűség növekedésének (szklerózis) értékelése, valamint az MRI felvételek kvalitatív és kvantitatív elemzése. Eddig összesen 230 végtagon, azaz 460 condyluson végeztem el a szklerózis kiterjedésének részletes mérését MRI felvételek alapján. Jelenleg a CT felvételek objektív kiértékelése zajlik, ezt követően pedig megkezdjük a két képalkotó diagnosztikai módszer eredményeinek összehasonlítását.

A kutatás eredményei hozzájárulhatnak a metacarpalis condylusok tréninghez történő adaptációjának jobb megértéséhez, illetve a sérülésmegelőzés új lehetőségeinek kialakításához. Az eredményeket hazai és nemzetközi szakmai fórumokon, tudományos folyóiratokban és konferenciákon kívánjuk ismertetni. Egy absztraktot már be is nyújtottunk a The Hong Kong Jockey Club Equine Welfare Research Foundation 1st Translational Conference 2025 tudományos programjába.

Dr. Keve Gergő

A magyarországi madárkullancslégy állomány és az általuk közvetített kórokozók vizsgálata

Témavezető: Dr. Hornok Sándor (Parazitológiai és Állattani Tanszék)

A kullancslegyek (Diptera: Hippoboscidae) világszerte elterjedt vérszívó ektoparaziták, amely fajok többsége elsősorban madarakon táplálkozik. Zavaró jelenlétük, vérszívásuk, valamint az egyes kórokozók átvitelében játszott szerepük miatt, állategészségügyi szempontból jelentősek. Ennek ellenére, meglehetősen kevés ismeret áll rendelkezésre a madárkullancslegyek vektor szerepéről, illetve az európai fauna faji összetételéről.

Kutatásunk célja a magyarországi kullancslégyfauna és az általuk hordozott kórokozók megismerése volt. Ehhez az ország számos pontján, gyűrűzés céljából befogott madarokról távolítottunk el kullancslegyeket, melyeket aztán morfológiai és genetikai vizsgálatoknak vetettünk alá. A legyeket molekuláris módszerekkel megvizsgáltuk magas köz- és állategészségügyi jelentőségű kórokozók jelenlétére (bartonellák, piroplasmák, borreliák, ehrlichia, anaplasmák, trypanosomák).

Az eredményeink alapján, összesen kilenc faj (*Ornithomya avicularia*, *Ornithomya biloba*, *Ornithomya fringillina*, *Ornithomya chloropus*, *Ornithoica turdi*, *Crataerina hirundinis*, *Crataerina pallida*, *Icosta ardeae* és *Ornithoetona laticornis*) jelenlétét sikerült igazolni hazánkban. Ezek közül, az *O. laticornis* egy afrikai faj, amely először került kimutatásra Európában. A kórokozókat célzó vizsgálatainkat az előbbi faj kivételével, azonban egy máltáról származó *Ornithophila metallica* példánnyal kiegészítve végeztük el, összesen 253 db kullancslégyből. *Babesia*-, *Bartonella*-, *Borrelia*- és *Ehrlichia*-fajokat nem sikerült kimutatnunk, de egy feketerigóról (*Turdus merula*) származó *O. avicularia* példányból egy ezidáig csak madaraktól és kullancsoktól izolált *Anaplasma phagocytophilum* szekvencia került elő. Három *O. fringillina* példányban *Haematospirillum jordainae*-ra emlékeztető szekvenciákat fedeztünk fel. A *Trypanosomák* ssu rRNS szekvenciájának vizsgálata során öt különböző genotípus jelenlétét igazoltuk.

Az eredményeink alapján valószínűsíthető, hogy a madárkullancslegyek vektor szerepe a vizsgált bakteriális kórokozók szempontjából elenyésző Magyarországon. A trypanosomák nagy számú előfordulását, valamint más kutatók hasonló eredményeit figyelembe véve valószínű, hogy a kullancslegyek szerepe ezeknek az egysejtűeknek a terjesztésében kiemelkedő, azonban a vektor szerep bizonyítása érdekében további vizsgálatok szükségesek.

Lőrincz Eszter

Egyszerűsített és időhatékony DNS-kinyerési protokoll kidolgozása agancsból

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

Az agancsok értékes, de kihívást jelentő biológiai minták a genetikai kutatásokban, amelyek segíthetnek az orvvadászat felderítésében, az állati eredetű termékek (pl. tradicionális gyógyhatású készítmények) faji eredetének meghatározásában, valamint a populációgenetikai vizsgálatokban. Azonban sűrű struktúrájuk és jelentős mineralizációjuk megnehezíti a hatékony DNS-kivonást, ezért a módszerek optimalizálása kulcsfontosságú a magas minőségű genetikai anyag kinyeréséhez.

A kutatás során egy egyszerűsített és időhatékony DNS-kinyerési protokollt dolgoztunk ki dámszarvas (*Dama dama*, $n = 9$), őz (*Capreolus capreolus*, $n = 11$) és gímszarvas (*Cervus elaphus*, $n = 21$) agancsmintákhoz. Az agancsokat közvetlenül a koronaszélén tisztítottuk meg, majd alacsony sebességgel fúrtuk, hogy elkerüljük a DNS-degradációt. A mechanikai szöveti diszrupciót követően egy fenolos alapú DNS-kivonási módszert optimalizáltunk az érzékenység és a hozam növelése érdekében, amelyet a Qiagen által kínált standard, csontmintákhoz ajánlott DNS extrakciós protokollal is összehasonlítottunk. A Qiagen módszerrel összevetve az általunk kidolgozott protokoll magasabb DNS-hozamot és jobb minőséget eredményezett.

A kinyert DNS minőségi értékeléshez mikroszatellit alapú multiplex PCR módszert alkalmaztunk, amely sikeresen teljes DNS-profilokat eredményezett a vizsgált mintákból.

A kidolgozott módszerünk minimalizálja a feldolgozási időt (inkubálási idővel együtt összesen 6-8 óra, a feldolgozott mintaelemszámtól függően), miközben megőrzi a DNS integritását, és biztosítja a magas hozamot, mindezt relatív költséghatékony módon. Továbbá, megszünteti a hosszú dekalcfikációs idő, a csontmalom és a folyékony nitrogén használatának szükségességét.

Máté Dóra

Coronavírusok diverzitásának és gazdaspektrumának felmérésére alkalmas diagnosztikai rendszer érzékenységeinek vizsgálata és hosszú fragmensek amplifikálására alkalmas módszer kialakítása

Témavezető: Egediné Dr. Fehér Enikő (Járványtani és Mikrobiológiai Tanszék)

A világszerte elterjedt koronavírussok jelentős fenyegetést jelentenek mind humán, mind pedig állategészségügyi szempontból. Előfordulásuknak, valamint genomszintű változásainak felmérése a hatékony megelőző intézkedések bevezetésével a súlyos, járványos fertőzések megfékezését segítheti elő.

Célunk egy olyan coronavirus-specifikus, univerzális diagnosztikai rendszer kialakítása, amely a különböző nemzetségbe tartozó koronavírussok széles-spektrumú detektálására alkalmas. Ennek érdekében egy touchdown nested PCR módszerre alapuló, az RNS-függő RNS-polimeráz régió ~600 bázispár hosszú szakaszát célzó rendszert fejlesztettünk ki. A PCR detektálási küszöbének megállapításához in vitro transzkripcióval coronavirus RNS-t hoztunk létre, amit egy- vagy kétlépéses reverz transzkripciónak vetettünk alá, melyet nested PCR követett. Ehhez eltérő coronavirus nemzetségekbe tartozó izolátumokat, valamint fertőzött állatokból származó klinikai mintákat (NL63, OC43, SARS-CoV, SARS-CoV-2, fertőző gastroenteritis vírus=TGEV, járványos hasmenés vírus=PEDV, macskák fertőző peritonitis vírusa, kutya coronavirus, denevér coronavirus, fertőző bronchitis vírus) használtunk.

Összességében a random hexamerrel történő kétlépéses reverz transzkripció nested PCR-rel kombinálva bizonyult a legeredményesebbnek, 5–50 kópia/reakció kimutatási határral. Százhuszonegy ornyálmagyhártya tampon, rágókötel és herélési folyadék minta állt rendelkezésünkre sertésekből, amelyek közül 15 esetben igazoltuk coronavirus jelenlétét. Öt szekvencia megegyezett a malacok agy- és gerincvelő-gyulladását okozó hemagglutináló vírus (PHEV) szekvenciáival, míg tíz szekvencia legnagyobb hasonlóságot sertés légúti coronavirus (PRCV), valamint a TGEV szekvenciákkal mutatott. A PCR rendszer az optimalizálásához használt PEDV és TGEV mellett tehát további sertés coronavirusok kimutatására is alkalmas lehet.

Dr. Máté Marietta

Vezetési stílusok hatása az állatorvosok munkával való elégedettségére, stresszérzetére és mentális állapotára

Témavezető: Dr. Ózsvári László (Törvényszéki Állatorvostani és Gazdaságtudományi Tanszék)

A vezetési stílusok munkahelyi teljesítményre, elégedettségre és eredményességre gyakorolt hatása az utóbbi években kiemelt kutatási területté vált. Az állatorvosi hivatás összetettsége (a gyógyítás, a menedzsment és a gazdasági szempontok együttes jelenléte) különösen indokoltá teszi e tényezők vizsgálatát. A kutatás első részének célja a Magyarországon dolgozó vezető állatorvosok által alkalmazott vezetési stílusok (transzformációs, tranzakciós, passzív/elkerülő) feltárása volt, különös tekintettel az életkor, nem, vezetői tapasztalat, heti munkaórák száma és a munkatársak száma szerinti összefüggésekre. Az adatfelvétel 2024 júniusa és szeptembere között zajlott, standardizált online kérdőív segítségével, amelyet 118 vezető állatorvos töltött ki. Az adatok statisztikai feldolgozása során Cronbach-alfa mutatót, Pearson-korrelációt, lineáris regressziót, ANOVA-t és T-próbát alkalmaztunk.

A transzformációs vezetési stílus értékelése érte el a legmagasabb átlagértéket ($2,91 \pm 1,11$). Az intellektuális ösztönzés (IS) negatívan korrelált az életkorral ($r = -0,239$; $p < 0,01$), míg az egyéni figyelem (IC) dimenziója az idősebb vezetőknél magasabb értékeket mutatott. A női vezetők minden vizsgált dimenzióban magasabb pontszámot értek el, különösen az IS terén ($r = 0,374$; $p < 0,0001$). A ≥ 8 munkatársért felelős vezetők jobb mutatókkal rendelkeztek. A tranzakciós stílus közepes ($2,40 \pm 1,23$), míg a passzív/elkerülő stílus alacsony értékeket mutatott ($1,24 \pm 1,35$). A passzív hibakezelés (MBEP) pozitívan korrelált az életkorral ($r = 0,253$; $p < 0,01$) és gyakoribb volt férfi vezetők körében. A vezetési hatékonyság (EEF) tekintetében a női ($r = 0,186$; $p < 0,05$) és a ≥ 8 főt irányító vezetők kiemelkedtek.

A transzformációs vezetési stílus bizonyult a leghatékonyabbnak a magyar állatorvosi vezetők körében. A vezetési stílus célzott fejlesztése hozzájárulhat a szervezeti teljesítmény és elégedettség javításához, gyakorlati iránymutatást nyújtva a szakma számára.

A kutatás további szakaszai jelenleg is zajlanak. Célunk egy újabb felmérés elvégzése magyarországi beosztott állatorvosok körében, valamint egy németországi minta bevonásával történő összehasonlító vizsgálat, ahol a vezetési stílusok stresszre, mentális jóllétre és munkával való elégedettségre gyakorolt hatásait is elemezzük.

Dr. Nagy E. Zsófia

mRNS-LNP Mycoplasma hyorhinis vakcinajelöltek hatékonyságának in vivo vizsgálata

Témavezető: Dr. Gyuranecz Miklós (HUN-REN, Állatorvostudományi Kutatóintézet)

A Mycoplasma (M.) hyorhinis egy fakultatív patogén kórokozó, mely sertések savós hártáinak és ízületeinek gyulladását okozza. A gazdasági károk csökkentése, illetve az antibiotikum használat mérséklése érdekében elengedhetetlen lenne egy hatékony oltóanyag, azonban a vakcinás védekezésben jelenleg korlátozott lehetőségek állnak rendelkezésre. Ennek következtében célunk a pályázat időtartama alatt egy mRNS-LNP (lipid nanorészecskébe csomagolt hírvivő RNS molekulát tartalmazó) M. hyorhinis vakcinajelölt fejlesztése, illetve immunogenitásának, ártalmatlanságának és hatékonyságának in vivo vizsgálata volt.

Az in vivo vizsgálat során a vakcinázott csoport mellett egy fertőzési pozitív és egy negatív kontroll csoportot különítettünk el. A három hetes malacokat egyszeri intramuszkuláris oltással immunizáltuk, amely a szakirodalmi adatok alapján kiválasztott nyolc célfehérje mRNS-LNP konstrukciójának egyenlő arányú keverékét (25 µg/célfehérje/dózis) tartalmazta. Az állatokat hat hetes korukban intravénásan M. hyorhinis kórokozóval fertőztük. Emellett hetente vérvétel és ELISA vizsgálat történt, illetve folyamatosan rögzítettük a malacok súlygyarapodását, testhőmérsékletét, oltási reakcióit és klinikai tüneteit. A kísérlet végén, a kilenc hetes sertéseken részletes kórbonctani, kórszövettani és bakteriológiai vizsgálatokat végeztünk.

Kutatásunk eredményeképp, a klinikai és kórbonctani elváltozásokban nem találtunk különbséget a vakcinázott csoport és a pozitív kontroll között. A kórbonctani vizsgálat során vett mintákban a fertőző M. hyorhinis törzs PCR-rel és tenyésztéssel mindkét csoportban azonos arányban volt kimutatható. A fertőzést követően az ELISA vizsgálatok emelkedett M. hyorhinis-specifikus ellenanyag szintet mutattak a vakcinázott csoportban a pozitív kontroll csoporthoz viszonyítva. Emellett az immunizált csoport átlagos napi súlygyarapodása szignifikánsan magasabb értéket mutatott ($p < 0,005$) a pozitív kontroll csoporthoz képest.

Összességében, habár az oltóanyag nem nyújtott megfelelő védelmet a M. hyorhinis fertőzéssel szemben, a vakcinázott csoport átlagos napi súlygyarapodása és M. hyorhinis-specifikus ellenanyag szintje magasabbnak bizonyult. Emellett a kidolgozott modell további variációk tesztelésére is alkalmas.

Dr. Németh Krisztián

Egészséges kutyák epesavprofiljának elemzése és prebiotikumokkal való befolyásolása

Témavezetők: Dr. Sterczler Ágnes (Belgyógyászati Tanszék); Dr. Kiss Dávid Sándor (Élettani és Biokémiai Tanszék)

Bevezetés: Kutyák egyes kórképeiben a bélmikrobiom egyensúlya felborul, megemelkedik az összepesav (öES) értéke, eltolódik a primer és szekunder epesavak (ES) aránya. A szérumban öES-szint meghatározása a leggyakrabban alkalmazott májfunkciós teszt kutyában, amely megemelkedik cholestasis, vascularis májbetegségek (portosystemic vascular anomalies, PSVA), valamint intrahepaticus zavarok esetén. Fontos diagnosztikai jelentőséggel bírhat az ES-profil (EP) változásának ismerete egyes betegségekben. Kutyák esetében mindössze néhány kórképben (diabetes mellitus, heveny és idült hasmenés, ill. iatrogen cholestasis) vizsgálták az ES-mintázatot. Nincs irodalmi adat kutyában arról, hogy idült hepatitisben, PSVA-ban és következményes hepaticus encephalopathiában a magas öES milyen ES-mintázatot hordoz, annak van-e hatása a mikrobiomra, valamint, hogy a prebiotikus psyllium alkalmazása miként befolyásolja az ES-cirkulációt és az EP-t. Nem vizsgálták a táplálékfelvételnél az EP-ra gyakorolt hatását sem kutyában.

Célkitűzés: Egészséges kutyák szérumban epesavprofiljának vizsgálata kopplálás, majd etetés hatására, valamint annak megváltozásának tanulmányozása prebiotikum (psyllium) adagolását követően; ill. az LC-MS/MS validálása az EP-mérésre.

Módszerek: Állatvédelmi engedéllyel rendelkező in vivo előkísérletünkbe n=6 klinikailag igazoltan egészséges állatot vontunk be. A szérumban öES- és EP-értékeit LC-MS/MS módszerrel határoztuk meg a következő időpontokban elvégzett mintavételek után: 12 óra kopplálást követően, postprandialis (PP) 6 órán keresztül óránként, majd 2 óránként további 3 alkalommal. Két hét psylliumkezelés után megismételve az alábbi időpontokban vettünk mintát: kopplálás után, PP 1., 2., 3., 4., 6. és 8. órában.

Eredmények: A kutyák EP-jának meghatározására alkalmas analitikai módszerrel leírtuk az egészséges kutyák élettani ES-mintázatát, amely a fenti betegségcsoportok számára egy potenciális korai diagnosztikai lehetőséget biztosíthat. Az előkísérletbe bevont egyedekben a táplálékfelvétel és a psyllium hatásaival kapcsolatban megfigyeléseket rögzítettünk az EP-ra vonatkozóan. Az öES érték 2 PP csúcskoncentrációja psyllium hatására sok esetben 1-re redukálódott.

Következtetések: A primer és szekunder ES-arányok fiziológiásan is változnak; a psyllium befolyásolja a primer-szekunder ES-transzformációt és az esetek többségében megszünteti az öES-görbe második csúcskoncentrációját; az öES-szintekben jelentős egyedi eltérések jelentkeznek; az azonos molekulatömegű ES-izomerek egymástól elkülönítve kvantifikálhatóak; 3 vegyület dominál az EP-on belül; a glicinnel konjugált vegyületek mérési határ alatti koncentrációban vannak jelen a kutyák szérumban.

Köszönetnyilvánítás: Köszönet illeti a kutatócsoport minden tagját a kutatásokban való lelkes szakmai közreműködésükért, valamint Buzás Annát és Csorba Szilvesztert.

Pataki Anna

Nukleinsav megőrzési lehetőségek alkalmasságának vizsgálata circo-, gyro- és polyomavírusok előfordulásának felmérésében

Témavezető: Egediné Dr. Fehér Enikő (Járványtani és Mikrobiológiai Tanszék)

A circovírusok világszerte előforduló, számos gazdafajban megtalálható kórokozók, amelyek nemcsak a sertéseket, hanem különféle madárfajokat – háziszárnyasokat, dísz- és vadmadarakat – is fertőzhetnek.

Papagájok, kacsák, galambok, pintyek és ludak esetében ezek a vírusok gyakran immunszuppresszív hatást váltanak ki, amely fokozott fogékonyságot eredményez másodlagos fertőzésekkel szemben, és sok esetben az állatok elhullását okozhatja. A circovírusokon kívül más, egyszálú DNS genommal és Rep fehérjét kódoló génekkel rendelkező vírusokat (úgynevezett CRESS DNS vírusokat) is kimutattak madarakban, ezek patogenitása azonban még nem tisztázott. Kutatásunk célja vadon élő madarakban előforduló circovírusok és más CRESS DNS vírusok előfordulásának, gazdafaj spektrumának feltérképezése, továbbá a vírusok genetikai jellemzése.

A vizsgálatokhoz kloákatampon mintákat dolgoztuk fel. A circovírusokra és rokon vírusokra jellemző genomszekvenciák kimutatása széles-spektrumú nested PCR-rel történt, míg a teljes genomot inverz PCR segítségével amplifikáltuk. A keletkezett PCR termékek nukleotid sorrendjének meghatározására Sanger, illetve újgenerációs szekvenáló módszereket alkalmaztunk, az így nyert adatokkal bioinformatikai és filogenetikai elemzések végeztünk.

Összesen 588 vadmadár mintát vizsgáltunk, ezek közül 45-ben mutattuk ki CRESS DNS vírus jelenlétét nested PCR-rel, amit 42 esetben Sanger szekvenálással is sikerült megerősítenünk. Eddig 12 mintából jutottunk teljes circovírusgenom-szekvenciához. A filogenetikai elemzések alapján 11 vírus tartozik circovírusokhoz: hat esetben bütykös hattyúban azonosítottunk hattyú circovírust, két vándorsólyom mintában galamb circovírust, egy fehér gólyából származó mintában pedig kacsá circovírust. Emellett két új circovírust is leírtunk: egyet erdei fülesbagolyból, egy másikat gyöngybagolyból. Egy további vírusgenom a CRESS3 vírusokkal csoportosult a filogenetikai fán.

Kutatásunk következő szakaszában további vírusgenomok szekvenálását és jellemzését tervezzük. Jelenleg további kilenc inverz PCR termék áll rendelkezésre, amelyek nukleotid szekvenciájának meghatározásával újabb teljes genom szekvencia adatokat nyerhetünk.

Pitó Andor

Magyarország és a környező országok madárparazitáinak és az általuk terjesztett kórokozók vizsgálata

Témavezető: Dr. Hornok Sándor (Parazitológiai és Állattani Tanszék)

Hazánkban az elmúlt évtizedekben nemzetközileg is kiemelkedő kutatási eredmények születtek a madarak kullancsfertőzöttségének vizsgálatából. Ezek célcsoportjai főként az énekesmadarak voltak, de az elmúlt évben más madárrendeket, főképp vízimadarakat is tanulmányoztunk ebből a szempontból, és megállapítottuk, hogy a kullancsfertőzöttség mértéke az ő esetükben töredéke az énekesmadarakon tapasztalhatónak.

Legújabb kutatásunk során az anatómiai lokalizációkat vizsgáltuk meg a különböző kullancsgazda kapcsolatok esetében és statisztikai elemzést végeztünk ezek gyakoriságáról. A mintagyűjtési időszak 2023.12.10. és 2024.12.14. között volt, amelynek során 296 madárról távolítottunk el összesen 946 kullancsot. A 296 egyed összesen 41 fajhoz tartozott, amelyek közül 34 az énekesmadarak, egy a sólyomalakúak, három a bagolyalakúak, és egy-egy a tűzokalakúak, a tyúkalakúak és a lúdalakúak rendjét képviselte. Nyolc jellemző testtájékról gyűjtöttünk kullancsokat, és ezeket a gyűjtési időszak és a madárra jellemző élőhelytípus szerint hasonlítottunk össze. A vizsgálat alatt a világon először gyűjtöttünk kullancsot parlagi pityerről (*Anthus campestris*) és tűzokról (*Otis tarda*). Mindkét fajról *Haemaphysalis concinna* került elő, de több új kullancsgazda kapcsolat is felderítésre került. Az egyes kullancsfajok, a meghatározott élőhelyekhez kötődő madárfajokkal szoros kapcsolatban állnak, továbbá ezeken az élőhelyeken előforduló madárfajokon fellelhető különböző kullancsfajok jellemző predilekciós helyei között szignifikáns különbséget tapasztaltunk.

Dr. Pintér Krisztina

A *Pasteurella multocida* genotípusos jellemzése, illetve a Pasteurellaceae család néhány tagjának antibiotikum-érzékenysége

Témavezető: Dr. Magyar Tibor (HUN-REN, Állatorvostudományi Kutatóintézet)

A *Pasteurella multocida* kifejezetten nagy genotípusos változékonysággal rendelkezik, a legtöbb állatfajban változatos, jelentős gazdasági veszteséggel járó kórformák kialakítására képes. A kisállatok normál szájflóráját alkotó, a Pasteurellaceae családba tartozó további fajok (pl: *P. canis*, *P. stomatis*, *P. dagmatis*, *P. pneumotropica*) harapott sebbe való kerülése emberben is egészségügyi problémát okozhat. A gyógykezelés főként antibiotikumok alkalmazásával történik, annak sikerességét azonban nagymértékben hátráltatni tudják a multidrog-rezisztens törzsek, melyek előfordulási aránya az utóbbi években rohamosan megnövekedett.

Kutatásunk célja *P. multocida* törzsek genotípusos jellemzése, illetve antibiotikum-érzékenységi profiljának felállítása volt. Egy TDK munka keretén belül házikedvencként tartott kutyák szájnyálkahártyájáról vett mintákból a Pasteurellaceae családba tartozó törzsek előfordulásának gyakoriságát, illetve érzékenységét szerettük volna meghatározni.

Összesen 81 *P. multocida* törzssel végeztük el a fenotípusos érzékenységi vizsgálatokat (korongdiffúzió, MIC-érték meghatározás) 9 antibiotikumosztály bevonásával. A törzsek ezután teljes genom szekvenálásra (Illumina) kerültek. A kapott szekvenciák alapján meghatároztuk a törzsek burok-, szero-, szekvenciatípusát, ompA génszekvenciáját, rezisztenciagénjeit, mutációit, az integratív-konjugatív elem (ICE-Pmu) előfordulási arányát, illetve a virulenciagének előfordulási mintázatát is, mely alapján virulenciagén profilokat (VGP) állítottunk fel.

A kutatás során 13 új VGP-t határoztunk meg. A későbbi vizsgálatok során összefüggést tapasztaltunk a törzsek VGP csoportja, ompA szekvenciája, illetve az izolátumok egyéb jellemzői között, melyek elősegíthetik a kórformák dinamikájának megismerését. A fenotípusos érzékenységi vizsgálatok alapján a pasteurellosis kezelésére a cefalosporinok és a fenikolok a leghatékonyabb készítmények, de a törzsek többsége magas érzékenységgel rendelkezik a fluorokinolonokra, illetve a tetraciklinekre is. Magas rezisztencia arányt szulfametoxazol és klindamicin esetében tapasztaltunk. Összesen egy törzsnél figyeltük meg az ICE-Pmu jelenlétét. Az érzékenységi vizsgálatok eredményeit összevetve a legtöbb fenotípusos eredmény összefüggést mutatott a törzsek rezisztenciagén készletével. Azonban a szulfametoxazollal, β -laktámokkal és makrolidokkal szembeni rezisztenciaprofil többször eltért. Kutyák szájnyálkahártyájáról 75 db Pasteurellaceae családba tartozó törzset izoláltunk, melyek között legnagyobb arányban a *Frederiksenia canicola* fordult elő. Elvértve azonosítottunk *P. canis*-t, *P. dagmatis*-t, *P. stomatis*-t és *P. pneumotropica*-t. A vizsgált törzsek csökkent érzékenységgel rendelkeztek klindamicinre és eritromicinre, azonban érzékenyek voltak tetraciklinre, penicillinekre, cefalosporinokra és az enrofloxacinra is.

Dr. Szilágyi Eszter

Az anti-Müllerian hormon szérumszint fajtafüggésének vizsgálata egészséges kan kutyákban

Témavezető: Dr. Somosköi Bence (Szülészeti Tanszék és Haszonállat-gyógyászati Klinika)

Az ivari differenciáció fontos faktoraként ismert AMH hímnemben kizárólag a Sertoli sejtek, nőnemben pedig a kisebb follikulusok granulosa sejtjeinek termékeként a posztinatális életben is megjelenik a vérben, ezért szérumszintjének meghatározása jelentős diagnosztikai szereppel bír. A jelenleg rendelkezésre álló irodalom nem igazolja, illetve nem is zárja ki az AMH fiziológiás szérumkoncentrációjának fajtafüggését kan kutyában. Saját eredményeink alapján a hormon felezési idejét nem befolyásolja a vizsgált egyedek fajtája, ugyanakkor az intakt állatokat jellemző AMH szintek esetében nem zártuk ki egyértelműen a fajtafüggést. Egy előzetes vizsgálat alapján kan kutyákban a magasabb AMH koncentrációval párhuzamosan romlik a spermiumok motilitása és morfológiája, tehát a szérum AMH koncentrációja potenciális biomarkere lehet a spermatogenezisnek és így a sperma minőségének. Kanok esetében ezidáig nem közöltek eredményeket a fajtafüggés vizsgálatáról, ugyanakkor ez az információ szükséges az AMH fertilitási biomarkerként történő alkalmazhatóságának feltérképezésére. A kutatási program során egészséges kanok esetében fogjuk vizsgálni a fiziológiás szérum AMH koncentráció fajtafüggését, amely alapvetően határozhatja meg az AMH, mint szaporodásbiológiai mutató diagnosztikai értékelhetőségét.

A vizsgálatba egészséges, normál kondíciójú (BCS, kondíciópont=4-5/9), 2-5 éves kan kutyákat vonunk be, melyek spermavizsgálat, vagy ivartalanítás céljából érkeznek a kisállatklinikára. A fajtafüggés meghatározása céljából 2 kistestű (<10kg), 2 közepes testű (15-25kg), és 2 nagytestű (>30kg) fajtát, fajtánként pedig 5 egyedet fogunk a vizsgálatba bevonni. Fizikális vizsgálat, valamint a herék és a prosztata ultrahang-vizsgálatát követően, spermavételt, majd spermavizsgálatot végzünk. Utóbbi esetében a spermamotilitás számítógépes analízise (CASA) mellett mikroszkópos morfológiai vizsgálatot is végzünk, minden állat esetében vérmintát gyűjtünk, majd centrifugálás után a szérummintákat a hormonszintek meghatározásáig -86 °C-os hűtőben tároljuk. AMH szérumkoncentrációk meghatározását a Praxislab kft budapesti laboratóriumában fogjuk elvégezni.

A kérdés megválaszolása mindenképpen új eredménynek számít nem csak saját kutatásunk, hanem más kutatócsoportok eljövendő vizsgálatainak, illetve az AMH klinikai diagnosztikai alkalmazásának szempontjából is. Reményeink szerint igazolni tudjuk majd, hogy a fajták közötti különbségek kanok esetében nem haladják meg az egyedeket jellemző eltérések mértékét, így a jövőben a szérum AMH vizsgálatára irányuló kísérleteket fajtától függetlenül, vagy csak egy-egy illetve korlátozott számú fajta bevonásával tudjuk elvégezni úgy, hogy klinikailag releváns eredményeket érjünk el.

Dr. Tolnai Csenge

Antioxidáns kiegészítés hatékonyságának vizsgálata a nyugat-nílusi vírus vakcinázásra adott válaszkészségre tenyészkancákban és csikókban

Témavezető: Dr. Korbacska-Kutasi Orsolya (Takarmányozástani és Klinikai Dietetikai Tanszék)

A nyugat-nílusi vírus (West Nile virus, WNV) fertőzések okozta ló idegrendszeri megbetegedések évről évre visszatérő gondot jelentenek Magyarországon.

Korábbi tanulmányunkban az 1 év alatti csikók klinikai tünetekben megnyilvánuló WNV fertőzése esetén 67%-os halálozási arányt figyeltünk meg. Ennek oka lehet többek között, hogy a maternális védelem a fiatal állatok 4 hónapos korára jelentősen lecsökken, ezzel szemben, hazánkban a fertőzés ellen védelmet nyújtó vakcinázást csak 6 hónapos korban lehet megkezdeni, amely legkorábban 7,5-8 hónapos kortól jelent optimális védelmet. Ebben a 3-4 hónapban tehát a csikók szuboptimális védelemmel rendelkeznek a nyugat-nílusi vírussal szemben. Kutatásunkban ezt az intervallumot kívánjuk lerövidíteni a vemhes kancák megfelelően kialakított WNV elleni vakcinázási protokolljának kialakításával, illetve E-vitamin kiegészítésével, amely, mint immunstimuláns, a vakcinára adott válaszkészséget növeli. Hipotézisünk szerint az E-vitamin kiegészítésben részesülő kancák csikóiban fokozott maternális védelem alakul ki a kontroll csoporthoz képest.

Egy hazai ménesben a vemhes kancák vérével követő nyugat-nílusi vírus és egyéb endémiás orthoflavírusok elleni neutralizáló ellenanyagszintek meghatározását végeztük el, majd kezelt és kontroll csoportot alakítottunk ki, 5-5 állattal. A kezelt csoport E-vitamin kiegészítését a tervezett ellés időpontja előtt 56 nappal kezdtük meg 7500 mg/ttkg/nap dózisban. Mindkét csoportban az első vakcina beadására a tervezett ellés időpontja előtt 42 nappal, az ismétlődő oltásra 21 nappal később került sor, amellyel egy időben vérminta-vételre is sor került. Az ellés előtt további mintavétel történik a vemhes kancákból, amelyre 05.17-én kerül sor az utolsó kancából, amellyel a kutatás első részét, a vemhes kancák vizsgálatát lezárjuk. Ezt követően a levett szérum mintákból elvégezzük a nyugat-nílusi és egyéb orthoflavírusok elleni neutralizáló ellenanyagszint, illetve alfa-tokoferol szint meghatározását. Továbbá az alvadásban gátolt vérmintákból szeparált perifériás mononukleáris sejtekből a sejtes immunválasz vizsgálatát végezzük el.

Az ellést követően kezdetét veszi a kutatás második fele, a csikók vizsgálata, a mintavételek és vizsgálatok a kutatási terv szerint zajlanak tovább.

Dr. Tóth Adrienn Gréta

One-Health szemléletű orális metagenom és teljes genom szekvenálási vizsgálatok

Témavezető: Dr. Solymosi Norbert (Bioinformatikai Központ)

A szájban található baktériumok diverz életközösségeket alkotnak, melynek összetételét számos tényező befolyásolja. Ezen szájüregi baktériumok vizsgálata közegészségügyi szempontból jelentős összefüggésekre deríthet fényt. Mindazonáltal, a bakteriológiai diagnosztikában rutinszerűen alkalmazott, hagyományos, tenyésztésen alapuló vizsgálatok esetében a mintában jelen lévő baktériumoknak csak egy kisebb része detektálható. A nagy áteresztőképességű genomszekvenálási technológiák azonban lehetőséget nyújtanak az egyedi baktériumok és a bakteriom genomiális szintű vizsgálatára. Teljes genom szekvenálás (Whole Genome Sequencing, WGS) esetén egyes baktériumok genomját vizsgálhatjuk nagy részletességgel, shotgun szekvenálás alapú metagenom vizsgálatok esetén pedig a teljes bakteriom összetételébe, relatív abundanciaviszonyaiba is betekintést nyerhetünk.

A szájüregben található baktériumok a One Health szemléletmód szerint az azonos fajú élőlények mellett, könnyen terjedhetnek akár fajok között is, például kutyák és gazdáik között.

A kutyák szájüregi rezisztomáját befolyásoló tényezők vizsgálatához 1830 kutanyál-minta shotgun metagenomikai szekvenálási adatait elemeztük bioinformatikai módszerekkel, amelyet a kutyák fizikai és viselkedési jellemzőiről szóló kérdőíves adatokkal is kiegészítettük. Ennek köszönhetően fény derült a bakteriom és a rezisztóm változásaiban potenciálisan szerepet játszó tulajdonságokra.

Bár a pályázathoz kapcsolódó munka vezérfonalát a fenti kutatás adta, összesen három a témába vágó kutatás készült el. Ebből kettő a szájüregi bakteriomot alkotó egy-egy különleges baktériumtörzset (*Staphylococcus aureus* ST398, *Lawsonella clevelandensis*), egy pedig a metagenom vizsgálati eredmények egy formabontó értelmezési módját célozta.

A pályázati időszak összesen két Q1-es besorolású folyóiratban megjelent publikációval, egy bírálat alatt álló kézirattal és két nemzetközi konferenciamegjelenéssel zárult.

**A 2024/2025. tanévi Egyetemi Kutatói Ösztöndíj Program
ösztöndíjasai**

„Fiatal oktató-kutató” kategória



Dr. Berekméri Eszter

A Deiters sejtek ATP érzékenysége és a purinerg szignalizáció kiváltotta intracelluláris Ca^{2+} koncentráció emelkedés modellezése a sejtek tonotópikus sajátosságainak figyelembevételével

Zoológiai Tanszék

A halláskárosodások a leggyakoribb érzékszervet érintő megbetegedés. A hallásért felelős szervünk, a Corti-féle szerv, egy felcsavarodott csontos képlet. Vizsgálata körülményes, spirális alakja, csontos burka és az egész szervre jellemző tonotópikus felépítés miatt. A tonotópia, azaz a frekvencia szelektivitás lényege, hogy a csiga belső struktúráját felépítő elemek tulajdonságai a csigán belüli elhelyezkedésüktől függően egymástól eltérőek. Ez szinte minden Corti-szervet felépítő elemre kiterjed.

A szerv receptorsejtjeinek vizsgálata kiterjedt, ugyanakkor a szőrsejtek mellett, többféle támasztósejt is található a hallószervben, így a külső szőrsejtek alatt elhelyezkedő Deiters sejtek is. Egy Deiters sejt átlagosan 5 külső szőrsejttel áll szoros kapcsolatban, így feltehetőleg azok működésére és ezzel a hallás érzékenységének beállítására is hatással van.

Az érzéksejtekre jellemző purinerg receptorcsalád tagjai a csiga támasztósejtjein is megtalálhatóak. ATP hatására intracelluláris kalcium szintemelkedés figyelhető meg a Deiters sejtekben is, amelyek kísérletesen jól követhetők, matematikai egyenletekkel pedig leírhatók, segítségükkel lehetőségünk van prediktálni bizonyos eseményeket, ezzel a szükséges állatkísérletek számát is csökkenti. Ez különösen hasznos lehet egy olyan szerv esetében, mint a Corti-féle szerv, amelynek alakja és elhelyezkedése miatt a kísérletes megközelítés nehéz és költséges feladat.

Kutatásunk célja egy olyan matematikai sejtmodell felállítása, ami megfelelően alkalmazható a nehezen preparálható Deiters sejtek kalciumion koncentráció változásának pontosabb megismerésére, a tonotópiát is figyelembe véve.

A felállított modell validálásához, egyedi sejtek $100 \mu\text{M}$ ATP ingerlését követő kalcium szint változásait rögzítettük BALB/c egértörzsben 5 és 25 napos egerek esetében, a csiga több tonotópikus pontján. A kísérletek objektív elemzéséhez egy saját szoftvert fejlesztettünk.

Jelenlegi modellünk nagy vonalakban sikeresen reprodukálja a Deiters sejtekben ATP ingerlés hatására lezajló változásokat, ugyanakkor pontosabb molekuláris mechanizmusokkal szeretnénk még bővíteni a következő időszakban.

Dr. Dénes Lilla

Magyarországi denevérek ürülékének vizsgálata flavivírusok és pestivírusok jelenlétére

Patológiai Tanszék

A Flaviviridae család tagjai változékony RNS-vírusok, amelyek többnyire emlősöket és madarakat fertőznek. Négy nemzetség tartozik ebbe a víruscsaládba: Flavivirus, Pestivirus, Hepacivirus és Pegivirus. A Pestivirus nemzetségbe tartozó atipikus sertés-pestivírust (APPV, Pestivirus scrofae) először 2015-ben, sertések vérsavómintáiban azonosították. Több kontinensen is elterjedt, kutatócsoportunk előként azonosította hazánkban, azóta pedig nagy arányban mutatta ki hazai sertéstartó telepeken is. Az APPV a legnagyobb genetikai hasonlóságot a Scotophilus kuhlii és Rhinolophus affini denevérekből azonosított BTsK-PeV (Pestivirus S) pestivírussal mutatja, amely felveti egy esetleges közös ős jelenlétét, illetve egy korábbi gazdaváltási eseményt.

A kutatás célja hazai denevérminták szűrése flavi-és pestivírusok jelenlétére, majd ezek filogenetikai összehasonlítása a GenBank-ban található hasonló szekvenciákkal, továbbá a hazai APPV-törzsekkel. Az MTA Ökológiai Kutatóközpont Evolúciótudományi Intézetéből (ÖKEI) összesen 75, hármásával poolozott, guanó mintából kivont nukleinsav cDNS átírását követően, qPCR módszerrel vizsgáltam flavi-és pestivírusok jelenlétét. 12 minta esetében Nanopore szekvenálási módszerrel metagenom analízist végeztem, az adatok elemzése Genious szoftver alkalmazásával történt.

A 75 vizsgált mintapool qPCR-és 12 metagenomanalízise során flavi-és pestivírusok jelenlétét nem sikerült kimutatni. A metagenomanalízis során Pipistrellus pygmaeus, Eptesicus serotinus, Myotis spp., rovarvő fajokból származó mintákban, többek között Antheraea pernyi iflavirus, Varroa destructor virus 1, a 2014-ben hazánkban Pipistrellus pipistrellus guanóból azonosított Cripavirus NB-1/2011/HUN és Aedes albopictus szúnyogra jellemző Wenzhou sobemo-like virus 4 jelenlétét azonosítottuk. A denevér virome jellemzése fontos a vírusok sokféleségének megértéséhez és az állatfajok közötti vírusok áttérjedésének kimutatásához, így a jövőben elsősorban Nanopore elemzés céljából gyűjtünk mintákat.

Dr. Hoitsy Márton

Hazai akvakultúrában tenyésztett halfajok virális megbetegedéseinek vizsgálata

Egzotikusállat-, Vad-, Hal- és Méhegészségügyi Tanszék

A hazai akvakultúra és a benne tenyésztett halak jelentősége megkérdőjelezhetetlen. Nemcsak a hazai asztalokra, de külföldi piacokra is kerül a Magyarországon tenyésztett halakból. A halegészségügy jelentősége a termelés fokozódásával párhuzamosan folyamatosan növekszik. Az egyre intenzívebb haltenyésztés fokozza a betegségek előfordulásának gyakoriságát is.

Célkitűzés: A pontyfélékben, tokfélékben, harcsafélékben és pisztrángfélékben megbetegedéseket okozó vírusok jelenlétének és károkozásának, valamint az azonosított vírustörzsek genetikai diverzitásának feltérképezése.

Munkánk során ez idáig 15 halgazdaságból történt a halak mintázása. Melyek közül öt tokhalak, két halgazdaság pedig pisztrángok tenyésztésével foglalkozik. A fennmaradó helyszínek tógazdaságok, melyek fő profilja a ponty (*Cyprinus carpio*, Linnaeus, 1758). Számos esetben került kimutatásra pontyödéma vírus (CEV). A Poxviridae családba sorolt kórokozó jelentős elhullásokat okoz a pontyállományokban, a mortalitás akár a 100%-ot is elérheti vizsgálataink alapján. Tokfélék közül a vágótok (*Acipenser gueldenstaedtii*, Brandt & Ratzeburg, 1833), a szibériai tok (*Acipenser baerii*, Brandt, 1869), és a viza (*Huso huso*) került mintavételezésre. Ezekből a fajokból két olyan új vírust sikerült kimutatni, amelyek Magyarország területén eddig nem kerültek leírásra. A két vírus az Alloperpesviridae és a Mimiviridae családba tartozik.

A további mintavételezések és az ebből származó minták feldolgozása folyamatban van. Jelenleg két állatorvostan hallgató dolgozik a tokfélékből izolált vírusokon. Ezekből az eredményekből TDK munkák, majd pedig szakdolgozatok fognak készülni. Jelenleg is zajlanak a vírusok sejttenyészetben való szaporítására irányuló kísérletek. Eddigi eredményeink alapján két új, hazánkban eddig le nem írt vírust mutattunk ki, melyeknek publikálása folyamatban van. Továbbá a gyűjtött mintákból származó vírus törzsek filogenetikai összehasonlítása zajlik. Eredményeink hozzájárulnak az izolált vírusok részletesebb megismeréséhez és az ellenük való védelem eredményességéhez.

Dr. Igriczi Barbara

Rotavírusok vizsgálata sertések bélsármintáiból újgenerációs szekvenciameghatározásos módszerrel

Patológiai Tanszék

A rotavírusok (RV) a Sedoreoviridae családba tartozó kisméretű RNS vírusok, amelyek a legfontosabb hasmenést okozó vírusok közé tartoznak állatokban és emberekben egyaránt. A Rotavirus nemzetségbe kilenc faj tartozik (A–I), amelyeknek besorolása a VP6 antigéntulajdonságai alapján történik. Az RV-genom 11 szegmensből álló kettős szálú RNS-t tartalmaz és hat strukturális (VP) és öt nem-strukturális fehérjét (NSP) kódol. Az RV-k a sertéspopulációkban világszerte endémiásak. A hasmenéses tünetek kialakulásának hátterében feltehetőleg a gyomor-bél traktus vírusos eredetű gyulladásában következtében kialakuló felszívódási zavarok állnak.

Az RV-k elterjedtségének felmérése érdekében 27 hazai tünetmentes sertéstartó telepről származó 228 rágókötelminta qPCR vizsgálatát végeztük el. További 16, hasmenéses megbetegedéssel küzdő állományból 97 bélsártampon-mintát gyűjtöttünk, amelyek közül az erősen pozitív minták esetében Nanopore-alapú újgenerációs szekvenciameghatározást is végeztünk teljes RV-genomok azonosítása érdekében.

A klinikai tünetektől mentes telepek közel felén találtunk RV-pozitív rágókötelmintákat. A leggyakoribb RV fajok elkülönítésére optimalizált qPCR rendszerünk alapján a legelterjedtebb vírus az RVC (52%) volt, míg az RVA és RVB hasonló (20% körüli) prevalenciát mutatott. A bélsárminták jelentős része (89%) pozitív volt legalább egy RV fajra, amelyek közül leggyakrabban az A-t és C-t azonosítottuk, de egyes esetekben a B, a H és G típusok is előfordultak. Sikeresen meghatároztuk hazai vírustörzsek teljes genomszekvenciáját A, B, C és H törzsek esetében. Filogenetikai elemzés alapján a hazai RVA törzsek a G3–5, G9 és G11, az RVB törzsek a G16–18 és G20 és az RVC törzsek a G1 és G5–6 genotípusokba tartoztak.

A különböző RV fajokat gyakran társfertőzésben mutattuk ki az enterális megbetegedések esetében, de a vizsgált tünetmentes állományokban, szubklinikai fertőzés formájában is előfordultak. Az RV szegmensek teljes szekvenciáinak meghatározása egy fontos lépés a hazai RV-törzsek evolúciójának és genetikai változatosságának meghatározásában.

Dr. Kerek Ádám

Magyarországi nagylétszámú házityúk és pulyka állományokból izolált kommenzalista *Escherichia coli* törzsek kitejed spektrumú béta-laktamáz (ESBL) termelésének fenotípusos és genotípusos vizsgálata és annak közegészségügyi jelentősége

Gyógyszertani és Méregtani Tanszék

A kiterjedt spektrumú béta-laktamázokat (ESBL) termelő *Escherichia coli* törzsek egyre szélesebb körben való elterjedése az antimikrobiális rezisztencia globális jelentőségét húzza alá, amely komoly közegészségügyi kockázatot jelent. Az *Escherichia coli* baktérium egy széles körben elterjedt, fakultatív patogén, zoonotikus baktérium, amely kulcsszerepet játszik a rezisztencia fenntartásában és terjesztésében – különös tekintettel a kommenzalista törzsekre. Jelen kutatás célja a hazai nagylétszámú házityúk és pulykaállományokból izolált, multirezisztens *E. coli* törzsek ESBL génkészletének vizsgálata volt, különös tekintettel a gének mobilis genetikai elemeken történő hordozására. A törzsek előszűrése minimális gátló koncentráció (MIC) meghatározással, a Clinical Laboratory Standard Institute (CLSI) protokollja alapján történt, majd a β -laktamáz, illetve ESBL termelésre gyanús izolátumok leválogatása után újgenerációs szekvenálást végeztünk. A molekuláris vizsgálatok során a rezisztenciagének azonosítására és lokalizációjára bioinformatikai pipeline-t alkalmaztunk, amely lehetővé tette a gének kromoszómális, plazmid, illetve fág eredetének meghatározását, továbbá vizsgáltuk azt is, hogy azok mobilis genetikai elemként fordulnak-e elő. Eredményeink alapján a 881 izolált törzs közül fenotípusosan 420 törzs bizonyult multirezisztensnek. Az ESBL termelésre fenotípusosan gyanús törzsek aránya 6%, míg a potenciálisan β -laktamáz törzsek aránya 34% volt. A genetikai vizsgálatok igazolták, hogy az ESBL gének (CTX-M, TEM, SHV, OXA) 55,1%-a plazmidon, 18,9%-a mobilis genetikai elemeken helyezkedett el, ezzel jelentősen fokozva a horizontális génátadás kockázatát. A leggyakoribb azonosított géntípus a TEM volt, amelynek több variánsa (TEM-1, TEM-12, TEM-30, TEM-32, TEM-35, TEM-79, TEM-104, TEM-122, TEM-135 és TEM-150) is kimutatásra került.

A kutatás rámutatott arra, hogy a baromfiállományok ESBL génhordozása jelentős, és nemcsak állategészségügyi, de közvetve közegészségügyi kockázatot is hordoz. Eredményeink alátámasztják a One Health szemlélet fontosságát és az ESBL törzsek monitorozásának szükségességét a baromfiágazatban.

Dr. Kovács László

Baromfi üzemek járványvédelmi szintjének fejlesztését és az antimikrobiális készítmények felhasználásának csökkentését szolgáló komplex, telepfelmérő, értékelő és szaktanácsadó program fejlesztése

Állathigiéniai, Állomány-egészségtani Tanszék és Mobilklinika

A jelen kutatás célja a magyarországi nagylétszámú baromfitartó üzemek telephigiéniai, járványvédelmi és állathigiéniai állapotának felmérése, valamint az antimikrobiális készítmények felhasználásának csökkentése érdekében üzemre szabott fejlesztési protokollok kidolgozása volt. A kutatási terv alapján egy komplex értékelő rendszer kidolgozását kezdtük meg, amely egyesíti a biológiai biztonság (járványvédelem), az állatjóllét, az antimikrobiális felhasználás és az üzemvezetés gyakorlatának értékelését.

Komplex szakirodalmi kutatást végeztünk a kiemelt gazdasági jelentőségű, járványos baromfibetegségek különféle terjedési útjait és módjait illetően, amely során a vertikális és horizontális különféle betegségek-átviteli módokat az egyes vírusos és bakteriális kórokozók esetében értékeltük.

A Biocheck.UGent kérdőív, az AWIN állatjólléti protokoll, valamint az ADKAR Partage rendszer kombinált alkalmazásával 24 hizlalópulyka-üzem állapotát mértük fel.

Az elvégzett vizsgálatok során szoros összefüggést volt kimutatható a gazdaságban alkalmazott járványmegelőzési intézkedések színvonala és az adott telepen lévő állományok állatjólléti mutatói között. Kiemelten fontosnak bizonyultak a telepszervezés, az egységek közötti kontrollintézkedések, a takarítási-fertőtlenítési gyakorlatok, valamint a személyi beléptetés protokolljai. Az elvégzett statisztikai vizsgálatok megerősítették, hogy a fejlettebb biológiai biztonsági szintek jobb állatjólléti eredményekkel társulnak. Eredményeink alátámasztják a szakirodalmi megállapításokat, melyek szerint a fertőző betegségek megelőzésének alapját a szigorú járványvédelmi intézkedések, állathigiéniai protokollok és a rendszeres állomány-egészségügyi monitorozás képezik.

A kutatás jelen fázisa alapján egyértelmű, hogy a nagylétszámú baromfiüzemek járványvédelmi színvonala és az alkalmazott járványvédelmi protokollok közvetlen hatással vannak, nemcsak az állomány egészségére és az állatjóllétre, hanem az antimikrobiális szerek felhasználására is. A jövőbeli fejlesztések során az egyedi, telepi intervenciók protokollok kidolgozása és implementálása tovább csökkentheti a fertőző, járványos baromfibetegségek előfordulásának kockázatát, és hozzájárulhat az "Egy Egészség" stratégia célkitűzéseinek megvalósításához.

Dr. Mackei Máté

A hőstressz hatásainak és potenciálisan protektív anyagok alkalmazási lehetőségei

Élettani és Biokémiai Tanszék

A hőstressz az intenzív állattenyésztés egyik legsúlyosabb gazdasági és állategészségügyi problémája, különös tekintettel a baromfi- és sertéstartásra. A hőterhelés sejtszintű következményei közé tartozik a hősokkfehérjék (HSP-k) fokozott expressziója, a gyulladásos mediátorok szintjében bekövetkező változások, valamint az oxidatív homeosztázis zavara. Vizsgálatunk célja a kurkuma (*Curcuma longa*) és gyömbér (*Zingiber officinale*) mikroőrleményekből készült kivonatok sejtvédő potenciáljának értékelése volt primer csirke- és sertés eredetű hepatocita kultúrákban, hőstressz-indukált körülmények között.

Csirke hepatocitákban a kurkuma mikroőrlemény alkalmazása szignifikáns változásokat eredményezett, melyek alapján a HSP27 és HSP90 fehérjék koncentrációjának növekedése, valamint a HSP70 szintjének csökkenése adaptív proteosztatisz válasz aktiválódására utal. Emellett a kurkuma kezelés jelentősen fokozta az interleukin IL-6, IL-10, IFN- γ és M-CSF szintek emelkedését is, ami az immunológiai válaszok modulációjára és a regeneratív folyamatok támogatására enged következtetni. Ezzel szemben a gyömbér mikroőrlemény hatása korlátozottabb volt: a legtöbb vizsgált paraméter esetében nem észleltünk szignifikáns eltérést, kivéve a RANTES fehérje szintjének enyhe emelkedését. Sertés eredetű hepatocitákon végzett előkísérleteink eddigi eredményei alapján a csirkében tapasztalt tendenciákhoz hasonló mintázatot figyeltünk meg. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy a kurkuma mikroőrleményből származó bioaktív vegyületek potenciálisan kedvező molekuláris válaszokat indukálnak hőstressz körülményei között mind csirke-, mind sertésszármazású májsejtekben.

Összességében eredményeink rávilágítanak a kurkuma mikroőrlemény alkalmazásának lehetőségére a hőstressz sejtszintű káros hatásainak mérséklésében, és újabb tudományos alapot szolgáltatnak a fitogén alapú takarmány-kiegészítők fejlesztéséhez, mely a jövőben mind takarmányozástani, mind állategészségügyi szempontból fontos szereppel bírhat.

Dr. Szakos Dávid

Laboratóriumi húsok összehasonlító elemzése más alternatív fehérjeforrásokkal fogyasztói kockázateszlelés és fenntartható fogyasztási szempontok alapján

Alkalmazott Élelmiszertudományi Tanszék

Az élelmiszerlánc környezeti fenntarthatóságát fokozódó tudományos, szakpolitikai és fogyasztói érdeklődés övezi. A növekvő népesség növekvő fehérjeigényt támaszt, amely a korlátozott környezeti erőforrások mellett élelmezésbiztonsági kihívást jelent. Napjainkban több lehetséges alternatív fehérjeforrás érhető el, köztük már a laboratóriumi húsok is. Az alternatívák értékelésekor élelmiszerlánc-biztonságot, a gazdasági, valamint a társadalmi szempontokat is szükséges figyelembe venni.

Kutatásunk célja, hogy a fogyasztói szempontok bemutatásán keresztül támogassuk a szakmai párbeszédet. A vizsgálat összehasonlító megközelítéssel feltérképezte a magyar lakosság kockázateszlelését és preferenciáit a húsfogyasztással, valamint az alternatív fehérjeforrásokkal – köztük növényi alternatívákkal, rovarfehérjével és laboratóriumi hússal – kapcsolatban.

A Nébih kérdőíves felmérésben 1003 felnőtt korú magyar válaszadó vett részt, a kvantitatív minta reprezentatívnak tekinthető nemek, életkorcsoportok és NUTS-2 régiók szerinti lakóhely alapján. Az adatokat statisztikai próbák segítségével elemeztük az SPSS szoftver használatával.

Az eredmények alapján a konvencionális hústermékekhez, illetve kínálatban már hosszabb ideje megtalálható, a fogyasztók által jobban ismert és elfogadott termékekhez – például a szója vagy zöldborsó alapú alternatívák – képest a laboratóriumi húst a felmérés résztvevőinek jelentős része kétkedéssel fogadta és elutasította (átlagosan 1,74-es osztályzat 1-5-ig tartó skálán; referencia termékként a csirkehús preferenciája 4,53-as osztályzatot kapott). A legjelentősebb ellenérv a laboratóriumi húsokkal szemben a hagyományos húsok kedveltsége, a hazai agrárium védelme, valamint a laboratóriumi hús természetellenessége volt. Az eredmények alapján a laboratóriumi hús fogyasztásával szemben a férfiak (1,92-es osztályzat), a 18-29 év közöttiek (2,14-es osztályzat) és a fővárosban lakó (1,85-ös osztályzat) válaszadók szignifikáns mértékben ($p < 0,01$) kevésbé elutasítóak.

A kutatás eredményei támogatják a lakossági kockázatkommunikáció tervezése során, valamint a szakpolitikai döntések előkészítéséhez is hasznos támpontot nyújthatnak.

Dr. Szilasi Anna

A nukleáris faktor-kappa B (NF-kB) jelenlétének és szerepének vizsgálata hisztopatológiai és molekuláris biológiai módszerekkel macskák egyes daganataiban

Patológiai Tanszék

Ma már jól ismert, milyen szoros ok-okozati kapcsolat lehet egy krónikus gyulladásos folyamat és a tumorgenesis megnövekedett kockázata között a szervezetben belül. Ezt először Rudolf Virchow vetette fel 1863-ban, amit aztán kísérletekkel később alá is támasztottak. Egészen az 1990-es évekig kellett azonban várni, hogy a gyulladás során keletkező cytokinek, chemokinek, növekedési faktorok, valamint maguk a gyulladásos sejtek szerepét pontosabban feltérképezzék a neoplasztikus folyamatokban.

Az onkológiai kutatásokban a fentiek miatt kulcsszerep jut a gyulladás molekuláris mechanizmusainak vizsgálatának daganatképződés során, ezen belül is a nukleáris faktor-kappa B-nek (NF-kB-nek), amit először perzisztens fertőzések okozta idült gyulladás, később tumorképződés kapcsán vizsgáltak humán hepatocellularis carcinoma és colitis-asszociált rák megbetegedésekben. Az NF-kB fehérjének szerepe van az apoptózis gátlásban, sejtproliferáció elősegítésben, metasztázis képzésben, terápia rezisztencia kialakításában többek között.

Tekintettel a szerteágazó hatásmechanizmusra, az NF-kB fehérjék gátlása hatásos antitumor-terápia lehet a sebészeti ellátás, kemo- és sugárterápia mellett.

Sok tumortípus esetén a kutyák megbetegedése nagyon hasonlít az emberéhez kórszövettanilag és biológiai viselkedésben, ami alkalmas modellt teszti ezt a fajt. Ennek megfelelően számos kutatás irányult az NF-kB fehérjék jelenlétére és szerepére pl. hematopoieticus tumorok (lymphoma, leukaemia), hemangiosarcoma, melanoma, emlőmirigy tumorok, glioma és prosztata rák esetén.

Ezek a kutatások mindeddig hiányoznak az állatorvosi szakirodalomból macskák daganatainak kapcsán. Az eddigiek során az NF-kB fehérjék szerepét csak az injekció indukálta sarcomákban (FISS – feline injection site sarcoma) vizsgálták, és a kapott eredményeket felhasználták egy lehetséges terápiás szer, egy NF-kB-inhibitor (DHMEQ – dehydroxymethylepoxyquinomicin) lehetséges alkalmazásának in vitro tanulmányozására.

Kutatásunk során, az irodalmi áttekintést, valamint az anti-NFkB p65 antitest immunhisztokémiai protokolljának beállítását követően, kigyűjtöttük a Patológiai Tanszék adatbázisa alapján a 2020 január-2025 március között érkezett szövettani minták közül a légyszöveti sarcoma, lymphoma, mastocytoma, haemangiosarcoma, pajzsmirigy carcinoma és apocrin adenocarcinoma diagnózisú mintákat (kb. 300 minta). Jelenleg a minták feldolgozása (immunhisztokémiai festése, 1:1000 hígítással) zajlik, majd ezt követően kerülnek kiértékelésre QuPath analitikai szoftver segítségével. Vizsgálatunk során a p65 gén transzlokációját vizsgáljuk a cytoplazmából a sejtmag irányába.



A 2024-2.1.1-EKÖP-2024-00018 számú projekt a Kulturális és Innovációs Minisztérium Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból nyújtott támogatásával, a 2024-2.1.1-EKÖP pályázati program finanszírozásában valósult meg.