

Állatorvostudományi Egyetem
Egzotikusállat- és Vadegészségügyi Tanszék

A szarvasmarha-gümőkór erdei rezervoárjának vizsgálata

PhD értekezés

Dr. Csivincsik Ágnes

2018

Témavezető:

Dr. Baska Ferenc
Állatorvostudományi Egyetem
Egzotikusállat- és Vadegészségügyi Tanszék

Készült 8 példányban. Ez a számú példány.

dr. Csivincsik Ágnes

TARTALOM

1.	BEVEZETÉS.....	11
2.	IRODALMI ÖSSZEFOGLALÓ	12
2.1.	A gümőkór jelentősége	13
2.2.	A vadállományban előforduló gümőkór jelentősége.....	13
2.3.	A <i>One Health</i> megközelítés kialakulása.....	15
2.3.1.	A <i>One Health</i> módszertanának ismertetése.....	15
2.3.2.	A <i>One Health</i> módszertanának alkalmazása a szarvasmarha-gümőkór tanulmányozása során	18
2.3.3.	A <i>One Health</i> módszertanának alkalmazása a szarvasmarha-gümőkór elleni védekezés során	21
2.4.	A gümőkór-fertőzöttség monitorozása a vadállományban	23
2.4.1.	A jogszabályi háttér és a szabályozás hiányosságai.....	23
2.4.2.	Lehetséges surveillance-módszerek	24
2.4.2.1.	A vadhús-vizsgálatra alapozott surveillance	24
2.4.2.2.	A ragadozó vadfajok kórbonctani és bakteriológiai vizsgálatán alapuló surveillance	25
2.4.2.3.	Kiegészítő adatok elemzése	26
2.5.	Célkitűzések.....	27
3.	ANYAG ÉS MÓDSZER.....	28
3.1.	A vizsgált terület.....	28
3.1.1.	A Zselic	30
3.1.2.	Belső-Somogy.....	31
3.1.3.	Külső-Somogy.....	32
3.1.4.	A Kelet-Zalai-dombság.....	33
3.1.5.	A Drávasík	33
3.2.	Első vizsgálat: Az erdei környezetben fennmaradó gümőkór monitorozására alkalmas állatfajok meghatározása	34
3.2.1.	A mintavétel módszere.....	35
3.2.2.	Laboratóriumi vizsgálat	35

3.2.3. Statisztikai módszerek	36
3.3. Második vizsgálat: A megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat diagnosztikai értéke a vadállományban előforduló gümőkór járványtani felmérése során.....	36
3.4. Harmadik vizsgálat: A vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának boncolására alapozott monitoring diagnosztikai értékelése.....	37
3.4.1. Statisztikai módszerek	38
3.5. Negyedik vizsgálat: A vaddisznó lehetséges járványtani szerepének vizsgálata a Dél-Dunántúl régióban	39
3.5.1. Statisztikai módszerek	40
3.6. Ötödik vizsgálat: A gímszarvas lehetséges járványtani szerepének vizsgálata a Dél-Dunántúl régióban	41
3.6.1. A vizsgált terület.....	41
3.6.2. A mintavétel módszere.....	41
3.6.3. Laboratóriumi vizsgálat	42
3.6.4. Statisztikai módszerek	42
3.7. Hatodik vizsgálat: Az egyes ökoszisztéma-elemek járványtani kockázatának vizsgálata.....	42
3.7.1. Parazitológiai vizsgálatok.....	43
3.7.2. Statisztikai módszerek	45
4. EREDMÉNYEK.....	46
4.1. Az erdei környezetben fennmaradó gümőkór monitorozására alkalmas állatfajok meghatározására irányuló vizsgálat eredményei.....	46
4.2. A megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat diagnosztikai értékének meghatározására irányuló vizsgálat eredményei	51
4.3. A vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának boncolására alapozott monitoring diagnosztikai értékelésére irányuló vizsgálat eredményei	54
4.4. A vaddisznó lehetséges járványtani szerepének meghatározására irányuló vizsgálat eredményei	59
4.5. A gímszarvas lehetséges járványtani szerepének meghatározására irányuló vizsgálat eredményei	61

4.6. Az egyes ökoszisztéma-elemek járványtani kockázatának meghatározására irányuló vizsgálat eredményei.....	63
5. MEGBESZÉLÉS	68
6. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK.....	86
7. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK.....	88
8. ÖSSZEFOGLALÁS.....	89
9. SUMMARY	90
10. IRODALOMJEGYZÉK	91
11. A DOKTORI KUTATÁS EREDMÉNYEINEK KÖZLÉSEI	111
12. A DOKTORI KUTATÁS TÉMÁJÁHOZ NEM KAPCSOLÓDÓ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	114
13. MELLÉKLET	118
14. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	128

Ábrák jegyzéke

1. ábra: A One Health szemléletmód lényegét magyarázó ábra a davosi Global Risk Forum honlapjáról	18
2. ábra: A vizsgált területek térképe.....	29
3. ábra: Jellegzetes zselici erdő: dombvidéki gyertyános-tölgyes	30
4. ábra: Égerláp Belső-Somogyban.....	32
5. ábra: Tarvágás a Drávasíkon	33
6. ábra: Gümőkórra gyanút keltő elváltozás – gennyes tályogképződés – dóm májkapui régiójában.....	46
7. ábra: Gennyes tartalommal telt tályog dámszarvas tüdejében.....	47
8. ábra: Apró gümőkóros góc dámszarvas tüdejében	47
9. ábra: Gím bélfodri tályog	49
10. ábra: Gennyes beolvadás gím tüdejében	49
11. ábra: Gyöngykór gímszarvasban.....	50
12. ábra: Apró gócok vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában.....	50
13. ábra: Féloldali gennyes-meszes heregyulladás vaddisznóban	51
14. ábra: Vaddisznó áll alatti nyirokcsomói: a bal oldali, kiboncolás után látható	52
15. ábra: Meszes elváltozás vaddisznó májkapui nyirokcsomójában, mely tapintás és rámetészés nélkül nem vizsgálható	52
16. ábra: Ritkán észlelhető kórbonctani kép: generalizált gümőkór vaddisznóban.....	53
17. ábra: Apró, gennyesen beolvadt góc vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában.....	55
18. ábra: Apró, gennyes tályogok vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában.....	55
19. ábra: Elsajtosodott tályogok vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában	56
20. ábra: Elmeszesedett gümőkóros góc vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában	56
21. ábra: Alig észrevehető meszes gócok vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában	57
22. ábra: Az áll alatti nyirokcsomóban észlelhető, gümőkórra gyanút keltő elváltozások és a bakteriológiai vizsgálattal kimutatható fertőzés populáción belüli arányainak összefüggése az endémia magterületén élő vaddisznókban.....	58
23. ábra: Etetőhely az „A kertben”: az aljnövényzet és az avar teljes hiánya jelzi a vaddisznó nagy populáció-sűrűségét	59
24. ábra: Tüdőféreg-fajok (<i>Metastrongylus spp.</i>) okozta fertőzöttség vaddisznóban.....	64
25. ábra: <i>Macracanthorhynchus hirudinaceus</i> fertőzöttség vaddisznóban	64

26. ábra: Az egyes ökológiai tényezők és a vaddisznók áll alatti nyirokcsomójának
kórbonctani vizsgálatával nyert prevalencia összefüggései.....67 és MELLÉKLET

Táblázatok jegyzéke

1. táblázat: Az egyes erdei fajokban tapasztalható kórbonctani és bakteriológiai prevalancia (2014–2016.)	48
2. táblázat: A megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat és a rámetés diagnosztikai értéke a vaddisznóban végzett gümőkór-monitoring során (2015–2017.)	53
3. táblázat: Gümőkórra gyanút keltő elváltozások és <i>Mycobacterium caprae</i> baktérium kimutatása vaddisznó áll alatti nyirokcsomóiból (2010-2014.)	54
4. táblázat: Az áll alatti nyirokcsomóban észlelhető, gümőkórra gyanút keltő elváltozások és a bakteriológiai vizsgálattal kimutatható fertőzés populáción belüli arányainak összefüggése az endémia magterületén élő vaddisznókban	57
5. táblázat: Az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatára alapozott surveillance bakteriológiai vizsgálathoz viszonyított érzékenysége és specifikusságának meghatározása	58
6. táblázat: Gümőkórra gyanút keltő elváltozások vizsgálata vaddisznó áll alatti nyirokcsomóiban, különböző élőhelyeken (2010–2016.)	60
7. táblázat: A különböző élőhelyeken élő gímszarvas-populációkban kimutatható fertőzési prevalenciák összehasonlítása a különböző <i>Mycobacterium</i> -fajok tekintetében (2008–2014.)	62
8. táblázat: A vaddisznó áll alatti nyirokcsomóinak kórbonctani vizsgálata öt Somogy megyei vadászterületen (2011–2016.)	63
9. táblázat: A vizsgált területeket jellemző, járványtani szempontból fontosnak minősített környezeti tényezők	65

Rövidítések jegyzéke

ÁDI	Állat-egészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság
AIDS	Acquired Immune Deficiency Syndrome
BCG	Bacillus Calmette-Guérin
DNS	dezoxiribonukleinsav
EFSA	European Food Safety Authority
EGK	Európai Gazdasági Közösség
EK	Európai Közösség
FM	Földművelésügyi Minisztérium
FVM	Földművelésügyi és Vidékfejlesztési Minisztérium
MAC	Mycobacterium avium complex
MAP	Mycobacterium avium ssp. paratuberculosis
MDR	multi-drug resistant
MgSzH	Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal
MPH	macrophage
MTC	Mycobacterium tuberculosis complex
NÉBIH	Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal
NTM	non-tuberculous Mycobacteria
PCR	polymerase chain reaction
SARS	Severe Acute Respiratory Syndrome
VM	Vidékfejlesztési Minisztérium
WAAVP	World Association for the Advancement of Veterinary Parasitology
WHO	World Health Organization
ZN	Ziehl-Neelsen

1. Bevezetés

Hazánk szarvasmarha-állománya 1980. óta mentesnek tekinthető a szarvasmarha-gümőkórtól, amelyet 2014-ben az Európai Unió is elismert. Európában jelenleg 12 tagállam rendelkezik hivatalosan elismert mentes státusszal, ám az egész kontinensen tapasztalható az újr fertőződő szarvasmarha-állományok számának kismértékű emelkedése. Ennek hátterében a vadállományban előforduló, és egyes területeken egyre nehezebben kezelhető gümőkór-fertőzöttség áll. Hazánkban jelenleg két olyan területet ismerünk, ahol a *Mycobacterium (M.) caprae* okozta gümőkóros fertőzöttség folyamatosan kimutatható a vadállományból: a Dunazug-hegység és a Dél-Dunántúl, azon belül is elsősorban a Zselic.

A kórokozó vadállományban is bizonyított jelenléte ellenére következetes, az állat-egészségügyi hatóság által irányított, a gümőkór-rezervoár fajokat vizsgáló, átfogó monitoring rendszert kevés európai ország működtet. Hazánkban az MgSzH Központ által 2010-ben kiadott szakmai útmutató írja elő a vaddisznó-állomány folyamatos vizsgálatát, a megyénkénti vaddisznó-populáció átlagos sűrűsége alapján meghatározott mintaszámokkal.

Továbbra sem ismert azonban, hogy a hazai természeti környezetben mely fajok válhatnak a fertőzöttség fenntartóivá, illetve mely fajok lehetnek alkalmasak a járványtani helyzet monitorozására.

Vizsgálataimat az egyik ismert hazai endémiás terület, a Dél-Dunántúl vadállományában végeztem. Munkám során három szarvasféle (*Cervidae*), továbbá a vaddisznó (*Sus scrofa*) és két kutyaféle (*Canidae*) ragadozó fajban határoztam meg a gümőkórra gyanút keltő kórbonctani elváltozások, valamint a *M. caprae* fertőzöttség populáción belüli arányát. Meghatároztam, hogy mely fajokban milyen mértékű összefüggés figyelhető meg a kórbonctani elváltozások és a tényleges fertőzöttség populáción belüli arányai között; a patás nagyvadak esetében pedig megvizsgáltam, hogy a jelenlegi vadhúsvizsgálati gyakorlat alkalmas lehet-e az endémiás területek monitorozására.

A gümőkór endémia lehetséges okainak felderítésére összefüggéseket kerestem a fertőzési prevalencia alakulása és egyes környezeti tényezők változásai között. Ehhez a „One World – One Health” („Egy Világ – Egy egészség”) járványtani szemléletmód multidiszciplináris vizsgáló módszereinek alkalmazásával próbáltam meghatározni olyan környezeti tényezőket, amelyek valamilyen hatást gyakorolhatnak a szarvasmarha-gümőkór fertőzöttség fennmaradására.

2. Irodalmi összefoglaló

A szarvasmarha-gümőkór kórokozói a *M. bovis* és a *M. caprae* (korábbi rendszertani besorolása szerint *M. bovis subsp. caprae*), a *Mycobacterium tuberculosis* komplexbe tartozó fajok (Aranaz és mtsai., 2003), amelyek az embert is képesek megbetegíteni (Prodinger és mtsai., 2005; Thoen és mtsai., 2009; 2016; Varga és mtsai., 1999; Varga és Tekes, 2007).

A szarvasmarha-gümőkór kórokozóinak evolúciója, a molekuláris diagnosztikai vizsgálatokon alapuló számítás szerint, kb. 13000 évvel ezelőtt vált el az emberi gümőkört okozó baktériumtörzsekétől. Ez a folyamat egyidejűleg zajlott a mezőgazdálkodás és az állattenyésztés elterjedésével, illetve a humán populáció első nagyobb expanziójával, ami új niche-eket nyitott a kórokozó számára, új gazdafajok felé terjeszkedhetett (Wirth és mtsai., 2008).

A gümőkór kórokozói valószínűleg sokáig nem hagyták el az ember környezetét és elsősorban a házasított fajokat fertőzték. Az ember azután ezekkel hurcolta szét a világ szinte minden tájára a betegséget, amely a járványtani számítógépes modellek tanúsága szerint, az elmúlt 150 év során kerülhetett a természeti környezetbe, az egyes vadpopulációkba (De Garine-Wichatitsky és mtsai., 2013; Miller és Sweeney, 2013).

A betegség legismertebb, legrégebben kutatott rezervoár faja a borz (*Meles meles*), amely a Brit szigetek szarvasmarha-állománya számára jelent folyamatos járványtani kockázatot. Az első angliai borzeset leírása óta számos tanulmány született, amely a gümőkórjárvány dinamikájával, a kezelési lehetőségekkel, illetve a borzok jelentette járványtani kockázat elemzésével foglalkozik (De Garine-Wichatitsky és mtsai., 2013; Hancox, 1997; Humblet és mtsai., 2009; Varga és mtsai., 1999).

Európán kívül az Egyesült Államokban a fehérfarkú szarvas (*Odocoileus virginianus*), Kanadában az amerikai bölény (*Bison bison*) és a vapiti (*Cervus canadensis*) (Miller és Sweeney, 2013; Okafor és mtsai., 2011.), Afrikában elsősorban a kafferbivaly (*Syncerus caffer*) (Cross és mtsai., 2009; De Garine-Wichatitsky és mtsai., 2013), Új-Zélandon pedig a közönséges rókakuzu (*Trichosurus vulpecula*) és a házi görény (*Mustela putorius furo*) (Caley és Hone, 2004; De Garine-Wichatitsky és mtsai., 2013; Humblet és mtsai., 2009) fertőzésfenntartó szerepe bizonyított.

Az európai kontinensen elsősorban a vaddisznó (*Sus scrofa*) (Beltrán-Beck és mtsai., 2012; Meng és mtsai., 2009; Tenguria és mtsai., 2011; Vicente és mtsai., 2013) tekinthető a kórokozó fenntartójának, ám egyes szerzők felhívják a figyelmet a szarvasfélék (*Cervidae*) fertőzésfenntartó szerepére is (Castillo és mtsai., 2011; Gortázar és mtsai., 2012; Martín-

Hernando és mtsai., 2009; Shury és Bergeson, 2011; Schoepf és mtsai., Vicente és mtsai., 2013; 2012; Zomborszky és mtsai., 1992; 1995;).

2.1. A gümőkór jelentősége

A gümőkór (tuberkulózis) – a szerzett immunhiányos tünetegyüttes (AIDS) és a malária mellett – az emberiséget veszélyeztető legfontosabb és a legtöbb halálozásért felelőssé tehető fertőző betegségek egyike. A világon kb. 2 milliárd gümőkórral fertőzött ember él; évente mintegy 9 millió új esetet diagnosztizálnak, amelyek hátterében, 480.000 esetben multidrog-rezisztens (MDR) kórokozó mutatható ki. A tuberkulózis évente a világon 1,5 millió beteg halálát okozza (WHO, 2014; 2015).

Bár az emberi tuberkulózis megbetegedések hátterében, még a fejlődő országokban is, csak ritkán mutatható ki a szarvasmarha gümőkór kórokozója (Gortázar és mtsai., 2007; Katale és Mbugi, 2012; Prodinger és mtsai., 2005; Tenguria és mtsai., 2011), a – főként a tejfogyasztó gyermekeket érintő – extrapulmonális gümőkór leküzdésének egyik alappillére volt a szarvasmarhák rendszeres szűrése, illetve a fogyasztói tej hőkezelésének általánossá tétele (Kankya és mtsai., 2010; Muehlenbein, 2013; Varga és mtsai., 1999).

A múlt század során Európa és Észak-Amerika országaiban sikeres mentesítési programokat hajtottak végre a szarvasmarha gümőkór ellen, aminek köszönhetően a fejlett országok szarvasmarha-állománya gyakorlatilag mentessé vált a kórokozótól (Varga és mtsai., 1999). Ennek ellenére a szarvasmarha-gümőkór elleni védekezés évente mintegy 3 milliárd USD veszteséget okoz a világ mezőgazdálkodóinak (Schiller és mtsai., 2010). A szarvasmarha állományokban korábban sikeresen alkalmazott módszer, a rendszeres tuberkulin-vizsgálat, a pozitív egyedek eltávolítása, diagnosztikai vágása már nem teszi lehetővé a fertőzött állományok megbízható mentesítését, illetve a mentesség tartós fennmaradását azokon a területeken, ahol a fertőzés endémiás a vadállományban.

2.2. A vadállományban előforduló gümőkór jelentősége

A szakirodalmi adatok alapján megállapítható, hogy a szarvasmarha állományok gümőkór elleni mentesítésének és a mentesség fenntartásának legfőbb veszélyeztető tényezője Európában a vadállományokban előforduló gümőkóros fertőzöttség (Beltrán-Beck és mtsai., 2012; Castillo és mtsai., 2011; De Garine-Wichatitsky és mtsai., 2013; Gortázar és mtsai., 2012; Humblet és mtsai., 2009; Meng és mtsai., 2009; Richomme és mtsai., 2010; Varga és Tekes, 2007; Zomborszky és mtsai., 1992). Mindezt Európa valamennyi olyan országában felismerték, ahol a múlt században elért eredmények rendre veszélybe kerültek a szarvasmarha-állományok sporadikus visszafertőződése következtében (EFSA, 2009;

Fernandez-de-Mera és mtsai., 2009; Gortázar és mtsai., 2006; Gortázar et al., 2007; Schöning és mtsai., 2013).

A kórokozó vadállományban is bizonyított jelenléte ellenére következetes, az állat-egészségügyi hatóság által irányított, a gümőkór rezervoár fajokat vizsgáló, átfogó monitoring rendszert kevés európai ország működtet (Gortázar és mtsai., 2012). Hazánkban az MgSzH Központ által 2010-ben kiadott szakmai útmutató írja elő a vaddisznó-állomány folyamatos vizsgálatát (MgSzH, 2010).

Bár a vadállomány gümőkóros fertőzöttsége elhanyagolható élelmiszerlánc-biztonsági kockázatot jelent a vadhúsfogyasztók számára (Santos és mtsai., 2010), de a legeltetett állatállományokat érintő járványtani kockázat, illetve az ezen át ható, közvetett élelmiszerlánc-kockázat miatt szükséges nyomon követni a vadállományban zajló járványokat. Emellett nem képzelhető el hatékony védekezési stratégia kidolgozása megfelelő adatgyűjtés nélkül, aminek alapját képezheti a vadpopulációk rendszeres, átfogó vizsgálata (Gortázar és mtsai., 2007; Karesh és mtsai., 2012; Martin és mtsai., 2011; Miller és Sweeney, 2013; Schiller és mtsai., 2010; 2011; Schoepf és mtsai., 2012; Schöning és mtsai., 2013, VanderWaal és mtsai., 2017).

A természeti környezetben élő állatfajokat is érintő, széles gazdaspektrumú fertőző betegségek tanulmányozása ma már elképzelhetetlen az ökológiai összefüggések és az azok háttérében álló gazdasági, társadalmi, kulturális befolyásoló tényezők megértése nélkül. Ezt az összetett, több tudományág vizsgáló módszereit alkalmazó járványtani megközelítést „Egy Föld – Egy egészség” (angolul: *One World – One Health*, röviden: *One Health*) kezdeményezésnek nevezik. Vizsgálataim során igyekeztem felhasználni a *One Health* újszerű szemléletmódját, ezért röviden összefoglalom a kialakulásáról, a munkamódszereiről és a gümőkór-rezervoárok kutatásában történő használhatóságáról a szakirodalomban összegyűlt ismereteket.

2.3. A *One Health* megközelítés kialakulása

Az emberek és az állatok gyógyításának tudománya a XIX–XX. század során elvált egymástól, amit az egyes szakterületek specializációja még tovább mélyített. Azonban a XXI. század első éveiben zajló súlyos közegészségügyi kockázatot jelentő járványok, mint a SARS (*Severe Acute Respiratory Syndrome*: súlyos heveny légzőszervi tünetegyüttes) és a H5N1 vírus okozta madárinfluenza, felhívták a figyelmet a szemléletváltás szükségességére: a közegészségügyi és állat-egészségügyi szakemberek együttműködésének és folyamatos kommunikációjának fontosságára (Zinsstag és mtsai., 2009; 2012).

A kedvezőtlen járványügyi tapasztalatok nyomán sorra alakultak az elsősorban orvosokat és állatorvosokat tömörítő szakmaközi szervezetek (*One Health Commission, One Health Initiative*). Ezek tudományos eredményei megerősítették azt a korábbi vélekedést, hogy a zoonózisok terjedésének egyik oka a természeti környezetnek az emberi tevékenység hatására történő megváltozása. Ez a felismerés tette szükségessé a természeti környezet tanulmányozásával és kezelésével foglalkozó tudományterületek szakembereinek bevonását azokba a multidiszciplináris munkacsoportokba, amelyek a zoonózisok tanulmányozására alakultak. Új tudományágak születtek, mint a „természetvédelmi orvostudomány”, „környezeti és ökológiai járványtan”, amely elnevezések már kifejezik az egyes szakterületek ötvöződését (Daszak és mtsai., 2004; Gortázar és mtsai., 2007).

2.3.1. A *One Health* módszertanának ismertetése

Az emberiség és a természet viszonya a történelem során több nagy átalakuláson ment keresztül. Ezek a fertőző betegségek történetét is alakították; amelyben négy nagy korszak különíthető el. Az első, kb. 10000 évvel ezelőtt kezdődött; ez a korai mezőgazdasági települések létrejötte a történelem előtti időkben, amikor az ember még folyamatos kapcsolatban állt a természeti környezetben megtalálható kórokozókkal. A második az ókori eurázsiai civilizációk korszaka, amely kb. 2000–3000 évvel ezelőtt kezdődött, amikor az emberiség városokban telepedett le és kereskedelem, valamint háborúk révén elterjesztette betegségeit. A harmadik az európai expanzió korszaka az elmúlt öt évszázad során, amikor a gyarmatosítások révén, az Európában endémiás betegségeket az európai ember új földrajzi területekre juttatva, végzetes kimenetelű járványokat okozott a meghódított területek őslakosai között (pl.: himlő, kanyaró, tífusz). A negyedik korszak napjainkban zajlik, amely a nagymértékű urbanizációval és globalizációval jellemezhető (McMichael, 2004).

Az emberiség, fejlődése során, jelentős mértékben átalakította a környezetet, amiben élt (Beldomenico és Begon, 2010; Kovats és Butler, 2012). Ez a folyamat a jelenben felgyorsult: az emberiség növekedése és viselkedésének változása kedvezőtlenül hatott a fertőző betegségek járványtanának alakulására (Muehlenbein, 2013). Az emberi populáció látványos növekedése szükségessé tette a természeti erőforrások hatékonyabb kihasználását, nagy területek bevonását az intenzív mezőgazdasági termelésbe, városépítésbe és iparosításba (Gordon, 2009; Karesh és mtsai., 2012; Liverani és mtsai., 2013). Ezek a folyamatok azt eredményezték, hogy a korábban zavartalan ökoszisztémákban – az élőlényeket, élettelen környezetüket és ezek kapcsolatait magába foglaló ökológiai rendszerekben – megjelent az ember, visszaszorult a természetes növénytakaró, ami a természeti környezet biológiai elszegényedéséhez vezetett (Kovats és Butler, 2012; McFarlane és mtsai., 2012; 2013). A természetes ökoszisztémák feldarabolódtak (fragmentálódtak) azáltal, hogy az eredeti ökoszisztémától eltérő felépítésű területek (utak, mezőgazdasági területek) ékelődtek az összefüggő területbe. Fajaik számának csökkenése pedig leromlásukat (degradációjukat) okozta (Martin és mtsai., 2011; Muehlenbein, 2013; Pásztor és Oborny, 2007). Az így átalakult, ökológiailag egyszerűbb felépítésű környezetben csak az ehhez jól alkalmazkodó fajok találnak megfelelő élőhelyet (Bradley és Altizer, 2006; McFarlane és mtsai., 2012). Az ilyen fajok az emberi környezet által nyújtott új ökológiai niche-eket – a környezeti tényezők által meghatározott, adott populáció fennmaradását biztosító élettereket – elfoglalva agresszíven terjeszkednek, kiszorítva az adott területre jellemző őshonos fajok nagy részét (Pásztor és Oborny, 2007). Ezt a jelenséget az ökológia tudománya niche invázióknak nevezi. Az inváziós fajok populációi nagy méretet és sűrűséget érhetnek el az ember környezetében és fertőző betegségek hordozói lehetnek (McMichael, 2004; Muehlenbein, 2013).

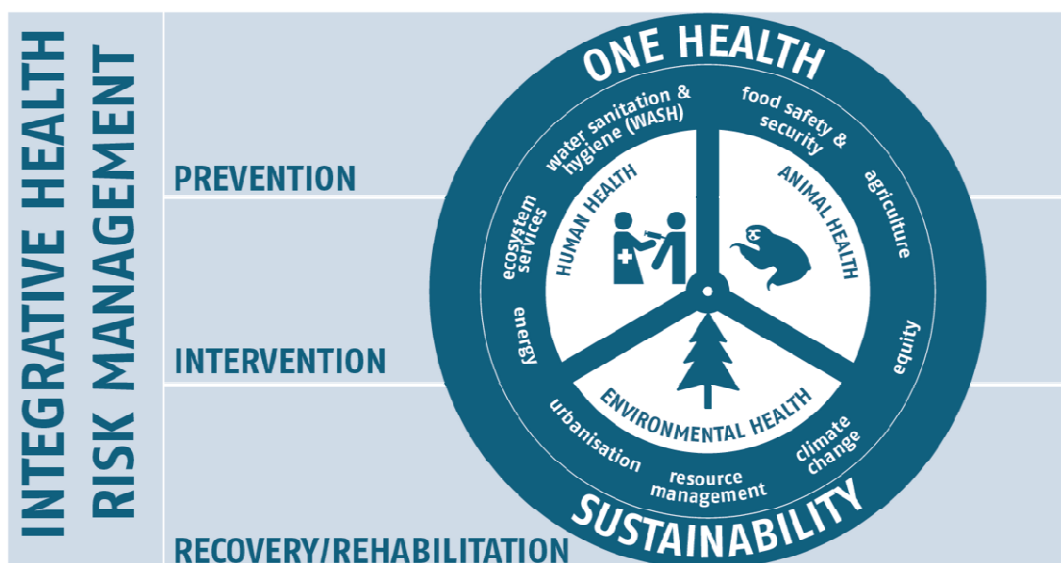
A biodiverzitás csökkenésének, a természetvédelmi elértéktelenedésen túl, van egy járványtani következménye is. A niche invázió során kiszoruló őshonos állatfajok között lehet több olyan is, amely egy adott fertőző betegségre fogékony ugyan, de nem valódi fenntartója a betegségnek. Az ilyen fajok az egyensúlyban levő ökoszisztémákban a kórokozó-populáció egy részét elvonják a fenntartó gazda populációjától, de nem képesek azt továbbadni; a bennük megtelepedő kórokozók mintegy zsákutcába kerülnek. Ezt a jelenséget a biodiverzitás hígító hatásának, az ezt előidéző fajokat hígító gazdáknak nevezi az ökológiai járványtan. Ez a hígító hatás a magyarázata annak, hogy a kórokozók a biológiai szűkülő ökoszisztémákban kiterjedt járványokat képesek előidézni (Bradley és Altizer, 2006; Martin és mtsai., 2011; McMichael, 2004; Muehlenbein, 2013; Tompkins és mtsai., 2011). Áttételesen erre a hígító hatásra szolgáltat bizonyítékot az a tény is, hogy a fertőző

betegségek valódi rezervoárjai között egyetlen veszélyeztetett állatfaj sincs, hanem legtöbbször agresszíven terjeszkedő, invazív fajok töltenek be rezervoár-szerepet (Gortázar és mtsai., 2007; 2012; McFarlane és mtsai., 2013).

A természeti környezet degradációja és fragmentációja a legszembetűnőbb a városi ökoszisztémákban. Az urbanizáció jelenlegi ütemét tekintve valószínűsíthető, hogy az emberiség kétharmada 30 éven belül városokban fog lakni. Ezzel párhuzamosan a vidéki területek elnéptelenednek, a városok pedig hatalmas méreteket öltve olyan területekre kénytelenek terjeszkedni, amelyek ma még természetes, vagy természeteshez közelálló ökoszisztémák, vagy mezőgazdasági területek. Ezáltal a hatalmas méretű és sűrűségű emberi populációknak otthont adó városok közvetlen kapcsolatba kerülnek az elszegényített ökoszisztémában élő vadállománnyal (Bradley és Altizer, 2006; McMichael, 2004; Meng és mtsai., 2009). Ez a folyamat azt eredményezi, hogy a vidéki mezőgazdasági területek már nem képeznek pufferzónát a városok és a természeti környezet között, nem akadályozzák a kórokozók szabad áramlását a városi környezet és a vadállomány között (Gordon, 2009; Martin és mtsai., 2011).

A fenti jelenséget tovább súlyosbítja az ember megnövekedett mobilitása, amely által a nagy földrajzi távolságok elkülönítő hatása csökken, az emberiség-kórokozó-rezervoár találkozások száma nő (Kovats és Butler, 2012). A nagy távolságokra történő, gyakori állatszállítások szintén jelentősen növelik a fertőző betegségek elhurcolásának veszélyét (Kareish és mtsai., 2005; Liverani és mtsai., 2013; Martin és mtsai., 2011; Stuart és mtsai., 1988.).

A One Health szemléletmód lényege tehát, hogy az emberiséget fertőző járványokat nem elszigetelt eseményekként, hanem éppen az emberiség tevékenysége következtében kialakuló kedvezőtlen történések eredményeként vizsgálja. A járványok kezelését nem a közvetlen ok megszüntetésétől, hanem a teljes folyamat megértésétől és a valós kiváltó okok kezelésétől, lehetőség szerinti mérséklésétől reméli.



1. ábra A One Health szemléletmód lényegét magyarázó ábra a davosi Global Risk Forum honlapjáról (<http://onehealth.grforum.org/about/about-one-health/>)

2.3.2. A *One Health* módszertanának alkalmazása a szarvasmarha-gümőkór tanulmányozása során

A gümőkór vadpopulációkban való megtelepedésének okaira az egyes esetek elemzése kapcsán következtethetünk. A legtöbb esetben egyértelműen azonosítható az emberi környezet-átalakító tevékenység és az ennek következtében kialakult biodiverzitás-vesztés hatása (Bradley és Altizer, 2006; Hawley és Altizer, 2011; Kovats és Butler, 2012). A brit, az észak-amerikai és az afrikai járványok létrejöttében a dinamikus növekvő emberi populáció hatolt be a később rezervoárrá váló fajok élőhelyeire; ahol a háziállatokkal zsúfolt mezőgazdasági ökoszisztémához legjobban alkalmazkodó vadfajok populációi egyeduralmukodóvá váltak a módosult niche-ben. A háziállatok és a későbbi rezervoárfajok élőhelyei fedésbe kerültek, ami lehetővé tette a közvetlen és közvetett kontaktusok létrejöttét, a fertőzés átadását mindkét irányba (Caron és mtsai., 2013; De Garine-Wichatitsky és mtsai., 2013; Miller és Sweeney, 2013).

Az európai patás nagyvad-populációk az intenzív vadászati kezelés, a kiegészítő takarmányozás, mesterséges itatás, bekerítés és vadtelepítés, a nagyragadozók visszaszorítása következtében a legeltetett háziállat-állományokhoz hasonló szerkezetűvé váltak, hozzájárulva környezetük biodiverzitás-vesztéséhez (Castillo és mtsai., 2011; Pásztor és Oborny, 2007; Vicente és mtsai., 2007a). A járványvédelem azonban lényegesen nehezebb, tekintettel arra, hogy a vad táplálkozása, szaporodása, mozgása, sőt állomány nagysága az ember által kevésbé befolyásolható (Gortázar és mtsai., 2007; Martin

és mtsai., 2011). Ugyanakkor ezek az állatfajok nagyon jól tűrik az ember jelenlétét, kihasználják az emberi környezet nyújtotta lehetőségeket, pl. a mezőgazdasági kultúrákban hozzáférhető táplálékabőséget állományuk növelésére (Gortázar és mtsai., 2007; Rosell és mtsai., 2012; Schoepf és mtsai., 2012).

A közvetlen emberi hatáson túl, az utóbbi évtizedekben számolnunk kell egy közvetett hatással is. Az évi középhőmérséklet növekedésével megváltozott az erdei életközösségek működése is. Az egyébként lassú fejlődésű, makktermést adó faállományok (európai bükk; *Fagus sylvatica* és tölgy-fajok; *Quercus spp.*) növekedése felgyorsult, így korábban érik el a termőképes kort (Somogyi, 2008), illetve gyakoribbá váltak a jó makkhozamú évek. Ez utóbbi jelenséghez a – szintén emberi hatásra bekövetkező – légköri nitrogénszint emelkedés is hozzájárul (Övergaard és mtsai., 2007). Az említett fafajok mind termésükkel, mind vegetatív részeikkel jelentős mértékben hozzájárulnak az európai patás nagyvadak táplálékbázisához, ezen keresztül pedig populációik fennmaradásához, növekedéséhez (Katona és mtsai., 2007; Rosell és mtsai., 2012; Vicente és mtsai., 2007). A klíma melegedésének másik hatása a vadállományban a szaporulat felnevelési biztonságának fokozódása, így az utódállomány nagyobb arányú túlélése (Geiser és Reyer, 2005).

A vaddisznó- és gímszarvas-állományokban tapasztalható gümőkór fertőzöttségi prevalenciáról a jelenleg elfogadott nézet az, hogy az elsősorban a populáció sűrűségétől függ (Beltrán-Beck és mtsai., 2012; Castillo és mtsai., 2011; Gortázar és mtsai., 2008; Santos és mtsai., 2009; Vicente és mtsai., 2007b). Az intenzív vadgazdálkodási kezelésből adódó hatások, így az etető- és itatóhelyek körüli átmeneti csoportosulás, illetve minden egyéb, csoportosulást előidéző tényező jelentős mértékben megnöveli a fertőző találkozásokat számát (Beltrán-Beck és mtsai., 2012; Benavides és mtsai., 2012; Castillo és mtsai., 2011; Gortázar és mtsai., 2008; Schöning és mtsai., 2013). Az egyes nagyvad-populációkban megfigyelhető, a vadászati kezelés hatására bekövetkező beltenyésztési leromlás mind a fertőződés valószínűségét, mind a kórlefolyást kedvezőtlenül befolyásolja, így ez a jelenség is hozzájárul az intenzíven tartott állományok fertőzésfenntartó szerepéhez (Acevedo-Whitehouse és mtsai., 2005; Muehlenbein, 2013).

A patás nagyvad-populációkban előforduló egyéb betegségek szintén befolyásolhatják a gümőkóros fertőzés megeredését és lefolyását is. Az afrikai kafferbivalyokban végzett vizsgálatok szerint a makroparazitákkal (gyomor-bélférgekkel) is fertőzött gümőkóros egyedek mortalitása jelentősen megnő (Jolles és mtsai., 2008). Ennek feltételezhető oka, hogy a férgek indukálta Th2 immunválasz gátolja a Th1 sejtek működését, ezáltal a gümőbaktériumokra adott immunválaszt (Ezenwa és Jolles, 2011;

Jolles és mtsai., 2008). Hasonló jelenséget figyeltek meg a közönséges májmétellyel (*Fasciola hepatica*) fertőzött szarvasmarhák tuberkulinvizsgálata során, ahol a makroparaziták gátolták a késői típusú túlérzékenységi reakció kialakulását (Claridge és mtsai., 2012; Flynn és mtsai., 2007). Héjj és mtsai a paraziták ellentétes hatásáról, feltételezhető mycobacterium-közvetítő szerepéről, a májmételyes állományokban előforduló tuberkulinreakciók magasabb számáról számolnak be 1968-ban megjelent írásukban (Héjj és mtsai., 1968).

A parazitózisok e látszólagos negatív hatása a populáció szempontjából kedvező, mert éppen a gümőkórral fertőzött egyedek elhullása a legnagyobb mértékű (Beldomenico és Begon, 2010; Ezenwa és Jolles, 2011). Ez a jelenség az ökológiai interferencia: az egyik kórokozóval való fertőződés elvonja az egyedet a másik kórokozó iránt fogékony egyedek csoportjából, ezzel csökkentve az állományon belüli terjedés valószínűségét ((Jolles és mtsai., 2008). Nem egyértelmű azonban ez az előny a teljes ökoszisztéma szempontjából. Az ökológiai interferencia révén a gazdapopulációból kieső egyedek fertőzőközvetítő szerepe megmaradhat a dögevő szervezetek (Beltrán-Beck és mtsai., 2012), illetve a moribund egyedeket fogyasztó ragadozók irányában (Caley és Hone, 2004; Cross és mtsai., 2009).

A nagy sűrűségben tartott, az ember által szabályozott ivar- és korösszetételű állományokban megnőhet a stressz immunszuppresszív szerepe (Beldomenico és Begon, 2010; Zomborszky és mtsai., 1992, 1995), amelyet tovább mélyíthet az emberi környezettel való folyamatos érintkezés, ezáltal egyes egyedek, úgynevezett szuperürítőkké válnak és hozzájárulnak mind az állományon belüli, mind a fajok közötti terjedéshez (Gordon, 2009; Hawley és Altizer, 2011).

A sűrű vadpopulációk környezetében élő lebontó szervezetek – amelyek az elpusztult növényi és állati maradványok szerves anyagait egyszerűbb anyagokká alakítják, ilyenek pl. a földigiliszták, ganajtúró bogarak – felvehetik és átmenetileg akkumulálhatják az életképes baktériumokat (Fischer és mtsai., 2003; Hancox, 1997). Mind a földigiliszták, mind pedig a bogarak lárvái jelentős összetevői mind a vaddisznó, mind a borz táplálékának, így esetleges fertőzőközvetítő szerepükkel számolni kell. Különösen ott, ahol magasabb a talaj szervesanyag-tartalma, így intenzíven tartott állatállomány, vagy intenzív művelésű mezőgazdasági kultúrák környezetében, számítani lehet nagyobb mértékű előfordulásukra (Baubet és mtsai., 2003; Hancox, 1997).

2.3.3. A *One Health* módszertanának alkalmazása a szarvasmarha-gümőkór elleni védekezés során

Az észak-amerikai gümőkór-rezervoárok kutatása során szerzett tapasztalatok alapján, számítógépes modellezéssel becsülhető, hogy ha egy adott területre behurcolják a szarvasmarha-gümőkórt a szabad tartású állatállományba, mintegy 10% az esélye annak, hogy az megtelepszik a környezetben is. A vadállományból történő mentesítés pedig gazdaságilag lehetetlen. A gümőkór elleni védekezés egyetlen ilyen sikertörténete a minnesotai fehérfarkú szarvas populáció mentesítése volt, amikor is az érintett terület szarvas-állományát 55%-kal csökkentették intenzív vadászattal, folyamatos surveillance mellett, amíg a fertőzés már kimutathatatlaná vált. Mindez négy évig tartott és 86 millió USD összeget emésztett fel (Miller és Sweeney, 2013).

A vadállomány ilyen drasztikus apasztása Európában nem valósítható meg, illetve az európai tapasztalatok éppen azt sugallják, hogy a gyérítés inkább felerősíti a járványokat az érintett területek szomszédságából bevándorló fogékony egyedek által (Bolzoni és mtsai, 2007). Az állomány-apasztással történő védekezés kizárólag olyan helyeken lehet eredményes, amelyek a rezervoár fajok számára áthatolhatatlan természetes vagy mesterséges határokkal körülvették, így ökológiai értelemben szigetnek tekinthetők (Acevedo és mtsai., 2013).

A vadállományban előforduló gümőkór járványtanával foglalkozó európai kutatók megegyeznek abban, hogy a teljes mentesség nem elérhető cél (Beltrán-Beck és mtsai., 2012; Caron és mtsai., 2013; Gortázar és mtsai., 2008; More és mtsai., 2009), ugyanakkor a betegség folyamatos jelenléte veszélyezteti a háziállat-állományokban zajló védekezési programok sikerét (De Garine-Wichatitsky és mtsai., 2013; Gortázar és mtsai., 2007; Humblet és mtsai., 2009; Varga és Tekes, 2007).

A tényleges és a potenciális rezervoárfajok ökológiájának, a fertőződés dinamikájának megismerése elengedhetetlenül fontos a megfelelő védekezési programok kidolgozásához. Mindenhol alkalmazható, egységes módszertan nincs, mert minden ökoszisztémában más-más összefüggések irányítják a rezervoár működését (Gortázar és mtsai., 2012; Richomme és mtsai., 2010).

Minden védekezési program alapja a szisztematikus surveillance kell, hogy legyen (Gortázar és mtsai., 2007; Karesh és mtsai., 2012; Martin és mtsai., 2011; Miller és Sweeney, 2013; Schiller és mtsai., 2010; 2011; Schoepf és mtsai., 2012; Schöning és mtsai., 2013; VanderWaal és mtsai., 2017). A surveillance során nem csupán az egyértelmű rezervoárfajt kell vizsgálni, mert az egyes fajok járványtani szerepe dinamikusan változhat a változó környezetben, és folyamatos nyomon követés hiányában nem lehet meghatározni

azt a pillanatot, amikor egy adott faj fenntartóvá válik (Humblett és mtsai., 2009; Miller és Sweeney, 2013). A surveillance megtervezése és eredményének kiértékelése multidiszciplináris munkacsoportok létrehozását igényli, amelyekben az állat-egészségügyi szakembereken kívül részt vesznek ökológusok, erdészeti és vadászati szakemberek, statisztikusok is (Daszak és mtsai., 2004; Gortázar és mtsai., 2007; Nielsen és mtsai., 2012).

A vad- és háziállat-populációk közötti, bármely irányú, fertőződés megakadályozásához meg kell határozni az érintett fajok élőhelyének pontos kiterjedését, hogy meghatározhatóak legyenek azok az állattartási szabályok, amelyek biztosítják a fertőző találkozások létrejöttének hatékony megakadályozását (Caron és mtsai., 2013; Castillo és mtsai., 2011; Gortázar és mtsai., 2007).

2.4. A gümőkór-fertőzöttség monitorozása a vadállományban

2.4.1. A jogszabályi háttér és a szabályozás hiányosságai

A szarvasmarha-állományok gümőkór mentesítésének, a mentesség fenntartásának és ellenőrzésének jogi alapjait a 64/432/EGK tanácsi irányelv (Irányelv) határozza meg (European Council, 1964). Ennek elveit építették be a tagállamok saját joganyagukba, így a szarvasmarha gümőkór elleni védekezés alapelvei Európa szerte egységesek. Az Irányelv alapján alkotott hazai gümőkór-rendelet részletes szabályozást tartalmaz a szarvasmarhák elvégzendő vizsgálatok kivitelezésére, az eredmények kiértékelésére, a mentessé minősítés, illetve a szarvasmarha egyedek kereskedelmi forgalomba bocsátásának feltételeire. A nem szarvasmarha fajba tartozó állatok gümőkórjára vonatkozó szabályozást csak az ember környezetében élő állatokra fogalmaz meg, de ez esetben is csak a megállapított fertőzés igazgatási kezeléséről rendelkezik, az állományok minősítéséről, a fertőzés megelőzéséről nem (FVM, 2002).

A vadon élő kérődző állatokra vonatkozó szabályozást a 92/65/EGK tanácsi irányelv tartalmazza. Ez az egyes vadon élő állatok tagállamok közötti kereskedelmi forgalomba bocsátásának állat-egészségügyi feltételeit írja elő, amely a gümőkór vonatkozásában a kérődző fajokra nézve tartalmaz szabályozást, míg pl. a vaddisznó fajra nem (European Council, 1992), annak ellenére, hogy a vaddisznó gümőkór-rezervoár szerepe több európai tagállamban is bizonyítást nyert (EFSA, 2009; Gortázar és mtsai., 2011; Martin és mtsai., 2011; Martín-Hernando és mtsai., 2007; Naranjo és mtsai., 2008; Santos és mtsai., 2010).

Az egyetlen hazai jogforrás, amely egyértelmű és egyúttal korszerű szemléletű szabályozást tartalmaz a vadállományban előforduló gümőkóros fertőzöttség felderítésére, a „Szakmai útmutató a szarvasmarha-állományok gümőkór-mentességének ellenőrzésére irányuló vizsgálatok végrehajtására”, amely előírja a vaddisznóállomány folyamatos monitorozását, valamint meghatározza a monitoring keretében megynként gyűjtendő mintaszámot (MgSzH, 2010)

A tuberkulin-vizsgálat elsősorban a szarvasmarha fajra standardizált, szarvasfélékre, egyéb vadon élő fajokra nincs jogszabályban is rögzített protokoll. Az új-zélandi szakemberek által kidolgozott módszer, amellyel a gümőkór modellkísérletekben mesterségesen fertőzött egyedeket vizsgálják, különbözik az Irányelvben a szarvasmarhákra előírt módszertől (Griffin és mtsai., 2006), illetve nem is életszerű a vadállományokban az élő egyedek vizsgálatára alapozott surveillance-rendszer alkalmazása.

Míg a szarvasok megbízható gümőkór-vizsgálatának kidolgozását több forrás is sürgető célként tűzi ki (EFSA, 2008; More és mtsai., 2009), addig a vaddisznó-állományok vizsgálatára a jelenleg ismert egyetlen megbízható módszer a lőtt egyedek kórbonctani vizsgálata, azonban ennek hatékony kivitelezését leíró módszertani útmutató nem készült (EFSA, 2009).

2.4.2. Lehetséges surveillance-módszerek

More és munkatársai (2009) munkájukban azt elemzik, hogy a szarvasfélék gümőkór-fertőzöttségének biztonságos vizsgálatára nem alkalmas a szarvasmarhákra kidolgozott egységesített módszertan, hanem mindig az adott járványtani helyzethez alkalmazkodó, eredmény-orientált, többféle – különböző elven működő – tesztet tartalmazó vizsgálati rendszereket szükséges alkalmazni a cél érdekében (More és mtsai., 2009; VanderWaal és mtsai, 2017).

A vadállomány átfogó, rendszeres vizsgálata olyan módszerek alkalmazásával megvalósítható, amely egyrészt az elejtett vad kórbonctani vizsgálatán alapul; másrészt olyan nem invazív módszer, amely a vizsgált ökoszisztéma zavarása nélkül szolgáltat járványtani jelentőséggel bíró adatokat.

2.4.2.1. A vadhús-vizsgálatra alapozott surveillance

Adott földrajzi régióban a szabad tartású állatállományokat veszélyeztető járványügyi kockázat becslésére alkalmas lehet a vadhús-vizsgálatok eredményeinek folyamatos nyomon követése, értékelése, valamint a kórbonctani (hús-) vizsgálattal gümőkórra gyanúsított elváltozások bakteriológiai laboratóriumi feldolgozása (Chiari és mtsai, 2014; Schoepf és mtsai., 2012).

A vadhúsvizsgálaton alapuló monitoring legjelentősebb korlátozó tényezője, hogy a vadhúsvizsgálatot többnyire nem állatorvosok, hanem képezített vadhúsvizsgálók végzik, akik munkájuk során elsősorban megtekintéssel, esetleg tapintással vizsgálnak, így csak a szabad szemel, rámetzés nélkül is jól látható elváltozásokat vesznek észre nagy biztonsággal (Európai Parlament és Tanács, 2004; Stärk és mtsai., 2014). Amennyiben rendellenességet tapasztalnak, állatorvos közreműködését kérik a vizsgálathoz (VM, 2011). A húsvizsgálati alapelvek várható változásai – a tapintáson és rámetzésen alapuló vizsgálat mellőzése a megtekintéses vizsgálat javára – tovább csökkenthetik a megtalált gümőkóros esetek számát, még az állatorvosok által végzett húsvizsgálatok során is (EFSA, 2013; Európai Parlament és Tanács, 2004; Hill és mtsai., 2014). A vadfajokban előforduló gümőkór ritkán

okoz több szervet is érintő, kiterjedt elváltozást, tapintás és rámetzés nélkül nehéz észrevenni a gyanút keltő kórbonctani elváltozásokat.

A gümőkóros elváltozások jelentős része nem szembetűnő: szarvasféléknél a garat mögötti, a mellkasi, esetleg a májkapui (Griffin és mtsai., 2006; Schoepf és mtsai., 2012; Zanella és mtsai., 2008), vaddisznóban az áll alatti nyirokcsomókban találhatunk elváltozásokat (Martín-Hernando és mtsai., 2007; Santos és mtsai., 2009; Vicente és mtsai., 2006), és azt is sokszor csupán a nyirokcsomók felmetzésével és tüzetes vizsgálatával (Martín-Hernando és mtsai., 2007; Naranjo és mtsai., 2008; Schoepf és mtsai., 2012). A legtöbb lőtt vadtest a vadfeldolgozóban kerül először húsvizsgáló állatorvos szeme elé. A vaddisznók esetében ilyenkor még hozzáférhetőek az áll alatti nyirokcsomók, szarvasok esetében azonban a fej már hiányzik, így a garat mögötti nyirokcsomók már nem vizsgálhatók. A testüregi szervek mindkét állatfaj esetében hiányoznak (VM, 2011).

Az élelmiszer eredetű, emberi gümőkóros megbetegedés nagyon ritka, ezért a vadhúsvizsgálat érzékenységeinek csökkenése – a jelenlegi európai járványtani körülmények között – nem növeli jelentősen az élelmiszer-biztonsági kockázatot. Ez a tapasztalat vezette a jogalkotókat a vadhúsvizsgálati módszertan átalakítására, a megtekintésen alapuló húsvizsgálat minél szélesebb körű terjesztésére. Bár a változtatás csökkenti annak kockázatát, hogy az elváltozások rámetzésekor fertőző anyag kerüljön az állati test egyéb részeire, ugyanakkor ezzel lemondunk arról a lehetőségről, hogy a természeti környezetben jelen levő, a teljes élelmiszerláncot érintő gümőkórkockázatot folyamatosan és megbízhatóan nyomon kövessük (EFSA, 2013; Hill és mtsai., 2014; Stärk és mtsai., 2014).

2.4.2.2. A ragadozó vadfajok kórbonctani és bakteriológiai vizsgálatán alapuló surveillance

A ragadozó fajokban végzett surveillance azon a feltételezésen alapul, hogy a ragadozók a prédapopulációk leggyengébb egyedeinek elfogyasztásával folyamatosan vesznek fel minden olyan kórokozót, amely a prédafajokat fertőzi. Ezzel mintegy akkumulálják a fertőzést a testükben, többnyire anélkül, hogy a tünetekben megnyilvánuló betegség kifejlődne bennük (Berentsen és mtsai., 2011; Millán és mtsai., 2008; VerCauteren és mtsai., 2008).

A macskaféle (*Felidae*) ragadozók többnyire maguk is megbetegsznek a gümőkóros fertőzöttség következtében, ezáltal a prédafaj fertőzöttsége a populáció fennmaradását veszélyeztető tényezővé léphet elő. Ez figyelhető meg az afrikai oroszlánokban (*Panthera leo*) a kafferbivalyok és az ibériai hiúzokban (*Lynx pardinus*) a vaddisznók gümőkór-fertőzöttsége miatt. Az egyéb ökológiai tényezők miatt megfoghatkozott nagymacska-

populációkat a gümőkóros megbetegedések tovább tizedelik (Briones és mtsai., 2000; Renwick és mtsai., 2006). A macskafélék ökológiai sajátosságai – elsősorban élő zsákmányra vadásznak, nem dögevők és általában táplálékspecialisták, vagyis csak néhány prédafaj egyedeit képesek elfogyasztani – alapján a macskafélékben nem végezhető eredményes monitoring az ökoszisztémában jelenlevő fertőzöttség nyomon követésére (Bíró és mtsai., 2005; Bradshaw, 2006).

A kutyafélék (*Canidae*) esetében – bár ritkán bennük is előfordul a generalizált gümőkór – a fertőzés jelenléte az ökoszisztémában kevésbé képes befolyásolni a kutyaféle ragadozók populációit (Berentsen és mtsai., 2011; Millán és mtsai., 2008; Orłowska és mtsai., 2017). Az észak-amerikai prérifarkasokban (*Canis latrans*) végzett vizsgálatok igazolták, hogy a faj elejtett egyedeinek rendszeres laboratóriumi vizsgálata alkalmas lehet az adott terület szarvas-állományában jelenlevő gümőkór-fertőzöttség nyomon követésére. A prérifarkasok gyenge prédaegyedekre irányuló szelektív zsákmányszerzése, illetve az elhullott állatok fogyasztása révén legnagyobb arányban olyan táplálékot vesznek magukhoz, amely fertőző anyagot tartalmazhat. Ezáltal a prédafajban előforduló kismértékű fertőzöttség is jó eséllyel kimutatható a ragadozókból (Berentsen és mtsai., 2011).

Hazánkban a vörös róka (*Vulpes vulpes*) és az aranyakál (*Canis aureus*) az a két kutyaféle ragadozófaj, amely olyan populációnagysággal rendelkezik, amely lehetővé teszi, hogy abban az ökoszisztéma állapotát nyomon követő monitoring program legyen végezhető (Markov és Lanszki, 2012).

2.4.2.3. Kiegészítő adatok elemzése

A *One Health* megközelítést alkalmazó vizsgálatok nem szorítkoznak a lehetséges gazdafajok fertőzési prevalenciájának meghatározására, hanem az ökoszisztéma minden olyan elemét megvizsgálják, amelyek szerepet játszhatnak a fertőzés fennmaradásában és terjedésében.

Dolgozatomban az „ökoszisztéma” kifejezés alatt az élőhelyet (biotóp) és az abban élő, azzal szoros kapcsolatban levő életközösséget (biocönózist) értem. A fejezetben használt fogalmak, kifejezések rövid magyarázata a dolgozat mellékletében található.

Az elemzés során az élőhely abiotikus környezeti tényezőit, elsősorban a klímát és a talajt szükséges megvizsgálni, amelyek – azon túlmenően, hogy a biocönózist meghatározó legfontosabb tényezők – a kórokozók környezetben való túlélését, fertőzőképességük időtartamát is meghatározzák (Duffield és Young, 1985; Humblet és mtsai., 2009; Vicente és mtsai., 2007).

A biocönózis termelő szervezetei – a növények – hatást gyakorolnak a mikroklimatikus tényezőkre, ezáltal a kórokozók környezetben való túlélésére (Humblet és mtsai., 2009; Pateman és mtsai., 2016; Stursová és mtsai., 2016); ugyanakkor meghatározzák a rajtuk táplálkozó fogyasztó szervezetek – a növényevő állatok és az azokat fogyasztó ragadozók – fajösszetételét is (Bergman és mtsai., 2013).

A potenciális gazdafajok populáció-nagyságát, migrációját és immunállapotát befolyásoló tényezők mind hatást gyakorolhatnak egy adott betegség járványtanára. Míg a gazdapopulációk korlátozás nélküli szaporodását elősegítő természetes vagy mesterséges tényezők fokozhatják a fertőző betegségek terjedését, addig a populáció-növekedést korlátozó tényezők, így más fertőző és parazitás betegségek, vagy ragadozók jelenléte lassíthatja azt (Pekkanen és Pearce, 2001; Rapport, 1999).

A *One Health* szemléletmódot alkalmazó kutatóműhelyekben az ökoszisztéma egyes elemeinek és a köztük levő kapcsolatoknak a járványtani szerepét általában összetett számítógépes modellek segítségével elemzik. Az elemzések célja azon kockázati tényezők azonosítása, amelyek az adott ökoszisztémát fogékonyabbá teszik a vizsgált fertőzésre (Gibbs, 2014; Jia és Joyner, 2015; Scoones és mtsai., 2017).

Az ökoszisztéma, mint egész – biotikus és abiotikus tényezők összefüggő rendszere – részletes elemzése olyan adatokat szolgáltat, amelyek lehetővé teszik, hogy állat-egészségügyi jelentőséggel látszólag nem bíró környezeti tényezők ismeretében előre jelezzük egy adott járvány viselkedését (Crowl és mtsai., 2008; Karesh és mtsai., 2012).

2.5. Célkitűzések

Vizsgálataim elsődleges célja annak felderítése volt, hogy a dél-dunántúli ökoszisztémákban mely állatfajok játszhatnak szerepet a szarvasmarha-gümőkór fenntartásában. További célom volt olyan – terepen is használható – vizsgáló módszer kidolgozása, amelynek segítségével folyamatosan nyomon követhető egy adott területen a szarvasmarha-gümőkór megjelenése, fennmaradása és esetleges terjedése a vadállományban.

Munkám harmadik céljaként bizonyítani kívántam, hogy a gümőkór, mint a vadállományban fennmaradó fertőző betegség tanulmányozása során az ökológia vizsgáló módszereit alkalmazva olyan kiegészítő információkhoz juthat a kutató, amelyeket a potenciális rezervoár-fajok diagnosztikai vizsgálatára és a vizsgálati eredmények statisztikai elemzésére szorítókozó tanulmányok nem képesek feltárni. Ezzel az Egy Világ – Egy Egészség (*One World – One Health*, röviden: *One Health*) szemléletmód hasznosságára szerettem volna felhívni a figyelmet.

3. Anyag és módszer

Vizsgálataim a Dél-Dunántúl régióban, Somogy megye öt vadászterületén történtek a 2008–2017. közötti időszakban. Munkám során az elejtett vad diagnosztikai boncolását végeztem, illetve mintákat gyűjtöttem bakteriológiai laboratóriumi vizsgálat céljára. A bakteriológiai vizsgálatok a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal Állat-egészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság (NÉBIH ÁDI) Bakteriológiai Laboratóriumában történtek.

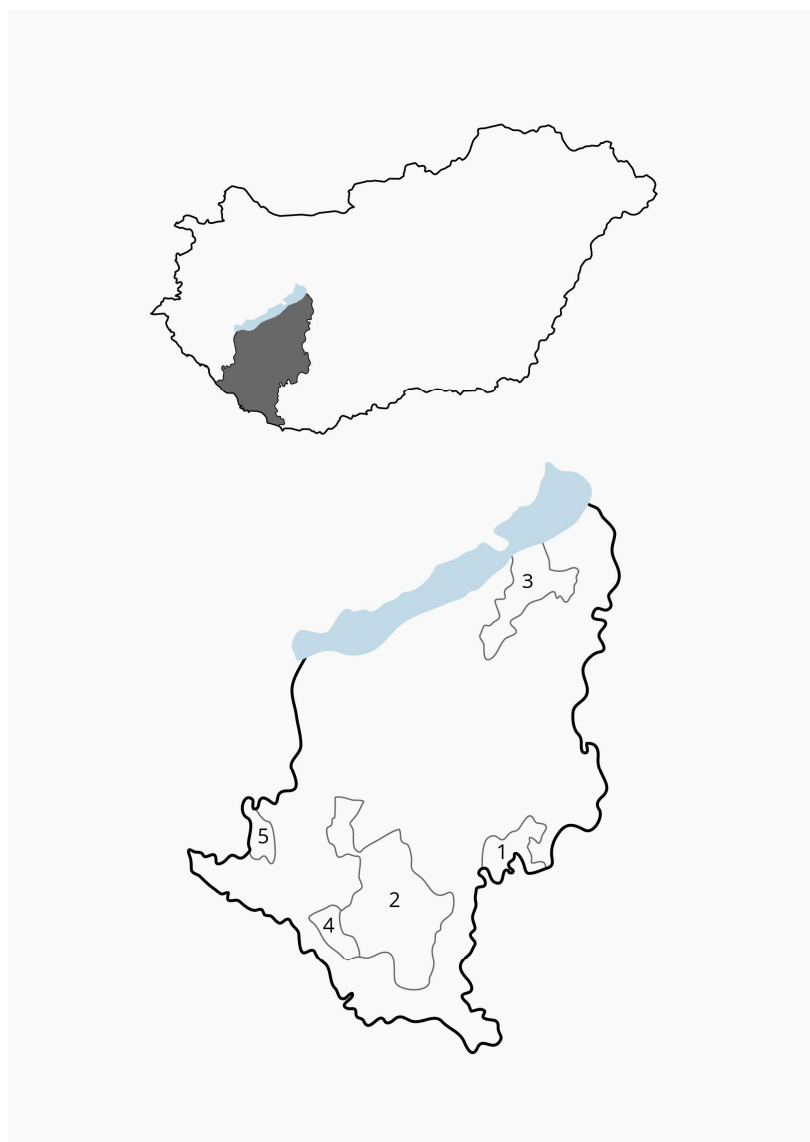
A vizsgálatba vont egyedeket a vadászatra jogosult a vadászati hatóság által jóváhagyott terve alapján ejtette el, a normál hasznosítás keretében, azok nem állat-egészségügyi okokból, illetve nem monitoring céljából kerültek terítékre.

Jelen dolgozat hat különálló vizsgálaton alapul, amelyek vizsgálati módszertana részben azonos. A vizsgálati terület általános bemutatása után a különbözőségekre az egyes vizsgálatok leírása tartalmaz utalást.

3.1. A vizsgált terület

Az egyes területek jellemzőit az azt kezelő erdő- és vadgazdálkodótól kapott adatok és a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal honlapján elérhető körzeti erdőtervek alapján állítottam össze (<https://portal.nebih.gov.hu/-/erdotervezes>).

Az egyes területek egymástól földrajzilag jól elkülöníthetők, ám sehol nem figyelhető meg közöttük olyan természetes vagy mesterséges akadály, amely a vadállomány vándorlását befolyásolhatná. Ez jellemző az egész Dél-Dunántúlra, amelyet délről csupán a Dráva választ el Horvátországtól, keleten a Duna határolja, északról a Balaton és az M7-es autópálya képez részleges határt, nyugaton pedig természetes határ nélkül folytatódik a Zalai-dombságban és a Muravidékben (2. ábra).



2. ábra A vizsgált területek térképe: 1 – Zselic, 2 – Belső-Somogy, 3 – Külső-Somogy, 4 –Drávasík, 5 –Kelet-Zalai dombság

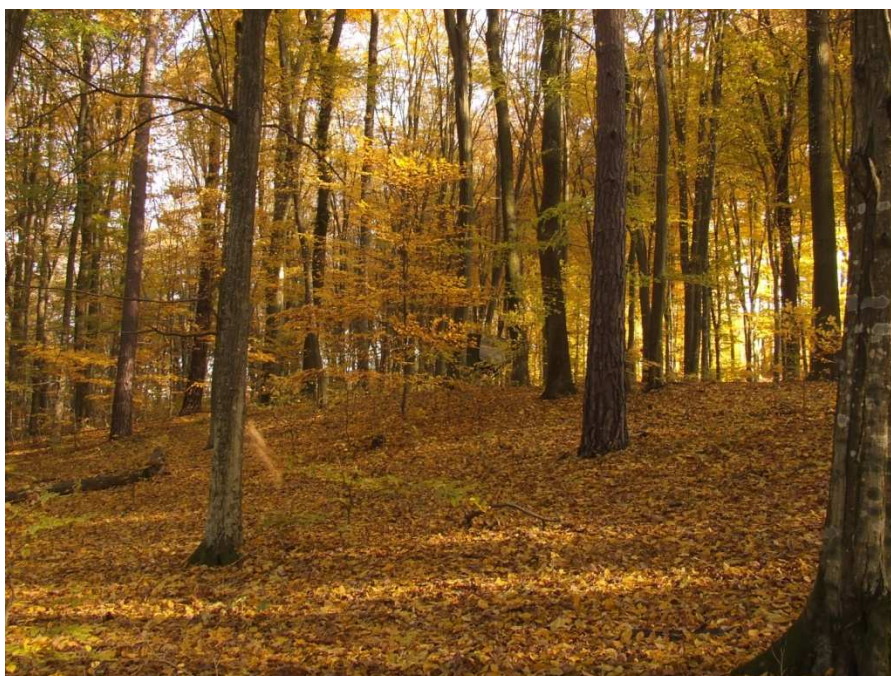
Ennek köszönhetően a dél-dunántúli nagyvad-állomány a vele érintkező nyugat-dunántúli, szlavóniai (horvátországi) és muravidéki (szlovéniai) vadállománnyal azonos metapopulációhoz tartozik. A benne megtelepedő fertőző és parazitás betegségek az egyedek vándorlásával akadálytalanul terjedhetnek. Ezt támasztják alá a vadállományban előforduló gümőkór tanulmányozására irányuló korábbi vizsgálatok is, amelyek azt valószínűsítik, hogy a dél-dunántúli gümőkór esetek a dél-európai endémia részének tekinthetők (Pavlik és mtsai., 2005).

Az öt vizsgált terület közül a Zselicben már a korábbi vizsgálatok is igazolták a kórokozó folyamatos jelenlétét és a legeltetett szarvasmarha-állományban is megjelent a

kórokozó, míg a többi területen csupán sporadikus esetek voltak megfigyelhetők a vadállományban (Jánosi és mtsai., 2009; Pavlik és mtsai., 2005; Prodinger és mtsai., 2005).

3.1.1. A Zselic

A Zselic a Dél-Dunántúl közepén, a Balatontól kb. 50 km-re fekvő, a környező domságból kiemelkedő dombvidék. A terület jellegzetessége különleges mikroklimája. Bár a terület nagy részén a környező területekre is jellemző gyertyános-tölgyes erdészeti klímahatás érvényesül, a Zselic egyes részein az európai bükk (*Fagus sylvatica*) is összefüggő állományokat alkot a 60% feletti júliusi relatív páratartalomnak, a 600-800 mm éves csapadéknak és a 8-10 °C évi középhőmérsékletnek köszönhetően (3. ábra)



3. ábra Jellegzetes zselici erdő: dombvidéki gyertyános-tölgyes

A vizsgálati terület erdősültsége 93%, benne egy 6000 ha nagyságú egybefüggő erdőtömbbel. A makktermő öreg erdők aránya az erdősült területen belül 24,81%, mely bőséges táplálékbázist szolgáltat a patás nagyvadfajok számára. Tudományos igényű, pontos vadállomány-bebecslést nem végeztek a területen, így pontos állományadatok nem állnak rendelkezésre. A vizsgálat során az egyes vadfajok terítékadatait alkalmaztuk a populációméretet jelző értéként. A legnagyobb terítékkal a vaddisznó (*Sus scrofa*) és a gímszarvas (*Cervus elaphus*) rendelkezik, állománynagyságukat a vadgazdálkodó jelentősnek becsli. A dám (*Dama dama*), őz (*Capreolus capreolus*), muflon (*Ovis musimon*), a vörös róka (*Vulpes vulpes*) és az aranysakál (*Canis aureus*) csak másodlagos

jelentőséggel bírnak. A csúcsragadozó szerepét, a vadgazdálkodó mellett, az aranysakál tölti be, ám állománya nem jelentős. Nagyobb testű ragadozó faj jelenléte a Zselicben nem bizonyított.

A nagylétszámú és nagy populáció-sűrűségű nagyvadállomány eltartása, az erdei és mezői vadkár mérséklése érdekében a vadgazdálkodó egész éven át kiegészítő takarmányozást biztosít. A felszíni vizek eloszlása egyenetlen, kevés és viszonylag kis vízhozamú forrás és patak van, így a nyári szárazság idején nem ritka, hogy egyes víznyerőhelyek körül nagyszámú, különböző fajokba tartozó egyed jelenik meg.

3.1.2. Belső-Somogy

A megye dél-nyugati részén elterülő, hullámos felszínű vidék, melyet savanyú homoktalaj, illetve a kisebb dombocskák között kialakuló égerlápok jellemeznek. A terület klímája szubmediterrán (700-800 mm éves csapadék, 10 °C körüli éves középhőmérséklet). Az 55-60% közötti átlagos júliusi relatív páratartalomnak köszönhetően a gyertyános-tölgyes erdészeti klímahatás érvényesül, így a területre jellemző természetes fás társulás a gyertyános-kocsányos tölgyes (*Quercus robur* – *Carpinetum*), amely azonban csak a területnek mintegy 1,5%-át borítja. A terület legjellemzőbb erdős társulása (a terület 25,5%-án) az égeres, amely nem nyújt közvetlen táplálékforrást a patás nagyvadfajoknak. Belső-Somogy egyes részein jellemző a cserebogárpajor erdészeti kártétele, illetve benne, mint köztigazdában előforduló *Macrathorhynchus hirsutus* buzogányfejű féreg megjelenése a vaddisznóban.

A nagyszámú felszíni víz (kisebb patakok, folyókák és halastavak) folyamatos vízellátást nyújtanak a vadállománynak, így a területre nem jellemző a nyári szárazság idején a nagyvad gyülekezése egy-egy víznyerőhely körül (4. ábra).



4. ábra Égerláp Belső-Somogyban

A területre jellemző nagyvad faj a dák, amely a terület periferiái felé fokozatosan adja át a helyét a gímnek és a vaddisznónak, amelyek másodlagos vadászati jelentőséggel bírnak. A terület jellegzetessége, hogy nagy és manapság is folyamatosan növekvő aranybika-populáció él a területen, amely betölti a csúcsragadozó, illetve a legfontosabb dögevő szerepét. Az aranybika nagyvad-populációkra ható állomány szabályozó szerepe folyamatosan vitatott. Nagyobb testű ragadozó faj jelenléte a területen nem bizonyított.

3.1.3. Külső-Somogy

Külső-Somogy a megye észak-nyugati részén, a Balaton déli partjával határos terület. A klímája az összes vizsgált terület közül a legszárazabb, inkább kontinentális jellegű. Ennek megfelelően a cseres-tölgyes erdészeti klímahatás és a cseres-tölgyes (*Quercetum petraeae-cerris*) erdőtársulás jellemzi, az erdőterület 91%-án. A tájhasználatot 75%-ban a mezőgazdasági kultúrák jellemzik. A makktermő tölgyesek és a szántóföldi növénytermesztés bőséges táplálékforrást nyújtanak a vad nagyvadfajoknak, de a száraz klíma és a felszíni vizek relatív hiánya a vadállomány időszakos aggregációját idézi elő a kevés víznyerő-hely körül a nyári aszályos időszakokban.

Legfontosabb nagyvadfajai a gím, illetve a vaddisznó, amelyek vadászati hasznosítása jellemzően vadaskertekben történik. A dák és a muflon vadászati jelentősége alárendelt. Az aranybika – bár már rendszeresen jelen van a területen – nem bír jelentős állománnyal.

3.1.4. A Kelet-Zalai-dombság

A terület Belső-Somogy nyugati szélén, a Zala megyei határon fekszik, közel a horvát és a szlovén határhoz. Domborzata és klímája a Zselicéhez hasonló. A magas júliusi relatív páratartalomnak köszönhetően, a területet a kiterjedt európai bükkös állományok jellemzik. Legfontosabb vadfajai a gímszarvas és a vaddisznó, míg a dám és az aranysakál jelenléte elhanyagolható. A terület Belső-Somoggal határos, alacsonyabban fekvő részein jellemző a cserebogárpajor erdészeti kártétele és a vaddisznó *M. hirudinaceus* fertőzöttsége.

3.1.5. A Drávasík

A terület Horvátországgal szomszédos, attól csak a keskeny, több helyen gázlókon átjárható Dráva folyó választja el. Klímája Belső-Somogyéval egyező. Legfontosabb, legnagyobb számban és sűrűségben előforduló vadfaja a gím, míg a vaddisznó és a dám alárendelt jelentőséggel bír. Az aranysakál folyamatos jelenléte jellemző. A felszíni vizek gazdagsága miatt a víznyerő-helyek körüli nyári csoportosulás nem tapasztalható a területen (5. ábra).



5. ábra Tarvágás a Drávasíkon

Belső-Somogytól legkarakterisztikusabban a domborzatban különbözik: a terület teljesen sík, a Dráva folyó évezredek alatt lerakott homokpadjai alkotják. A terület legjellemzőbb erdőtársulása a kocsányos tölgyes (többnyire elegyfajok nélkül), mely az

erdőterület 50%-át borítja. Az erdőgazdálkodás rendkívül intenzív, a hasznosítás 90%-ban tarvágással történik, amelyet követően a letermelt erdő után maradó tuskókat is eltávolítják a talajból, majd leszedik a felső talajréteget, mielőtt elkezdenék a telepítést. Erre a terület jelentős mértékű cserebogárpajor-fertőzöttsége miatt van szükség. A vaddisznó *M. hirudinaceus* fertőzöttsége ezen a területen is jellemző.

3.2. Első vizsgálat: Az erdei környezetben fennmaradó gümőkór monitorozására alkalmas állatfajok meghatározása

A vizsgálatok 2014–2016 közötti időszakban, a Zselicben – az endémia magterületén – történtek. A lehetséges rezervoár-fajok kiválasztását a szakirodalomban megfogalmazott rezervoár-kritériumok alapján végeztük el (Caron és mtsai., 2015; Nugent, 2011). Olyan fajokat kerestünk az ökoszisztémában, amelyek nagy populáció-sűrűségben fordulnak elő, fogékonyak a fertőzésre és bennük a fertőzés tartósan fenn is maradhat, valamint életmódjuk lehetővé teszi, hogy a fertőzést más fajoknak, így a területen élő, legeltetett szarvasmarha-állományoknak is átadják. A vadgazdálkodótól kapott gazdálkodási adatok és a járványtani szakirodalom alapján a vaddisznót (*Sus scrofa*), a gímszarvast (*Cervus elaphus*), a dámszarvast (*Dama dama*), az őzet (*Capreolus capreolus*), a vörös rókát (*Vulpes vulpes*) és az aranybakált (*Canis aureus*) választottuk ki.

Feltételezésünk szerint az alkalmi dögevő fajok, mint a vaddisznó, az aranybakál és a róka a szervezetében képesek akkumulálni azokat a kórokozókat, amelyekkel a dögevés során találkozhatnak, így e fajok egyedei nagyobb arányban lehetnek fertőzöttek, mint a növényevő vagy a táplálékspecialista ragadozó fajok (pl. a macskafélék). Ezáltal a dögevő fajok egyedeinek vizsgálata kisebb számban is adatokat szolgáltat a környezetben jelen levő gümőkór tanulmányozásához (VerCauteren és mtsai., 2008). A szarvasfélék és a vaddisznó esetében arra alapoztuk vizsgálatunkat, hogy azok nagy egyedszámban kerülnek terítékre, ez lehetőséget teremt nagyszámú minta átvizsgálására, illetve bakteriológiai laboratóriumba küldésére.

A vadászatok során a kiválasztott állatfajok minél nagyobb számú egyedén igyekeztünk részletes kórbonctani vizsgálatot végezni a gümőkórra gyanút keltő elváltozások populáción belüli előfordulási arányának meghatározása céljából. Ezt követően valamennyi boncolt vadtestből mintát vettünk bakteriológiai laboratóriumi vizsgálatra. A kórbonctani és bakteriológiai eredményeket összesítettük, kiszámítottuk az egyes vizsgálatokkal kimutatható prevalenciát, hogy meghatározzuk, mely fajokban mérhető elég magas

prevalencia ahhoz, hogy azok alkalmasak lehetnek a járványmenet nyomon követésére bakteriológiai, illetve kórbonctani surveillance alkalmazásával.

3.2.1. A mintavétel módszere

A vadászatok alkalmával a zsigereléskor történt az elejtett állatok kórbonctani vizsgálata és a laboratóriumi vizsgálatra szánt minta vétele. Minden egyes állaton elvégeztük az áll alatti és a garat mögötti nyirokcsomó vizsgálatát annak 1-2 mm-es szeletekre történő vágásával. A nyirokcsomókban talált gennyes góccok, tályogok, a nyirokcsomók gennyes beolvadása, elhajszódása, vagy abban meszes csomók megjelenése esetén minősítettük úgy a nyirokcsomót, hogy az kórbonctani szempontból a gümőkórra gyanút keltő elváltozást tartalmaz.

Ezt követően elvégeztük a zsigerelt test testüregeinek vizsgálatát. A savós hártán talált gennyes elváltozásokat, tályogokat, meszes csomókat, vagy csontos növedékeket (gyöngykór) minősítettük gümőkórra gyanút keltő elváltozásnak.

A parenchimás szerveket (tüdő, lép, máj, vesék) megtekintettük, áttapintottuk, majd a látható vagy az állományukban tapintással tapasztalt eltérések esetén a gócot 2 mm-es szeletekre vágtuk. Amennyiben megtekintéssel és tapintással sem tapasztaltunk eltérést, a szervet 2 cm-es szeletekre vágtuk. A bemetszésekkel megtalált minden szalonnás fényű gócot, gennyes, sajtos vagy meszes elváltozást gümőkórra gyanút keltőnek, kórbonctanilag pozitívnak minősítettünk.

A kórbonctani vizsgálatnak vetettük alá a gátorközi, a hörgők körüli, a májkapui, a bélfodri és a caecalis nyirokcsomókat. A nyirokcsomókat 1-2 mm-es szeletekre vágva vizsgáltuk.

A laboratóriumi mintavétel során a felkeresett összes nyirokcsomó és az esetleges elváltozást mutató szerv a mintába került.

3.2.2. Laboratóriumi vizsgálat

A laboratóriumi vizsgálatok a NÉBIH Állat-egészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság Diagnosztikai Bakteriológiai Osztály laboratóriumában történtek.

A laboratóriumba szállított mintákon aerob és anaerob, valamint a gümőkór kimutatását célzó bakteriológiai vizsgálatokat végeztünk. Az elváltozásokból klinikai bakteriológiai vizsgálathoz kioltást végeztünk Columbia juhvéres és McConkey agarra. A táptalajokat 37°C-on aerob és anaerob körülmények között, 48 órán át inkubáltuk, és 24 óránként ellenőriztük. Az izolált baktériumtörzseket klasszikus bakteriológiai módszerekkel (Gram-festés, kataláz, oxidáz, ureáz próba, stb.) azonosítottuk.

A gümőkór kórokozójának kitenyésztését célzó bakteriológiai vizsgálathoz az elváltozott szerveket feldaraboltuk és Minimix 100WCC Stomacherrel (Interscience, Arpents, Franciaország) 10 ml steril, fiziológiás sóoldatban homogenizáltuk, majd 5%-os oxálsav oldatban 15 percen keresztül dekontamináltuk. Ezt követően 3000 g gyorsulással centrifugáltuk 10 percen keresztül, majd a felülúszó elöntése után keletkezett üledéket 2 ml steril PBS oldatba elegyítettük. Az így kapott elegyet *Middlebrook* levesbe, *Harrold's*, *Löwenstein-Jensen* és piruváttal kiegészített *Löwenstein-Jensen* ferde agarra oltottuk. A tenyészeteket 37°C-on inkubáltuk 8 héten keresztül. Az agar-táptalajokon hetente ellenőriztük a baktériumok növekedését, a *Middlebrook* levesből pedig havonta egyszer végeztünk ZN festést.

Minden izolátumot megfestettünk ZN módszerrel, majd a ZN pozitív mintákból ultrahangos roncsolással (ELMA, Singen, Németország) kivontuk a DNS-t, melyet a Wilton és Cousins (1992.) által közölt multiplex amplifikációs eljárással vizsgáltunk. A módszer alkalmas a *Mycobacterium* nemzetségbe tartozó baktériumok meghatározására, ezen túlmenően pedig képes elkülöníteni egymástól a *Mycobacterium tuberculosis* komplexbe (MTC), a *Mycobacterium avium* komplexbe (MAC) tartozó és az egyéb *mycobacteriumokat*.

A MTC izolátumokat tovább vizsgáltuk GenoType MTBC (Hain Lifescience, Nehren, Németország) diagnosztikai kittel a gyártó utasításának megfelelően. Ez a giráz-B gén polimorfizmusán alapuló diagnosztikai eljárás alkalmas a *M. africanum*, *M. bovis* BCG, *M. bovis*, *M. caprae*, *M. microti* és *M. tuberculosis*/"*M. canettii*" törzsek elkülönítésére.

3.2.3. Statisztikai módszerek

A vizsgálatba vont, a kórbonctani lelet alapján pozitívnak minősített, valamint a bakteriológiai laboratóriumi diagnosztikai vizsgálattal MTC komplexbe tartozó baktériumokkal fertőzöttnek igazolt mintákat állatfajonként összesítettük. A gümőkórra gyanút keltő elváltozások és a gümőkóros fertőzöttség tekintetében, a populáción belüli prevalencia meghatározásához a Sterne-féle egzakt próbát alkalmaztuk (Lang és Reiczigel, 2014; Reiczigel, 2003).

3.3. Második vizsgálat: A megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat diagnosztikai értéke a vadállományban előforduló gümőkór járványtani felmérése során

A 2015–2017. közötti időszakban, az endémia magterületén, a Zselicben történt a mintagyűjtés. A társas vadászatokon elejtett vaddisznók vizsgálatát végeztük a zsigerelés helyszínén. Az egyes vadászati napokon elesett valamennyi vaddisznót bevontuk a

vizsgálatba, hogy megtartsuk a társas vadászatok jellegéből adódó véletlenszerűséget, mert a társas vadászatok alkalmával korra, ivarra, egészségi állapotra vagy tápláltságra való tekintet nélkül történik az egyedek elejtése. A vizsgálat célja a megtekintésen alapuló húsvizsgálat hatékonyságának meghatározása volt. Ennek érdekében összehasonlítottuk a szabályszerű vadhúsvizsgálattal, illetve a részletes diagnosztikai boncolással kimutatható kórbonctani prevalencia-értékeket.

Első lépésben a vadtest és a zsigerek megtekintéses vizsgálatát végeztük el a vadhúsvizsgálat szabályai szerint bemetszés mellőzésével, és kerestünk a gümőkórra gyanút keltő elváltozásokat: a savóshártyák felől is látható gennyes vagy meszes, gócos elváltozásokat. Második lépésben elvégeztük a vadtest és a zsigerek részletes boncolását, az áll alatti, garat mögötti, gátorközi, hörgő körüli, májkapui, csípőbél-vakbéli és bélfodri nyirokcsomók bemetszését, a tüdő, lép, máj vese és a bélcsatorna áttapintását, a megváltozott tapintatú gócok 1-2 mm-es szeletekre történő metszését, majd tapintható gócos elváltozás hiányában a parenchimás szervek 2 cm-enkénti bemetszését. A gümőkórra gyanút keltő elváltozásoknak tekintettük a gennyes, elsajtosodott, és meszes elváltozásokat, a gennyes, meszes vagy krémes állagú nyirokcsomó-beolvadást, a parenchimás szervek metszéspapján tapasztalt szalonnás fényű gócokat és minősítettük azokat kórbonctani szempontból pozitívnak (Domingo és mtsai., 2014).

A vizsgálati területről korábban már kimutatott *M. caprae* fertőzés jelenlétének ellenőrzése céljából gümőkórra gyanút keltő elváltozást tartalmazó (Domingo és mtsai., 2014) áll alatti nyirokcsomó mintákat gyűjtöttünk bakteriológiai laboratóriumi vizsgálat céljára olyan számban, hogy az lehetővé tegye 10%-os feltételezett fertőzési prevalencia 95%-os biztonsággal való kimutatását.

A laboratóriumi vizsgálat és a statisztikai értékelés az első vizsgálatnál leírtak szerint történt.

3.4. Harmadik vizsgálat: A vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának boncolására alapozott monitoring diagnosztikai értékelése

Arra a korábbi megfigyelésre alapozva, hogy a gümőkóros fertőzés a vaddisznóban leggyakrabban az áll alatti nyirokcsomóból mutatható ki (Fitzgerald és Kaneene, 2012; Naranjo és mtsai, 2008), ezzel a vizsgálattal az volt a célunk, hogy meghatározzuk, az áll alatti nyirokcsomó boncolására alapozott surveillance milyen hatékony a gümőkór nyomon követésére a fertőzést fenntartó ökoszisztémában.

Ehhez a 2010–2014. közötti időszakban mind az öt vizsgálati területen végeztünk vizsgálatokat. Az egyes vadászati napokon elesett valamennyi vaddisznót bevontuk a

vizsgálatba, hogy megtartsuk a társas vadászatok jellegéből adódó véletlenszerűséget. A zsigereléskor elvégeztük a vadtestek részletes diagnosztikai boncolását, melynek során 1-2 mm-es szeletekre vágtuk az áll alatti, garat mögötti, gátorközi, hörgő körüli, májkapui, csípőbél-vakbéli és bélfodri nyirokcsomókat, majd áttapintottuk a tüdőt, lépet, májat, a vesét és a bélcsatornát, a megváltozott tapintatú gócokat 1-2 mm-es szeletekre metszettük, majd tapintható gócos elváltozás hiányában a parenchimás szerveket 2 cm-enként bemetszettük. A gümőkórra gyanút keltő elváltozásokat a második vizsgálatban leírt szempontrendszer szerint minősítettük (Domingo és mtsai., 2014).

Mind a kórbonctanilag pozitív, mind a negatív vadtestekből bakteriológiai laboratóriumi vizsgálatra küldtük az áll alatti, garat mögötti, gátorközi, hörgő körüli, májkapui, csípőbél-vakbéli és bélfodri nyirokcsomókat, valamint az egyéb szervekben talált gümőkórra gyanút keltő elváltozásokat.

A laboratóriumi vizsgálat menete az első és második vizsgálatban leírtak szerint történt.

3.4.1. Statisztikai módszerek

Minden egyes területen meghatároztuk az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatával kimutatható látszólagos kórbonctani prevalenciát és a laboratóriumi vizsgálattal kimutatható látszólagos fertőzési prevalenciát.

Az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatára alapozott gümőkór-surveillance érzékenységét és specifikusságát a Win Episcopo 2.0 szoftver segítségével számítottuk ki, amely az alábbi elvet követi (Thrusfield és mtsai, 2001):

$$\text{Érzékenység} = \frac{\text{Valódi pozitívok száma}}{\text{Valódi pozitívok száma} + \text{fals negatívok száma}}$$

Valódi pozitívok: olyan kórbonctanilag pozitív minták, amelyek a bakteriológiai laboratóriumi vizsgálattal is pozitív eredményt adtak, belőlük *M. caprae* baktériumot sikerült kimutatni.

Fals negatívok: kórbonctani vizsgálattal negatív minták, amelyekből a laboratórium *M. caprae* baktériumot izolált.

$$\text{Specifikusság} = \frac{\text{Valódi negatívok száma}}{\text{Valódi negatívok száma} + \text{fals pozitívok száma}}$$

Valódi negatívok: kórbonctani vizsgálattal negatív minták, amelyekből a laboratórium sem mutatott ki *M. caprae* baktériumot.

Fals pozitív minták: kórbonctani vizsgálattal pozitívnak bizonyult minták, amelyekből a laboratóriumi vizsgálat nem igazolta *M. caprae* baktérium jelenlétét.

Az egyes területek feltételezhető valódi prevalencia kiszámítását Sterne-féle egzakt módszerrel végeztük (Lang és Reiczigel, 2014; Reiczigel, 2003).

Az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatával meghatározott prevalencia és a bakteriológiai vizsgálattal kapott prevalencia korrelációjának kiszámításához az endémia magterületén az évenként nyert prevalencia-adatokat vetettük össze Spearman-féle nem paraméteres próbával, az R statisztikai szoftver 3.2.1 verziójának segítségével. Az összefüggést MS Excel 2010 szoftver segítségével ábráztuk grafikusán.

3.5. Negyedik vizsgálat: A vaddisznó lehetséges járványtani szerepének vizsgálata a Dél-Dunántúl régióban

A 2010–2017. közötti időszakban társas vadászatokon elejtett vaddisznók áll alatti nyirokcsomójának kórbonctani vizsgálatát végeztük a szabad területi állományban és két vadaskertben, az endémia magterületén, a Zselicben.

Vizsgálatunk célja az volt, hogy a szabad terület és a lényegesen nagyobb populáció-sűrűségű vadaskertben megfigyelhető, gümőkórra jellemző kórbonctani elváltozások előfordulási arányait összehasonlítva adatokat gyűjtsünk a vaddisznó lehetséges járványtani szerepéről.

Abból a feltételezésből indultunk ki, hogy amennyiben a vaddisznó valódi fenntartója a gümőkórnak, nagyobb állománysűrűség mellett megemelkedik a fertőzési prevalencia is (Vicente és mtsai., 2006; Zanella és mtsai., 2008), amely korábbi vizsgálatok szerint korrelál a gümőkórra gyanút keltő kórbonctani elváltozások előfordulási arányával. Ugyanakkor, ha a vaddisznó-populáció jellemzően külső forrásból fertőződik és nem a fajtársak adják át egymásnak a fertőzést, úgy a populáció-sűrűség növekedése nem eredményezi a fertőzési prevalencia, és az ezzel összefüggésben levő, kórbonctani prevalencia emelkedését.

A vizsgált szabad területi állományt és a két vadaskertet ugyanaz a vadgazdálkodó kezeli. Az „A kertbe” különböző életkorú, jellemzően hímivarú vaddisznókat fognak be a környező szabad területről, amelyeket életkoruk és méretük szerint különböző kisebb, egymástól elkülönített kertrészekbe helyeznek el. A kisebb kertek egy nagy, 200 ha területű vadászkerthez csatlakoznak, amelybe a legidősebb, legnagyobb testméretet elért állatok kerülnek. A technológia szerint a vadászkeretet minden szezonban teljesen kiürítik 1-3 társas vadászati nap alkalmával. Majd a kisebb kertek állományait átcsoportosítják, öregbítik és

elkezdik feltölteni a szabad területi állományból. A befogott egyedek 1-4 évet töltenek az öregbítő kertekben, mielőtt a vadászkeretbe kerülnek.

A „B kert” egyetlen vadászkeretből áll, amelybe minden vadászati évet követően, tavasszal fogják be a jellemzően hímivarú, kifejlett, kisebb részben fiatal felnőtt egyedeket. A technológia szerint ezt a keretet is üresre vadásszák 1-2 társas vadászat alkalmával.

A kerteket körülvevő kerítés magassága 1,6 m, amely a Zselicben élő szarvasfélék bejutását nem akadályozza meg, így azok rendszeresen megfigyelhetők a vaddisznók etetőhelyein. A kertben az átlagos állománysűrűség 1 egyed/ha. A szabad területi állomány sűrűségére a teríték-adatokból lehet következtetni. Az európai intenzíven kezelt vaddisznó-állományokban a vadászati hasznosítás az állomány 30%-át távolítja el az ökoszisztémából (Nóres és mtsai., 2008). A Zselic esetében ez azt jelenti, hogy a szabad területen 0,1 egyed/ha populációsűrűséggel számolhatunk.

A nyirokcsomókat a terítékre hozott vadtesteken *in situ* boncoltuk, azokat 1-2 mm-es szeletekre metszve. A gennyes, elszajtosodott vagy meszes tályogokat vagy a nyirokcsomó beolvadását minősítettük a gümőkórra gyanút keltő elváltozásnak. A test többi részét és a zsigereket nem vizsgáltuk.

A vizsgálatokat társas vadászatok alkalmával végeztük, amikor az állatok elejtése során a kort, az ivart és az egészségi állapotot nem vették figyelembe a vadászok, így az egyes egyedek elejtése véletlenszerű volt. Az egyes terítékek valamennyi egyedét bevontunk a vizsgálatba, hogy a társas vadászat által biztosított véletlenszerűséget megőrizzük.

3.5.1. Statisztikai módszerek

Mind a szabad területen, mind pedig a két kertben évente meghatároztuk vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában megfigyelhető, gümőkórra gyanút keltő elváltozások populáción belüli arányát. Az egyes évek és egyes élőhelyek látszólagos kórbonctani prevalenciájának 95%-os konfidencia-intervallumát Reiczigel (2003) módszerével számítottuk ki.

Az egyes években és egyes élőhelyeken megfigyelhető kórbonctani prevalenciát *Khí-négyzet* próbával hasonlítottuk össze az R statisztikai szoftver 3.2.1. verziójának segítségével.

3.6. Ötödik vizsgálat: A gímszarvas lehetséges járványtani szerepének vizsgálata a Dél-Dunántúl régióban

A 2008–2014. közötti időszakban összesen 284, jellemzően társas vadászatokon elejtett gímszarvas vizsgálatát végeztük el a Zselic szabad területi állományában és egy, a Zselicben található szarvaskertben.

E vizsgálati szakaszban a gímszarvasban vizsgáltuk az állománysűrűség és a fertőzési prevalencia összefüggését, a negyedik vizsgálatban már leírt alapelvből kiindulva, amely szerint valódi fenntartó gazda esetén a fertőzési prevalencia és a populáció-sűrűség pozitívan korrelál egymással, míg ha ez a korreláció nem mutatható ki, akkor feltételezhető, hogy a gazdapopuláció külső forrásból fertőződik (Begon és mtsai, 2002).

A fertőzés terjedésének sűrűség-függése esetén meghatározható, hogy a nagyobb sűrűségű állomány járványtani kockázata mennyivel haladja meg a természetes populációét.

3.6.1. A vizsgált terület

Vizsgálatainkat az endémia magterületén, a Zselicben végeztük. A szabad területi állományt egy szarvaskerttel vetettük össze, amely a magterület közepén helyezkedik el, így azzal – a határoló kerítéson keresztül – érintkezik. A szarvaskert 1300 ha területű, 2,2- 2,5 m magasságú kerítéssel határolt. A kerítéson keresztüli állatmozgás nem jellemző, inkább csak a kerítés alatt figyelhető meg itt-ott a kistestű emlősök mozgása, illetve nagyon ritkán előfordul a kertből való szökés a kerítés esetleges sérülései (pl. viharkár) miatt.

A kerti állomány kisebbik része a tenyészállomány, amely 200 tehénből, 40 bikából és az azévi szaporulatból áll. Ezt az állományrészt az üzemeltető telepi körülmények között tartja: mesterséges takarmányozás, rendszeres állatorvosi ellátás, szállítások előtti tuberkulin-vizsgálat és asszisztált reprodukciós beavatkozások jellemzik a tartásmódot.

A tenyészállomány szaporulata jellemzően a vadászkeretbe kerül, kisebb részét pedig továbbtartásra értékesítik. A vadászkeretben a gímszarvasok mellett, a fenntartó becslése alapján, kb. 200 dām és 150 muflon (*Ovis aries orientalis*) is él. A vadászkeretben biztosított a mesterséges kiegészítő takarmányozás, de jellemzően természetes körülményeket biztosítanak a vad számára. A kertben természetes szaporulat is megfigyelhető.

3.6.2. A mintavétel módszere

A vadászatok alkalmával, a zsigereléskor történt a mintavétel. A mintákat jellemzően a társas vadászatok alkalmával gyűjtöttük, ahol főként tehenek és borjak estek és az elejtést nem befolyásolta az állat kora és egészségi állapota, így részben véletlenszerű mintavételt biztosított. A bikák esetében az idős egyedek jellemzően egyéni vadászatokon estek,

amelynek során kizárólag a trófeaméret befolyásolta az elejtőt a választásban. A fiatal bikák esetében az elejtés fő szempontja – a trófea-minőség mellett – az állat egészségi állapota volt, így ezek esetében a mintavétel nem volt véletlenszerű.

Az egyes vadászati napokon esett valamennyi egyedet bevontunk a vizsgálatba, hogy a mintavétel véletlenszerűségét minél hatékonyabban biztosítsuk.

A mintavétel során a regionális nyirokcsomókat, a tüdőt, a májat, a lépet és a veséket megtekintéssel, tapintással és 1-2 mm-es szeletekre metszéssel vizsgáltuk. Bakteriológiai laboratóriumba küldtük az áll alatti, a garat mögötti, a gátorközi, a hörgők körüli, a májkapui, a bélodri és a csípőbél-vakbéli nyirokcsomókat és minden olyan szervet, amely gümőkórra gyanút keltő elváltozást mutatott (Domingo és mtsai., 2014; Vicente és mtsai., 2006).

3.6.3. Laboratóriumi vizsgálat

A laboratóriumba küldött minta feldolgozása megegyezett az első vizsgálatnál leírtakkal.

3.6.4. Statisztikai módszerek

A szabad területi és a kerti állományban a bakteriológiai laboratóriumi vizsgálattal igazolt fertőzöttség populáción belüli arányát összesítve adtuk meg. A szabad területen és a kertben mérhető fertőzési prevalenciák összehasonlítását *Khí*-négyzet próbával végeztük az R statisztikai szoftver 3.2.1. verziójának segítségével. A szoftver Package 'epiR' csomagjának segítségével számítottuk ki a kerti tartást jellemző populációs járulékos kockázati hányadot és prevalencia-hányadost (Stevenson és mtsai., 2016).

3.7. Hatodik vizsgálat: Az egyes ökoszisztéma-elemek járványtani kockázatának vizsgálata

A 2011–2016. közötti időszakban végeztük az öt vizsgálati terület összehasonlítását. Vizsgálatunk azon a feltételezésen alapult, hogy a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában észlelhető, gümőkórra gyanút keltő elváltozások populáción belüli előfordulási aránya korrelál az állomány gümőkóros fertőzöttségével.

Ezt figyelembe véve azt feltételeztük, hogy azokon a területeken, ahol magasabb az állományban a kórbonctani prevalencia, ott valamiért nagyobb a gümőkór kockázata.

Az öt területen elvégeztük a vaddisznók áll alatti nyirokcsomójának kórbonctani vizsgálatát. Az egy-egy társas vadászati napon esett teljes vaddisznó-terítéket átvizsgáltuk, hogy a társas vadászatok során válogatás nélkül elejtett egyedek biztosította véletlenszerű mintavételt megőrizzük. A vaddisznók áll alatti nyirokcsomójában észlelt, gümőkórra gyanút

keltő elváltozások populáción belüli arányát területenként fejeztük ki. Laboratóriumi vizsgálatot nem végeztünk.

Az egyes területeken ható biotikus és abiotikus környezeti tényezők elemzésével kiválasztottuk azokat, amelyek a szakirodalmi adatok alapján befolyásolhatják a gümőkór környezetben való fennmaradását és terjedését (Gortázar és mtsai., 2006; 2007; Vicente és mtsai., 2006).

Az egyes területekre vonatkozó vadgazdálkodási adatokat a vadgazdálkodó szolgáltatotta, míg az erdőgazdálkodásra, a mezőgazdasági területek és települések arányára, a klímára, a domborzatra, a vízrajzra és a talajtípusra vonatkozó adatokat a körzeti erdőtervek tartalmazták (<http://portal.nebih.gov.hu/-/erdotervezes>). A vaddisznó parazitás fertőzöttségét, mint biotikus tényezőt saját vizsgálataink eredményeként vettük figyelembe.

3.7.1. Parazitológiai vizsgálatok

A parazitózisok vizsgálata során azokra a parazitafajokra fókuszáltunk, amelyek feltételezhetően befolyásolhatják a gümőkór lefolyását a fertőzött gazdában. A rendelkezésre álló szakirodalmi adatok alapján a *Metastrongylus*-fajok által okozott tüdőférgesség és a *Macracanthorhynchus hirudinaceus* buzogányfejű féreg okozta fertőzöttség esetében feltételeztük, hogy azok olyan mértékben képesek gyengíteni a gazdaszervezet ellenálló képességét, ami súlyosbíthatja a gümőkóros fertőzöttség következményeit (Risco és mtsai, 2014; Ezenwa, 2016).

A parazitológiai vizsgálatok során a vaddisznó-populációban tapasztalható prevalenciát és az átlagos intenzitást határoztuk meg 95%-os konfidencia-intervallum mellett.

A vizsgálati időszakban, az öt vadászterületről összesen 51 vaddisznótüdő vizsgálatát végeztük el a tüdőféreg-fertőzöttség jellegzetességeinek és a kórokozók faji összetételének megállapítása céljából. A tüdők vizsgálata során a World Association for the Advancement of Veterinary Parasitology (WAAVP) által ajánlott módszert alkalmaztuk (Henessy és mtsai., 2006). A férgek izolálása a bronchusok és bronchiolusok felnyitása után történt. Az egyes tüdőkből kiemelt összes egyedet fixáló-oldatban (95 rész 70%-os alkohol és 5 rész glicerin), tüdőnként elkülönítve tároltuk. A fénymikroszkópos vizsgálat előtt 30 perccel – az átlátszóvá tétel érdekében – a férgemet áthelyeztük laktófenolba (1 rész tejsav, 1 rész glicerin, 1 rész kristályos fenol, 1 rész desztillált víz). A fajok azonosításához Holló (1965), Jansen (1964), Noda (1973), Morita és mtsai. (2007) és Nosal és mtsai. (2010) útmutatásait használtuk fel.

A tüdőféreg-fertőzöttség és a faji összetétel eredményeinek statisztikai elemzéséhez a Quantitative Parasitology 3.0 (Rózsa és mtsai., 2000) szoftvert használtuk.

A buzogányfejű féreg kártételének felméréséhez a vadászatok során kortól, ivartól függetlenül gyűjtöttük össze a vizsgálatra szánt vékonybeleket. A szerveket a zsigerelés helyszínén vizsgáltuk meg, amely során a féreg jelenlétére utaló, jól észrevehető, jellegzetes sárgás, granulóma-szerű duzzanatokot kutattuk, az öt vadászterületen összesen 618 vaddisznótestet vizsgáltunk át ezzel a módszerrel.

A fertőzöttség megállapításához ezeknél a duzzanatoknál a vékonybelet megnyitottuk. Ha láthatóvá váltak a bélnyálkahártyába kapaszkodott férgek, a vaddisznót fertőzöttnek tekintettük. Amennyiben duzzanatot nem találtunk, az éhbelet több helyen hosszanti irányú vágásokkal megnyitottuk. A megnyitott szakaszok között a belet az összeszorított mutató és hüvelykujj között áthúztuk. Így a gazdaszervezet halála miatt a nyálkahártyáról esetleg levált férgek eltávolíthatók voltak a bél lumenéből. Amennyiben a nyálkahártyához nem tapadtak férgek, illetve nem sikerült a vágott lyukakon sem férget kipréselnünk, akkor a vizsgált vaddisznó fertőzésmentesnek minősült.

A makroszkóposan fertőzöttnek ítélt vaddisznók közül 26 esetben végeztünk teljes boncolást. A fertőzött vékonybeleket hosszanti irányban felnyitottuk, majd a bél üregében található férgeket megszámoltuk. A fertőzöttség prevalenciáját és átlagos intenzitását az összes meghatározott féregszám alapján állapítottuk meg.

A férgek faji meghatározásához véletlenszerűen kiválasztott 40 egyedet kiemeltünk a jejunum lumenéből, majd ezeket a vizsgálatig fixáló oldatban (95 rész 70%-os alkohol, 5 rész glicerín) tároltuk. A faji meghatározást a proboscisok morfológiája alapján végeztük el. Megmértük minden egyed proboscisának hosszúságát és szélességét, illetve kiszámítottuk a hosszúság és szélesség egymáshoz viszonyított arányát. A mérések előtt a proboscisokat a nyaki résszel együtt levágtuk a férgek testéről, majd rövid időre laktófenolba (1 rész glicerín, 1 rész tejsav, 1 rész kristályos fenol, 1 rész desztillált víz) helyeztük.

A méréseket sztereomikroszkóp segítségével végeztük el 25× nagyításon. A hossz méretet a nyak végétől a proboscis végéig, míg a szélességet a proboscis legszélesebb részén mértük. Richardson (2005) vizsgálatai alapján a két felvett paraméter egymáshoz viszonyított arányával megállapítható a faji hovatartozás. A *M. hirudinaceus* esetében ez az arány átlagosan 0,62 és 0,88 között változó egyedi értékekkel.

Mind a tüdőférges, mind a buzogányfejű féreg esetében vizsgáltuk a paraziták ökológiai tolerancia-tartományát, hogy kizárjuk annak lehetőségét, hogy a gümőkóros fertőzöttséggel való összefüggéseiket a gazdán kívül ható tényezők okozzák. Tekintettel arra, hogy mindkét parazita közvetett fejlődésű, tehát életciklusában köztigazda fajok is szerepet játszanak, ezért vizsgáltuk a köztigazdák környezeti igényeit is. A tüdőférges és köztigazdáik, a földigiliszták, valamint a sertés buzogányfejű férges és köztigazdáik, a

lemezescsápú bogarak szakirodalmi források szerinti környezeti igényeit – elsősorban a talajtípusra és klímára vonatkozó igényeit – összevetettük a NÉBIH hivatalos honlapján közzétett körzeti erdőterveiben (<http://portal.nebih.gov.hu/-/erdotervezes>) összegyűjtött környezeti adatokkal.

3.7.2. Statisztikai módszerek

Az egyes területekre vonatkozó prevalencia-adatokat és a számszerűsíthető ökoszisztémaelemeket MS Excel 2010 táblázatban gyűjtöttük össze. A táblázat adatait az R statisztikai szoftver 3.2.1. verziójába másolva elvégeztük az egyes elemek korrelációjának vizsgálatát Spearman-féle nem-paraméteres próbával, illetve elkészítettük a korrelációs mátrixot.

A könnyebb áttekinthetőség kedvéért, a korrelációs mátrix adatait az R statisztikai szoftver Package „corrplot” csomagja segítségével grafikusán ábrázoltuk.

A vaddisznók parazitológiai eredményének statisztikai elemzéséhez a Quantitative Parasitology 3.0 szoftvert használtuk (Rózsa és mtsai., 2000).

4. Eredmények

4.1. Az erdei környezetben fennmaradó gümőkór monitorozására alkalmas állatfajok meghatározására irányuló vizsgálat eredményei

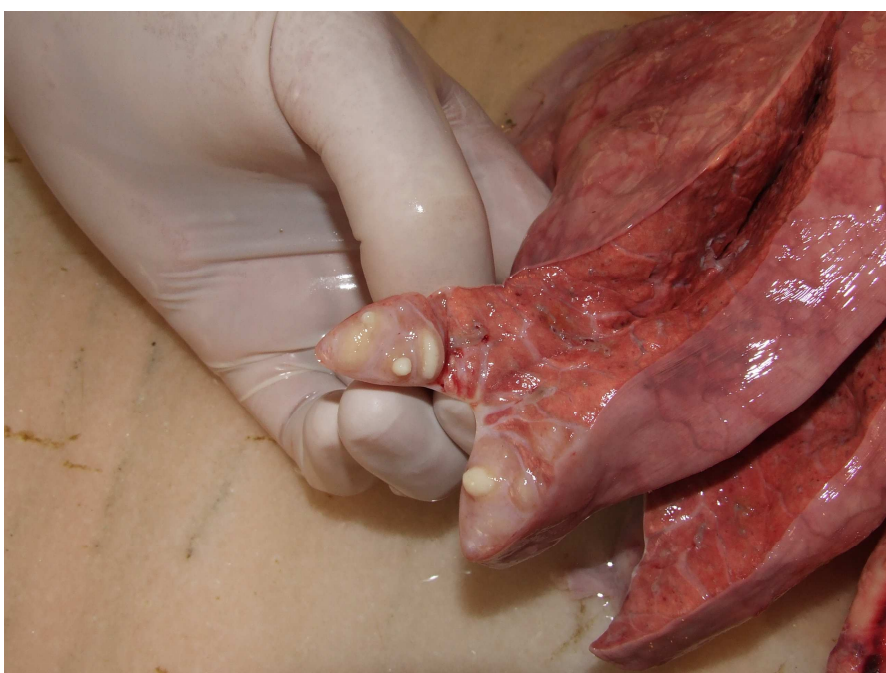
A vizsgált fajok közül a vörös róka egyedeiben nem tapasztaltunk szabad szemmel látható elváltozást, annak ellenére, hogy a vizsgált populációhányadban viszonylag magas bakteriológiai prevalencia volt kimutatható. A szarvasfélékben minden bakteriológiai pozitív esetben észleltünk a gümőkórra jellemző elváltozásokat, bár alacsony fertőzöttségi prevalencia mellett (6-11. ábra). Az aranysakál fajban – kis mintaszám vizsgálatával – nem volt igazolható a gümőkór jelenléte. A vaddisznóban mind a kórbonctani, mind pedig a bakteriológiai vizsgálat alapján jelentős mértékű fertőzés valószínűsíthető. A gümőkórra gyanút keltő elváltozások, e faj esetében, leggyakrabban az áll alatti nyirokcsomóban volt megfigyelhető, illetve nem talákoztunk olyan egyeddel, amelyikben az áll alatti nyirokcsomó elváltozása nélkül, másik nyirokcsomóban vagy szervben fordult elő az elváltozás (12-13. ábra). A többi állatfajban ilyen szabályosságot nem tudtunk felfedezni.



6. ábra Gümőkórra gyanút keltő elváltozás – gennyes tályogképződés –
dám májkapui régiójában
(*M. caprae* és *Trueperella pyogenes* kevert fertőzés)



7. ábra Gennyes tartalommal telt tályog dámszarvas tüdejében
(*M. caprae* fertőzés)

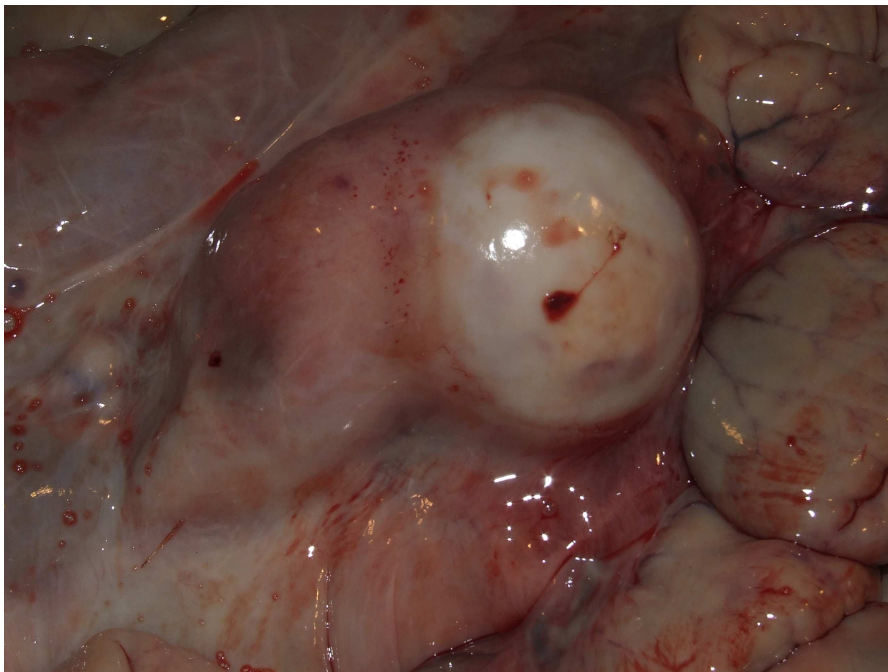


8. ábra Apró gümőkóros góc dámszarvas tüdejében
(*M. caprae* fertőzés)

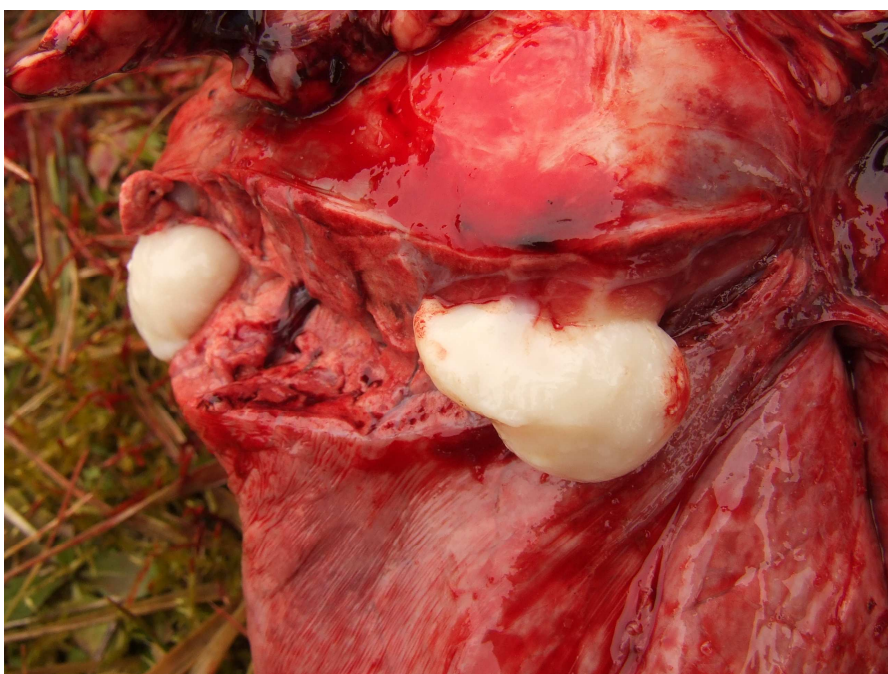
1. táblázat: Az egyes erdei fajokban tapasztalható kórbonctani és bakteriológiai prevalencia (2014–2016.)

Faj	Mintaszám	Látható elváltozás	<i>M. caprae</i> pozitív	Kórbonctani prevalencia (CI 95%)	Bakteriológiai prevalencia (CI 95%)
Vaddisznó (<i>Sus scrofa</i>)	175	111	38	63,4% (56,0–70,3)	21,7% (16,1–28,5)
Gímszarvas (<i>Cervus elaphus</i>)	25	5	3	20,0% (8,2–39,8)	12,0% (3,4–30,3)
Dámszarvas (<i>Dama dama</i>)	23	3	2	13,0% (3,7–32,4)	8,7% (1,6–27,8)
Őz (<i>Capreolus capreolus</i>)	3	2	0	66,7% (13,5–98,3)	0,0%
Vörös róka (<i>Vulpes vulpes</i>)	9	0	2	0,0% (0,0–63,2)	22,2% (4,1–55,8%)
Aranysakál (<i>Canis aureus</i>)	3	0	0	0,0% (0,0–63,2)	0,0% (0,0–63,2)

CI 95% = 95%-os konfidencia-intervallum



9. ábra Gím bélfodri tályog
(*M. caprae* fertőzés)



10. ábra Gennyes beolvadás gím tüdejében
(*M. caprae* fertőzés)



11. ábra Gyöngykór gímszarvasban
(*M. caprae* fertőzés)



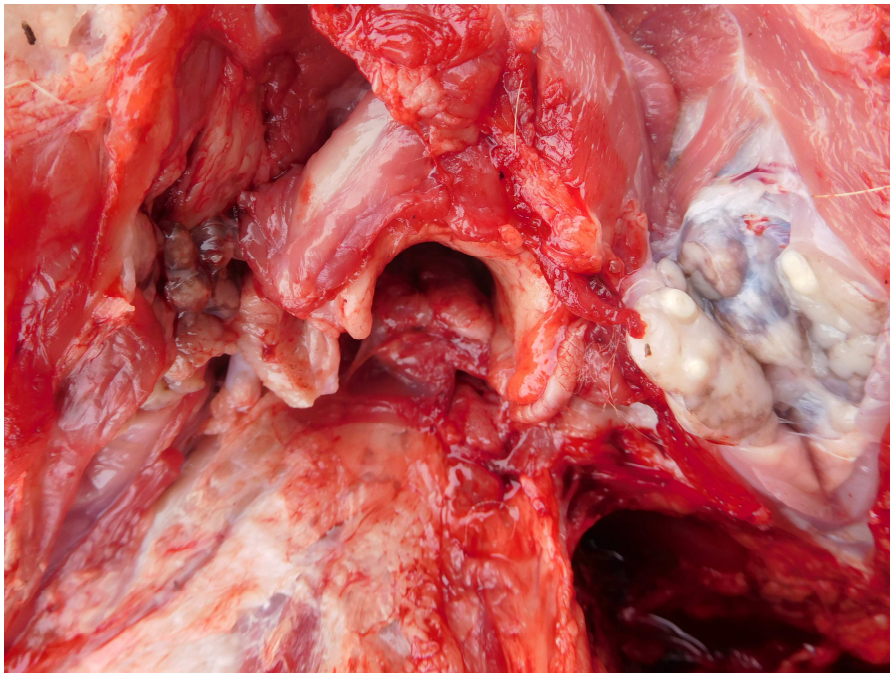
12. ábra Apró góccok vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában
(*M. caprae* fertőzés)



13. ábra Egyoldali gennyes-meszes heregyulladás vaddisznóban
(*M. caprae* fertőzés)

4.2. A megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat diagnosztikai értékének meghatározására irányuló vizsgálat eredményei

A zsigerezés során vizsgált 394 vaddisznótest közül kétféleképpen tapasztaltunk olyan elváltozást, amely megtekintéssel is észrevehető volt, míg további 129 esetben csupán a nyirokcsomók felmetszése után váltak láthatóvá az elváltozások (14. ábra). A két szembeeső elváltozás közül az egyik generalizált kórforma, a másik pedig a tüdő felszínén jól látható tályog volt (15-16 ábra).

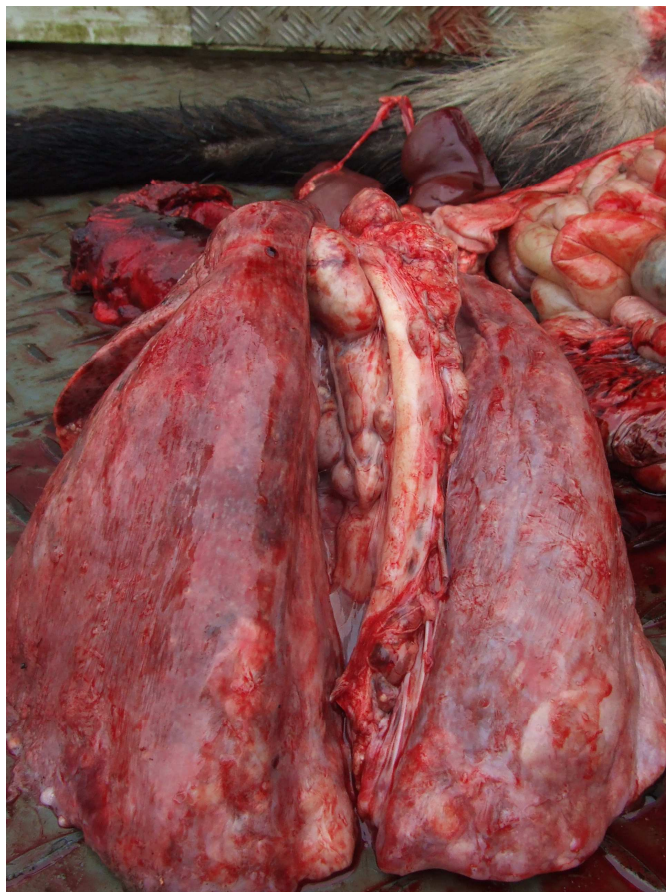


14. ábra Vaddisznó áll alatti nyirokcsomói:
a bal oldali, kiboncolás után látható



15. ábra Meszes elváltozás vaddisznó májkapui nyirokcsomójában,
amely tapintás és rámetzés nélkül nem vizsgálható
(*M. caprae* fertőzés)

Az elváltozást mutató áll alatti nyirokcsomók közül 44 mintát küldtünk a NÉBIH ÁDI diagnosztikai bakteriológiai laboratóriumába, ahol 13 mintából sikerült kimutatni *M. caprae* baktériumot. Egyetlen (0,3%; CI 95%: 0–1,5%) olyan egyedet észleltünk, amelynek különböző – feji, mellkasi és hasüregi – testtáji nyirokcsomójában figyeltünk meg, kizárólag rámetsszéssel azonosítható, gümőkórra gyanút keltő elváltozásokat (2. táblázat).



16. ábra Ritkán észlelhető kórbonctani kép: generalizált gümőkór mellkasi elváltozásai vaddisznóban (*M. caprae* fertőzés)

2. táblázat: A megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat és a rámetsszés diagnosztikai értéke a vaddisznóban végzett gümőkór-monitoring során (2015–2017.)

Post-mortem vizsgálat (N=394)		<i>M. caprae</i> kimutatása elváltozásokból (N=44)
Vadhúsvizsgálattal pozitív (N=2)	Rámetsszéssel pozitív (N=129)	<i>M. caprae</i> pozitív (N=13)
1,5% (CI 95%: 0,3–5,6%)	32,7% (CI 95%: 28,2–37,6%)	29,6% (CI 95%: 17,9–44,3%)

CI 95% = 95%-os konfidencia-intervallum

4.3. A vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának boncolására alapozott monitoring diagnosztikai értékelésére irányuló vizsgálat eredményei

A 2010–2014. közötti időszakban összesen 833, társas vadászatokon elejtett vaddisznó-test vizsgálatát végeztük el. Ezek közül 422 egyed a Zselicben, a korábbi járványtani tapasztalatok alapján az endémia központjának számító területen esett el. A kórbonctani és bakteriológiai eredményeket a 3. táblázat foglalja össze, a jellegzetes kórbonctani elváltozások a 17-21. ábrán láthatóak:

3. táblázat: Gümőkórra gyanút keltő elváltozások és *Mycobacterium caprae* baktérium kimutatása vaddisznó áll alatti nyirokcsomóiból (2010-2014.)

A minta eredete	Vizsgált testek száma	Kórbonctani pozitívok száma (aránya)	Fals pozitívok száma ^a	Fals negatívok száma ^b	A <i>M. caprae</i> valódi prevalenciája (CI 95%) ^c
Zselic ^d	422	166 (39,3%)	116	5	10,0 – 16,6%
Kelet-Zalai Dombvidék ^e	115	28 (24,4%)	28	0	0,0 – 3,3%
Külső-Somogy ^e	89	22 (24,7%)	22	1	0,1 – 6,0%
Nyugat-Belső-Somogy ^e	78	12 (15,4%)	12	0	0,0 – 4,8%
Kelet-Belső-Somogy ^e	94	28 (29,8%)	26	0	0,4 – 7,3%
Drávasík ^e	35	6 (17,1%)	6	0	0,0 – 9,6%
Összesen	833	262 (31,5%)	210	6	6,2 – 8,7%

^a Gümőkórra gyanút keltő elváltozás az áll alatti nyirokcsomóban anélkül, hogy a nyirokcsomó-garnitúrából *Mycobacterium caprae* kimutatható lett volna.

^b *M. caprae* kimutatása a nyirokcsomó-garnitúrából az áll alatti nyirokcsomó látható, gümőkórra gyanút keltő elváltozása nélkül.

^c A látszólagos prevalenciából statisztikai módszerrel számított érték.

^d Az endémia magterülete.

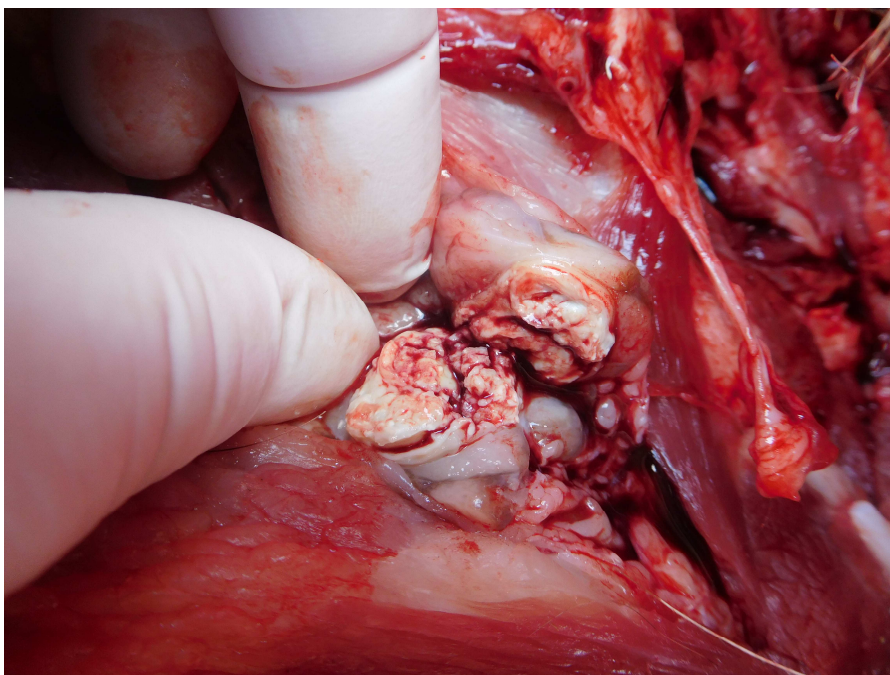
^e Sporadikusan fertőzött terület.



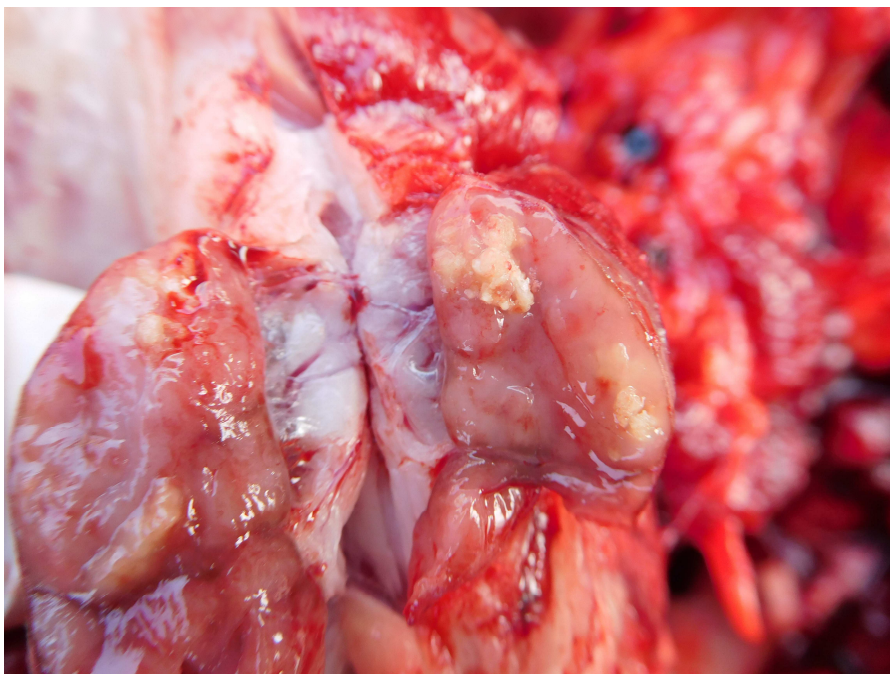
17. ábra Apró, gennyesen beolvadt góc
vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában (*M. caprae* fertőzés)



18. ábra Apró, gennyes tályogok
vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában (*M. caprae* fertőzés)



19. ábra Elsajtosodott tályogok
vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában (*M. caprae* fertőzés)



20. ábra Elmeszesedett gümőkóros góc
vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában (*M. caprae* fertőzés)



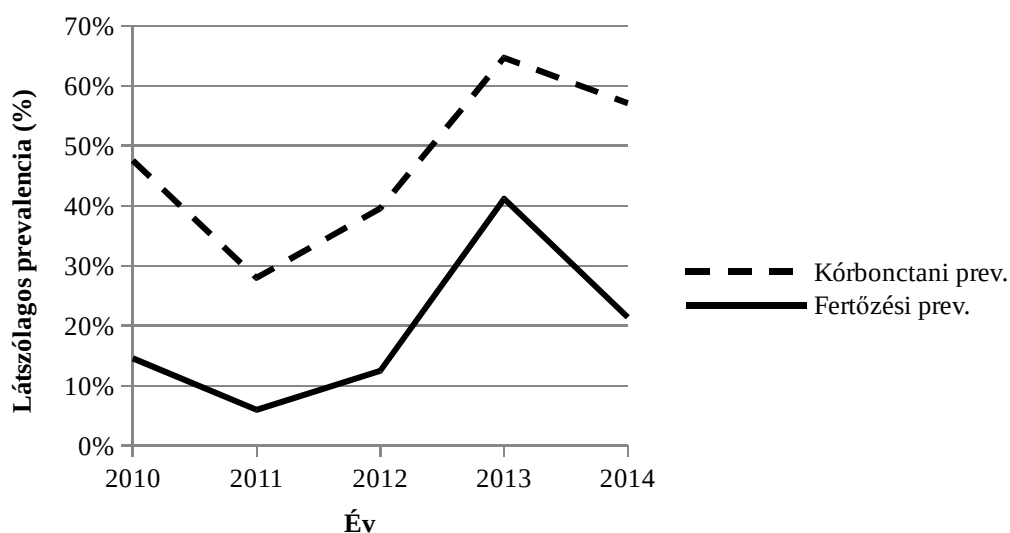
21. ábra Alig észrevehető meszes gócok
vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában (*M. caprae* fertőzés)

A magterületen megvizsgált 422 állati test kórbonctani és bakteriologia adatait évenként összesítve a 4. táblázat tartalmazza:

4. táblázat: Az áll alatti nyirokcsomóban észlelhető, gümőkórra gyanút keltő elváltozások és a bakteriologiai vizsgálattal kimutatható fertőzés populáción belüli arányainak összefüggése az endémia magterületén élő vaddisznókban

	2010	2011	2012	2013	2014
Vizsgált mintaszám	103	175	96	34	14
Látszólagos kórbonctani prevalencia	48%	28%	40%	65%	57%
Látszólagos fertőzési prevalencia	15%	6%	13%	41%	21%

A kórbonctani és a bakteriologiai vizsgálattal mérhető populáción belüli arány egymással szoros korrelációt mutat ($r=0,91$, $P=0,03$), amelynek grafikus ábrázolását a 22. ábra mutatja be.



22. ábra: Az áll alatti nyirokcsomóban észlelhető, gümőkőrra gyanút keltő elváltozások és a bakteriológiai vizsgálattal kimutatható fertőzés populáción belüli arányainak összefüggése az endémia magterületén élő vaddisznókban

A Win Episcopy 2.0 járványtani szoftverrel végzett számítás alapján a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának boncolására alapozott diagnosztikai módszer érzékenysége 89,7, míg specifikussága 72,9%-nak bizonyult (5. táblázat).

5. táblázat: Az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatára alapozott surveillance bakteriológiai vizsgálathoz viszonyított érzékenysége és specifikusságának meghatározása

	Bakteriológiai vizsgálat pozitív	Bakteriológiai vizsgálat negatív	Bakteriológiai vizsgálat összesen
Áll alatti nyirokcsomóban gümőkőros elváltozás	Valódi pozitívak 262-210=52	Fals pozitívak 210	262
Áll alatti nycs. elváltozás nélkül	Fals negatívak 6	Valódi negatívak 571-6=565	833-262=571
Összes kórbonctanilag vizsgált	52+6=58	210+565=775	833

4.4. A vaddisznó lehetséges járványtani szerepének meghatározására irányuló vizsgálat eredményei

A 2010–2017. közötti időszakban összesen 1521, társas vadászatokon elejtett vaddisznó-test vizsgálatát végeztük el. A szabad területen minden vadászati évben sikerült mintát gyűjtenünk, míg a vadaskertekben csupán hét vadászatot tartottak: ötöt az A, kettőt a B kertben (23. ábra). A hét vadászati év során gyűjtött mintákból számított összesített látszólagos prevalencia a kertekben 24,0%, míg a szabad területen 27,7% volt. Hat vadtest esetében tapasztaltunk generalizált, több testtájat is érintő kórformát. Ezek közül négy kertből, kettő pedig a szabad területi állományból került terítékre. A vizsgálatok részletes adatait a 6. táblázat tartalmazza.



23. ábra Etetőhely az „A kertben”: az aljnövényzet és az avar teljes hiánya jelzi a vaddisznó nagy populáció-sűrűségét

6. táblázat: Gümőkórra gyanút keltő elváltozások vizsgálata vaddisznó áll alatti nyirokcsomóiban, különböző élőhelyeken (2010–2016.)

Vadászati év	Élőhely	Vizsgált vadtestek száma	Kórbonctani pozitív testek száma ^a	Kórbonctani pozitív testek aránya ^a (CI 95% ^b)
2010/11	A kert*	73	10	13,7% (7,3–23,8%)
	Szabad terület	155	39	25,2% (18,8–32,5%)
2011/12	A kert	67	13	19,4% (11,3–30,5%)
	Szabad terület	92	30	32,6% (23,7–42,9%)
2012/13	Kertek	0 ^c	N/A	N/A
	Szabad terület	166	51	30,7% (24,1–38,2%)
2013/14	A kert	183	38	20,8% (15,3–27,3%)
	Szabad terület	275	71	25,8% (20,9–31,4%)
	B kert*	76	22	28,9% (19,6–40,1%)
2014/15	A kert	107	16	15,0% (9,2–23,3%)
	Szabad terület*	119	28	23,5% (16,7–31,9%)
2015/16	Kertek	0 ^c	N/A	N/A
	Szabad terület	38	11	29,0% (16,7–45,3%)
2016/17	A kert**	66	24	36,4% (25,7–48,5%)
	Szabad terület**	64	22	34,4% (23,3–46,9%)
	B kert**	40	18	45,0% (29,8–61,2%)

^a Szabad szemmel látható, gümőkórra gyanút keltő elváltozás az áll alatti nyirokcsomóban.

^b Konfidencia-intervallum.

^c Nem volt vadászat, nincs adat (N/A).

*Adott élőhelyen járványtani szempontból a legkedvezőbb év.

** Adott élőhelyen járványtani szempontból a legkedvezőtlenebb év.

Bár a látszólagos prevalencia átlagos értéke mindkét élőhely-típus esetében hullámzónak tűnik, az egyes évek összehasonlítása csupán az A kert legkedvezőbb és legkedvezőtlenebb éve között mutatott ki statisztikailag is igazolható különbséget ($P=0,002$), míg a másik kertben ($P=0,08$) és a szabad területen ($P=0,11$) a kórbonctani elváltozások prevalenciája nem mutatott igazolható ingadozást.

Ha a két kertet külön vetettük össze a szabad terület állományával, az A kert mind a szabad területtől ($P=0,002$), mind pedig a B kerttől ($P=0,001$) szignifikánsan különbözött a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában megfigyelhető kórbonctani elváltozások populáción belüli aránya tekintetében. A B kert és a szabad terület között pedig nem volt kimutatható statisztikailag is igazolható különbség ($P=0,13$).

4.5. A gímszarvas lehetséges járványtani szerepének meghatározására irányuló vizsgálat eredményei

A 2008–2014. közötti időszakban összesen 284, jellemzően társas vadászatokon elejtett gímszarvas-testet vizsgáltunk meg, amelyek közül 127 szabad területen, 157 pedig vadaskertben esett el. A szarvasmarha-gümőkór kórokozójaként kizárólag a *M. caprae* baktérium jelenléte volt igazolható mindkét típusú élőhely állományában.

Egy egyed kivételével valamennyi *M. caprae* izolátum ($N=17$) elváltozást mutató szervekből volt kimutatható, míg az egyéb *Mycobacterium* fajokat 99,3%-ban, szemmel látható elváltozást nem mutató szervekből igazolta a bakteriológiai laboratóriumi vizsgálat. Egy minta esetében MAP és nem *M. avium* NTM kevert fertőzést sikerült igazolni gümőkórra gyanút keltő elváltozást mutató bélfodri nyirokcsomóból.

A vadaskertben hat, míg a szabad területen tizenegy olyan mintát vizsgáltunk, amelyben a gümőkórra gyanút keltő elváltozás háttérében nem volt igazolható semmilyen *Mycobacterium* faj jelenléte. Az elváltozások szervezeten belüli eloszlásában szabályosságot nem tudtunk felfedezni, szabad szemmel is látható elváltozásokat a garat mögötti, a bélfodri, a gátorközi, az áll alatti nyirokcsomóban és a tüdőben is észleltünk a különböző egyedekben, míg egy esetben generalizált kórformában szenvedő egyedet vizsgáltunk.

A szabad területi és a vadaskerti gímszarvas-populációt összehasonlítva azt tapasztaltuk, hogy a szarvasmarha-gümőkór és a paratuberkulózis kórokozója a kerti állományban nagyobb arányban fordult elő, míg a MAC egyéb tagjai a szabad területi állományból voltak kimutathatóak nagyobb számban. A nem *M. avium* NTM törzsek jelenléte a két populációban azonosnak bizonyult (7. táblázat).

A kerti tartás járványtani kockázatát jellemző populációs járulékos kockázati hányad a szarvasmarha-gümőkór tekintetében 73,7 (CI 95% 4,7–92,7), míg a paratuberkulózis tekintetében 87,1%-nak (CI95% 15,4–98,0) bizonyult.

7. táblázat: A különböző élőhelyeken élő gímszarvas-populációkban kimutatható fertőzési prevalenciák összehasonlítása a különböző *Mycobacterium*-fajok tekintetében (2008–2014.)

Myco-bacterium	Prevalencia szabad területen (%, N=127)	Prevalencia Vadaskertben (%, N=157)	P-érték	Prevalencia-hányados (%, CI 95%)	Populációs járulékos kockázati hányad (%, CI 95%)
MTC	1,6	9,6	0,01>*	6,1 (1,4–26,0)	73,7 (4,7–92,7)
MAP	0,8	8,3	0,01>*	16,1 (2,1–121,2)	87,1 (15,4–98,0)
MAC	10,2	1,3	0,01>*	NA	NA
NANTM	10,2	7,6	0,44	NA	NA

*statistikailag igazolható prevalenciabeli különbség a szabad terület és a vadaskert között

NA: nem alkalmazható

4.6. Az egyes ökoszisztéma-elemek járványtani kockázatának meghatározására irányuló vizsgálat eredményei

A 2011–2016. közötti időszakban az öt vizsgált területen összesen 1987 vaddisznó-testen végeztük el az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatát, amelynek eredményét a 8. táblázat tartalmazza.

8. táblázat: A vaddisznó áll alatti nyirokcsomóinak kórbonctani vizsgálata öt Somogy megyei vadászterületen (2011–2016.)

	Mintaszám	Kórbonctanilag pozitív	Negatív	Látszólagos prevalencia (%)
1 Zselic	860	262	598	30,5
2 Belső-Somogy	328	65	263	19,8
3 Külső-Somogy	568	61	507	10,7
4 Kelet-Zalai-dombság	193	34	159	17,6
5 Drávasík	38	2	36	5,3
Összesen	1987	424	1563	21,3

Az európai vadállományban korábban végzett kockázatelemzések (García-Jiménez és mtsai., 2013; Gortázar és mtsai, 2007; 2012) és a gümőkórral kapcsolatos hazai járványtani tapasztalatok (MgSzH, 2010) figyelembevételével kiválasztott környezeti tényezőket a 9. táblázatban foglaltuk össze.

A parazitológia vizsgálatok részletes eredményeit a Melléklet tartalmazza. A tüdőférgesség esetében, ahol az egyes területeken mérhető átlagos prevalencia szignifikáns különbséget nem mutatott, illetve egyöntetűen nagyon magas, 90% fölötti volt, az egyes területeken mérhető átlagos intenzitás értékeket hasonlítottuk össze egymással és vetettük össze a gümőkóros fertőzöttség indikátorának tekintett kórbonctani elváltozások prevalenciájával (24. ábra).



24. ábra Tüdőféreg-fajok (*Metastrongylus spp.*) okozta fertőzöttség vaddisznóban

A *M. hirudinaceus* féreg okozta fertőzöttség, azokon a területeken, ahol előfordult, viszonylag magas átlagos intenzitást ért el, míg a prevalenciában jelentős különbségeket tapasztaltunk, így e parazita esetében a területenként mérhető prevalencia értékeket hasonlítottuk össze egymással, és vetettük össze a gümőkóros fertőzöttség indikátorának tekintett kórbonctani elváltozások populáción belüli arányával (25. ábra).



25. ábra *Macracanthorhynchus hirudinaceus* fertőzöttség vaddisznóban

9. táblázat: A vizsgált területeket jellemző, járványtani szempontból fontosnak minősített környezeti tényezők

	PREV (%)	Erdő (ha/km ²)	Mg.-vadkár (ha/km ²)	Vadföld (ha/km ²)	Sakál (db/km ²)	Róka (db/km ²)	Gím (db/km ²)	Dám (db/km ²)	Őz (db/km ²)	Vad-disznó (db/km ²)
1	30,5	68	1,5	2,8	0,04	0,5	1,3	0,05	0,8	2,9
2	19,8	2	0,4	3,5	0,2	0,1	1,2	1,7	0,4	2,6
3	10,7	48	16,9	1,1	0,1	0,8	4,0	0,6	0,6	2,8
4	17,6	72	1,8	0,7	0,0	1,6	1,8	0,0	1,2	4,5
5	5,3	6	11,7	0,9	0,3	0,5	1,5	0,0	0,4	4,4

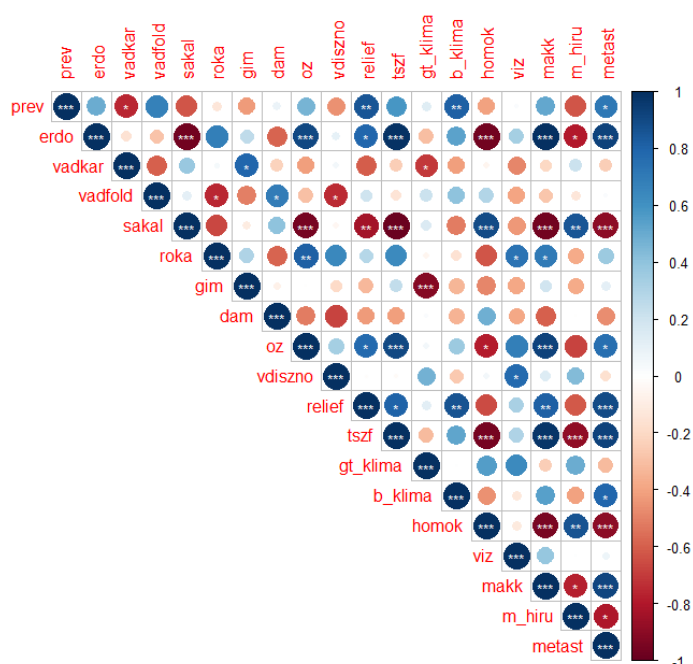
1 – Zselic, 2 – Belső-Somogy, 3 – Külső-Somogy, 4 – Kelet-Zalai dombvidék, 5 – Drávasík, PREV: az áll alatti nyirokcsomóban észlelt elváltozások aránya a vaddisznó-populációban, **Erdő (ha/km²):** az erdősültség aránya a vizsgált területen, **Mg. vadkár (ha/km²):** a vadállomány által károsított mezőgazdasági terület mérete a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve, **Vadföld (ha/km²):** a vadállomány számára a vadgazdálkodó által biztosított legelőterület a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve, **Sakál (db/km²):** a sakálteríték mérete a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve, **Róka (db/km²):** a rókateríték mérete a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve, **Gím (db/km²):** a gímszarvas-teríték mérete a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve, **Dám (db/km²):** a dámszarvas-teríték mérete a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve, **Őz (db/km²):** az őzteríték mérete a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve, **Vaddisznó (db/km²):** a vaddisznó-teríték mérete a vizsgálati terület 1 km²-ére vetítve

		Relatív relief (m/km ²)	Átlagos tszf. (m)	G- tölgyes klíma (ha/km ²)	Bükkös klíma (ha/km ²)	Talaj homok- tartalma (%)	Felszíni víz (ha/km ²)	Makk- termő erdő (ha/km ²)	M. hiru. PREV (%)	Metast. INT
1	30,5	150	210	77	23	1	1,9	26,2	0	93
2	19,8	29	150	100	0	90	2,0	0,5	38	23
3	10,7	25	190	17	0	1	0,6	16,9	0	56
4	17,6	100	215	98	2	1	5,8	28,7	4	65
5	5,3	11	135	100	0	90	2,7	2,2	100	18

1 – Zselic, 2 – Belső-Somogy, 3 – Külső-Somogy, 4 – Kelet-Zalai dombvidék, 5 – Drávasík, **Relatív relief (m/km²)**: a relatív relief maximális értéke, a relatív relief a domborzat változatosságának mérőszáma, a vizsgálandó felszín 1 km²-ére eső legalacsonyabb és legmagasabb pontok méterben kifejezett különbsége, **Átlagos tszf. (m)**: a terület tengerszint feletti magasságának átlagos értéke méterben, **G-tölgyes klíma (ha/km²)**: a gyertyános-tölgyes erdészeti klímaövbbe tartozó területek aránya (gyertyános tölgyes klíma jellemzői: a júliusi 14 órás átlagos relatív páratartalom 55-60%, az évi átlagos csapadék meghaladja a 600 mm-t, az évi középhőmérséklet átlaga meghaladja a 8 °C-ot), **Bükkös klíma (ha/km²)**: a bükkös erdészeti klímaövbbe tartozó területek aránya (a bükkös klíma jellemzői: a júliusi 14 órás átlagos relatív páratartalom meghaladja a 60%-ot, az évi átlagos csapadék 600-800 mm-nél több, az évi középhőmérséklet átlaga kevesebb, mint 8-10 °C), **Talaj homoktartalma (%)**: a területet jellemző talaj homoktartalma, a talaj víztartó képességének jellemzője, **Felszíni víz (ha/km²)**: a területen található állandó felszíni vizek (tavak, patakok) területegységre vetített felszíne, **Makktermő erdő (ha/km²)**: a 20 éves korú vagy annál idősebb tölgyes és bükkös erdőállományok területen belüli aránya, **M. hiru. PREV (%)**: a területen lelt vaddisznókban a *Macracanthorhynchus hirudinaceus*, buzogányfejű féreg előfordulási prevalenciája, **Metastr. INT**: a területen lelt vaddisznókban a *Metastrongylus spp.* tüdőférges átlagos fertőzési intenzitása.

A vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának kórbonctani vizsgálatára alapozott monitoring eredményeként nyert területenkénti prevalencia-adatok és az egyes ökoszisztéma-elemek esetleges összefüggéseinek elemzése során azt tapasztaltuk, hogy a relatív relief, a bükkös klíma területen belüli aránya, a vaddisznó *Metastrongylus*-fertőzöttsége, a vadföldek területi aránya és a terület átlagos tengerszint feletti magassága erős pozitív, míg a mezőgazdasági vadkár területi aránya és a sakálteríték területegységre vetített nagysága erős negatív korrelációban volt a kórbonctani prevalenciával. A korrelációs együtthatóra vonatkozó próba eredményeként csupán a relatív relief (P=0,08), a bükkös klíma (P=0,09) és a mezőgazdasági vadkár területegységre vetített nagysága (P=0,13) esetében valószínűsíthető, hogy a felfedett összefüggés valódi.

Az egyes ökológiai tényezők összefüggéseit a 26. ábra tartalmazza, amelyben a korreláció mértékét a körök mérete és színének intenzitása fejezi ki. A kék szín a két adott változó közötti pozitív, a vörös a negatív összefüggést jelöli. A körökben *, **, *** jelzi a 0,2; 0,1 és 0,05 szignifikancia-szinteket.



26. ábra Az egyes ökológiai tényezők és a vaddisznók áll alatti nyirokcsomójának kórbontani vizsgálatával nyert prevalencia összefüggései (az ábra nagyított verziója a Melléklet végén található)

metast: *Metastrongylus* spp. intenzitás, **tszf:** átlagos tengerszint feletti magasság méterben, **erdo:** erdőborítottság (ha/km²), **makk:** makktermő erdők aránya (ha/km²), **prev:** gümőkórra jellemző kórbontani elváltozás prevalenciája vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában, **relief:** relatív relief (m/km²), **b_klima:** bükkös klíma területi aránya (ha/km²), **roka:** rókateríték (db/km²), **oz:** őzteríték (db/km²), **gt_klima:** gyertyános-tölgyes klíma területi aránya (ha/km²), **vdiszno:** vaddisznó-teríték (db/km²), **viz:** állandó felszíni víz területi aránya (ha/km²), **vadkar:** vadállomány által károsított mezőgazdasági terület aránya (ha/km²), **gim:** gímszarvas-teríték (db/km²), **sakal:** sakáalteríték (db/km²), **homok:** talaj homoktartalma (%), **vadfold:** vadlegelő területi aránya (ha/km²), **dam:** dámszarvas-teríték (db/km²), **m_hiru:** *Macracanthorhynchus hirudinaceus* prevalenciája vaddisznóban; részletes magyarázatot lásd a ... táblázatnál. Kék szín: pozitív összefüggés, piros szín: negatív (fordított) összefüggés, körök mérete és színintenzitása: a korreláció mértéke, csillagok jelentése: ***p=0,05; **p=0,1; *p=0,2.

5. Megbeszélés

A 2008–2017. között elvégzett vizsgálsorozatokban arra kerestük a választ, hogy az erdei környezetben fennmaradó szarvasmarha-gümőkór fertőzöttség milyen vizsgálati módszerekkel tanulmányozható, illetve milyen járványtani kockázatot jelenthet a szabad tartású háziállat állományokra.

A korábbi szakirodalmi adatokra támaszkodva (Aranaz és mtsai., 2004; Delahay és mtsai., 2007; Naranjo és mtsai., 2008; Okafor és mtsai, 2011.; Schoepf és mtsai, Thoen és mtsai., 2009), elsősorban a nagy populációsűrűségben jelen levő patás nagyvad-fajok, így a vaddisznó és a gímszarvas vizsgálatát kezdtük el a dél-dunántúli gümőkór endémia magterületén, a Zselicben, illetve Somogy megye további négy, sporadikusan fertőzött táján. Később adatokat gyűjtöttünk a vizsgálati területeken élő többi vadfajról, hogy kiválasszuk azokat, amelyek a fertőző betegségek rezervoár-fajaira vonatkozó kritériumoknak megfelelnek. Azokat a fajokat kerestük, amelyeket a vadgazdálkodó nagy egyedszámban ejtett el a területen, a szakirodalmi adatok tanúsága szerint jelentős prevalenciával fordulhat elő bennük a gümőkór idült formája és életmódjuk révén az emberi települések közelében, így a legeltetett háziállat állományok élőhelyén is előfordulnak (Delahay és mtsai., 2001).

Az előzetes elemzéssel kiválasztott hat állatfaj, a vaddisznó, a gímszarvas, a dámszarvas, az őz, a vörös róka és az aranysakál elejtett egyedeit vizsgálva a vörös róka, a vaddisznó és a két nagytestű szarvasféle esetében találtunk kellően nagyarányú (10% -ot meghaladó) kórbonctani és/vagy bakteriológiai prevalenciát ahhoz, hogy az adott állatfajra alapozott surveillance eredményes lehessen. Az őz és az aranysakál esetében, a vizsgálati időszakban lelőtt egyedek kis száma miatt, nem volt megállapítható pontos prevalencia, illetve az adott fajokra alapozott surveillance diagnosztikai értéke.

Figyelembe véve azonban a korábbi észak-amerikai tapasztalatokat, ahol a prérifarkasra alapozott surveillance segítségével hatékonyan tudták nyomon követni a vizsgált terület fehérfarú szarvas-állományát fertőző gümőkór-járványt (VerCauteren és mtsai., 2008), úgy véljük, hogy az aranysakál valódi járványtani szerepének tisztázása további vizsgálatokat igényel. Az aranysakál a hazai ökoszisztémában hasonló táplálkozási niche-t tölt be, mint az észak-amerikai prérifarkas, ezért fertőzés-akkumuláló szerepe feltételezhető.

A vörös róka vizsgált egyedei közül – bár azok 22,2%-ban fertőzöttnak bizonyultak *M. caprae* baktériummal – egyetlen esetben sem tapasztaltunk szabad szemmel is látható, gümőkórra gyanút keltő elváltozást. Bár a vizsgált mintaszám a rókák esetében is szerény

(N=9), az eredmények alapján megállapítható, hogy a vörös róka jó indikátora lehet az ökoszisztémában fennálló gümőkóros fertőzöttségnek. Ugyanakkor nehézséget okoz az, hogy a fertőzött állatok nem mutattak szabad szemmel is vizsgálható elváltozást, így az adott ökoszisztémában ez a faj csak bakteriológiai vizsgálattal tudott értékelhető adatot szolgáltatni a gümőkórrol.

A nagytestű patások – a vaddisznó, a gímszarvas és a dámszarvas – esetében azt tapasztaltuk, hogy mind a kórbonctani, mind pedig a bakteriológiai prevalencia eléri, vagy erősen megközelíti a 10 százalékot, így a 95%-os biztonsággal történő kimutathatósághoz szükséges mintaszám végtelen méretű populáció esetében 29 db, ami néhány terelő vadászat alkalmával, rövid időn belül összegyűjthető az adott vadászterületen (Pfeiffer, 2009).

Jelen vizsgálatunk eredményei alapján a gímszarvas és a vaddisznó bizonyult a legígéretesebbnek, amelyekre az ökoszisztémában jelen levő gümőkóros fertőzöttség felmérése alapozható. A gímszarvas esetében minden bakteriológiailag pozitív lelet háttérében megfigyelhető volt gümőkóra gyanút keltő elváltozás, ezért feltételezhető, hogy a teljes test diagnosztikai boncolására alapozott felmérés jó hatékonysággal szűri ki a gyanús eseteket, amelyek azután bakteriológiai laboratóriumi vizsgálattal igazolhatók.

A vaddisznó esetében a kórbonctani elváltozások jelentős részének háttérében nem volt igazolható gümőkór-fertőzöttség. Ez a tapasztalat egyezik más szerzőkével, akik a gümőkóra gyanút keltő elváltozások háttérében, sok esetben, egyéb *Mycobacterium* fajokat, vagy az *Actinomycetales* rendbe tartozó egyéb baktériumokat, pl. *Rhodococcus equi*, *Trueperella pyogenes* mutattak ki (Cardoso-Toset és mtsai., 2015; Corner és mtsai., 1981; Pate és mtsai, 2004).

A vaddisznók vizsgálata során az áll alatti nyirokcsomóban figyeltünk meg leggyakrabban gümőkóra gyanút keltő elváltozásokat, illetve ebben a vizsgálati szakaszban egyetlen olyan esettel sem találkoztunk, ahol az áll alatti nyirokcsomó érintettsége nélkül, más szervben lett volna elváltozás. Ezért feltételeztük, hogy az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatára alapozott surveillance használható adatokat szolgáltat az ökoszisztémában jelen levő gümőkóros fertőzésre. A szarvasféléknél ilyen szabályosságot nem fedeztünk fel, sőt, sok esetben csak részletes kórbonctani vizsgálattal lehetett láthatóvá tenni az egy-egy nyirokcsomót, vagy a tüdő szövetét érintő kisebb elváltozásokat.

Az endémia magterületén élő, legnagyobb populációmérettel rendelkező, vadászható vadfajok vizsgálata alapján megállapítottuk, hogy az ökoszisztéma gümőkór-fertőzöttségének folyamatos nyomon követésére leginkább alkalmasnak tekinthető vadfaj – a vizsgált ökoszisztémában – a vaddisznó.

Eredményeink összhangban vannak a korábbi európai eredményekkel, amelyek azt igazolják, hogy a vaddisznóban, különösen annak áll alatti nyirokcsomójában szabad szemmel is jól látható elváltozást okoz a gümőkóros fertőzöttség (Naranjo és mtsai., 2008). A vaddisznó fertőzés-akkumuláló szerepe dögevő életmódjával magyarázható, amelynek során rendszeresen találkozhat kórokozókat tartalmazó állati maradványokkal (Ballari és mtsai., 2014; Focardi és mtsai., 2017; Massei és Genov, 2004).

A kutyafélék hasonló tulajdonsága más ökoszisztémákban már bizonyítást nyert (Berentsen és mtsai., 2011; Orlowska és mtsai., 2017; VerCauteren és mtsai., 2008), sőt az Ibériai-félszigeten végzett vizsgálatokban igazolódtott, hogy a vörös rókában is kialakulhat a gümőkór előrehaladott, generalizált kórformája (Martín-Atance és mtsai., 2005; Matos és mtsai., 2014), ezért e fajok pontos járványtani szerepének tisztázása további vizsgálatokat igényel.

A vaddisznó és a szarvasfélék esetében vizsgáltuk annak a lehetőségét, hogy a terítéken vagy a vadfeldolgozóban elvégezhető vadhúsvizsgálat milyen formában segítheti az ökoszisztémában jelenlevő gümőkóros fertőzöttség nyomon követését. A szarvasfélékben tapasztalt változatos kórbonctani kép és a sokszor csak egészen apró elváltozások alapján úgy ítéltük meg, hogy ezek a fajok kevés használható adatot szolgáltatnak a vadhúsvizsgálatra alapozott surveillance során.

A vaddisznó esetében a terítéken végeztünk – az európai uniós ajánlásoknak megfelelő (Dadios és mtsai., 2014; Hill és mtsai., 2014) – megtekintésen alapuló húsvizsgálatot. Ennek során, az endémia magterületén elejtett 394 vaddisznó közül csupán kettőben sikerült megtalálnunk a gümőkórra gyanút keltő elváltozást rámetésés alkalmazása nélkül, bár részletes kórbonctani vizsgálattal további 129 vadtestben észleltünk ilyen – többnyire az áll alatti nyirokcsomóban, amely rámetésés nélkül nem vizsgálható.

Bár a vadhúsvizsgálatot kiegészítő, a gümőkór kimutatására irányuló bakteriológiai laboratóriumi vizsgálat jelentős, közel 30%-os látszólagos prevalenciát igazolt a vizsgált populációban, az egész szervezetre kiterjedő kórformát csupán két esetben észleltünk. Ez a tapasztalatunk különbözik a hasonló mértékben fertőzött ibériai területeken szerzett ismerettől, amely az ilyen jelentős fertőzöttségi arány mellett nagyszámú generalizált eset előfordulásáról számol be, különösen a fiatalabb korcsoportokban (Vicente és mtsai., 2006). Ez az ellentmondás felhívja a figyelmet arra, hogy a különböző ökoszisztémákban nagyon különböző lehet ugyanazon faj populációinak szerepe egy adott betegség járványtanában.

A jelenlegi európai irányzat a húsvizsgálat, ezáltal a vadhúsvizsgálat módszertanában a tapintásos és rámetésés vizsgálatok mellőzése. A korábbi élelmiszerlánc-biztonsági kockázatelemzések azt a feltételezést erősítették meg, hogy a

tapintással és rámetéssel nyert adatok kockázatcsökkentő szerepe elhanyagolható az emiatt az állati testet érő kenődéses fertőzés kockázatnövekedése mellett (Dadios és mtsai., 2014).

Ugyanakkor meg kell jegyezni, hogy szerte Európában évente több ezer vaddisznót dolgoznak fel a vadfeldolgozók, ahol kis költséggel, nagy területeket reprezentáló, hatalmas mennyiségű mintán elvégezhető kórbonctani surveillance lehetősége áll rendelkezésre. Tekintettel arra, hogy a csupán egy nyirokcsomót érintő, gümőkórra gyanút keltő elváltozás észlelése nem jelenti a teljes test elkobzását, ezáltal az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálata nem kell, hogy része legyen az egyedi húsvizsgálatnak. A vadfeldolgozóba kerülő vaddisznótestekről a fejet, benne az áll alatti nyirokcsomóval, még a feldolgozási sor kezdetén eltávolítják, majd ezt követően állati melléktermékként kezelik. Ha a vadfeldolgozó üzemekben lehetőséget teremtenének az áll alatti nyirokcsomók vizsgálatára, a feldolgozó technológiai sortól elkülönítetten, értékes járványtani adatokhoz jutnánk a vadhús élelmiszerlánc-kockázata nélkül.

Bár a gümőkór közvetlen élelmiszerlánc-kockázata az európai járványtani viszonyok között elhanyagolható (Michel és mtsai., 2010; Müller és mtsai., 2013), ezért a húsvizsgálat során fel nem fedezett fertőzés elsősorban nem az érintett test fogyaszthatósága szempontjából jelent problémát. A vadállományban jelenlevő fertőzések monitorozása, így a vadhúsvizsgálat mint monitoring-lehetőség a legeltetett háziállat-állományt érintő járványvédelmi kockázat felmérését is kell hogy szolgálja (Riviére és mtsai., 2015). A jelenleg alkalmazott vadhús-vizsgálati módszertant elemezve megállapítható, hogy az nem alkalmas a vaddisznóban kórboncolással egyébként megtalálható, szabad szemmel jól látható elváltozások megtalálására sem.

Az európai gümőkór endémiás területeken szerzett tapasztalatok (Martín-Hernando és mtsai., 2007; Risco és mtsai., 2014; Santos és mtsai., 2009, 2010) és saját korábbi tapasztalataink alapján vizsgáltuk meg annak a lehetőségét, hogy csupán a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának kórbonctani vizsgálata alkalmas lehet-e a vadállományban előforduló gümőkóros fertőzöttség nyomon követésére. Ehhez mind az endémia magterületén, mind pedig a sporadikusan fertőzött területeken végeztünk részletes kórbonctani és bakteriológiai laboratóriumi vizsgálatot, amelyek eredményét összevetettük az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatának eredményével. A vizsgálatba vont 833 vaddisznótest, amelynek mintegy fele az endémia magterületéről származott, kórbonctani vizsgálata eredményeként megállapítható, hogy a bakteriológiai vizsgálathoz, mint aranystandardhoz viszonyítva, az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatának érzékenysége 89,7%, míg specifikussága

72,9%. Ez alapján az áll alatti nyirokcsomó kórboncolása önmagában nem elégséges egy adott vaddisznótest egyedi állat-egészségügyi státuszának meghatározásához.

Ugyanakkor az endémia magterületén öt egymást követő évben gyűjtött 422 minta vizsgálatával megállapítható volt, hogy az áll alatti nyirokcsomóban megtalálható, gümőkórra gyanút keltő elváltozások populáción belüli aránya szoros korrelációt mutat a vaddisznótestekből gyűjtött nyirokcsomó-garnitúra bakteriológiai vizsgálatával kimutatható gümőkór fertőzési prevalenciával. Ez lehetővé teszi, hogy csupán az áll alatti nyirokcsomók rendszeres vizsgálatával adatokat nyerjünk egy adott területen a járványmenet alakulásáról.

Tekintettel arra, hogy a vadfeldolgozó üzemekbe úgy kerülnek be a vaddisznótestek, hogy azokon még hozzáférhető az áll alatti nyirokcsomó – ám a zsigeri szervek már nem –, az egyes vadászterületekről származó nyirokcsomók elkülönített gyűjtésével gyorsan és kis költséggel lehetséges nagyszámú mintát átvizsgálni és előszűrni, későbbi bakteriológiai vizsgálat elvégzéséhez. Bár munkánk során a bakteriológiai vizsgálattal pozitívnak bizonyult minták 10,3%-a nem mutatott szabad szemmel is látható elváltozást, illetve az elváltozott nyirokcsomók jelentős részéből nem volt kimutatható a gümőkór kórokozója, az egyértelműen megfigyelhető, hogy az endémia magterületén a kórbonctani elváltozások száma is kiemelkedő a többi vizsgált területhez viszonyítva. Erre a megfigyelésre alapozva véljük, hogy a vadfeldolgozó üzemekbe kerülő vaddisznók áll alatti nyirokcsomójának rendszeres vizsgálatával megállapítható, hogy mely területeken gyanítható a gümőkór megjelenése, terjedése; és az elváltozást mutató nyirokcsomókból a 10%-os prevalencia 95%-os biztonsággal történő kimutathatóságához szükséges számú minta bakteriológiai vizsgálatával pontosan lokalizálhatók a magas járványtani kockázatú területek.

Bár a vaddisznó-populációban jelentős arányban volt kimutatható a gümőkór-fertőzöttség a vizsgálati időszakban, a generalizált esetek aránya még az endémia magterületén sem haladta meg az 1%-ot. Ez a megfigyelés ellentmondásban volt a más európai endémiás területeken tapasztaltakkal, ahol a magas fertőzési prevalencia jelentős számú generalizált esetet eredményezett (Risco és mtsai., 2014; Santos és mtsai., 2010; Vicente és mtsai., 2006). Ezért feltételeztük, hogy a vizsgált vaddisznó-populáció fertőzésfenntartó szerepe eltér a korábban részletesebben tanulmányozott európai populációkétól.

A dél-dunántúli vaddisznó-populáció fertőzésfenntartó szerepének tisztázása érdekében abból a feltevésből indultunk ki, hogy a gümőkór esetében, amely egy faj populációján belül elsősorban közvetlen érintkezéssel terjedő betegség, a fertőzést fenntartó állatpopulációkban a betegség terjedése sűrűségfüggő (McCallum és mtsai, 2001; Hu és mtsai, 2013). Vagyis, ha a fertőzött állatpopuláció sűrűsége növekszik, ez megnöveli a

fertőző kontaktusok számát a populáción belül, ezáltal emelkedik a fertőzési prevalencia. Ennek vizsgálatához a gümőkór-endémia magterületén élő szabad területi populációban és az azon belül létesített vaddisznós-kertekben élő vaddisznó-állományban határoztuk meg az áll alatti nyirokcsomóban észlelhető, gümőkórra gyanút keltő elváltozások populáción belüli arányát.

A vizsgált vaddisznóskertek állományát a környező populációból fogják be évről évre, ezért úgy tekinthetjük, hogy a vaddisznóskerti állományok a szabad területi populációból származó véletlenszerű minták, amelyek befogásuk pillanatában a szabad területi populációban tapasztalható fertőzési prevalenciával rendelkeznek, a szabad terület járványtani viszonyait reprezentálják. A vadaskertben a területegységre vetített populációméret, a populációsűrűség, tízszeresére emelkedik, amint a befogott populációhányad a kertekbe kerül, ezáltal megnő a lehetőség a fertőzés terjedésére. Ez alapján azt várnánk, hogy a befogott populációban a fertőzés gyorsan terjedni kezd és rövid időn belül magas prevalenciát ér el.

Ezzel ellentétben, vizsgálataink nem igazoltak szignifikáns különbséget a szabad területi és a kerti populáció fertőzöttsége között, sőt egyes években a kertekben mérhető prevalencia – bár nem szignifikáns mértékben – de alacsonyabb volt a szabad területinél.

Ha a két vizsgált kertet külön-külön vetettük össze a környezettel, azt figyelhettük meg, hogy abban a kertben, ahol az állatok hosszabb időt, 2-4 évet töltöttek el a befogásukat követően, szignifikánsan alacsonyabb prevalenciával fordult elő az áll alatti nyirokcsomó gümőkórra gyanút keltő kórbonctani elváltozása, mint a másik kertben, ahol a befogást követő évben történt a vadászat. Tapasztalataink alapján nem igazolható, hogy a vizsgált vaddisznó-populációban sűrűségfüggő lenne a gümőkóros fertőzöttség terjedése.

Amennyiben a terjedés nem sűrűségfüggő, felmerül annak lehetősége, hogy a vizsgált populáció nem valódi rezervoárja a betegségnek, hanem külső forrásból – egy másik rezervoárfajtól – fertőződik. További lehetőség, hogy járványtani szempontból már a szabad területi populáció is olyan nagy sűrűségűnek tekinthető, hogy a tízszeres emelkedés már nem jelent olyan mértékű változást, ami tovább fokozná a fertőzés terjedési sebességét (Hu és mtsai., 2013).

Ennek az utóbbi elméletnek ellentmond az a megfigyelés, hogy a gümőkór endémia magterületén és a sporadikusan fertőzött területeken is hasonló sűrűségű vaddisznó-populáció él, lényegesen alacsonyabb mértékű gümőkór-prevalenciával.

A vizsgált vaddisznó-populációkban tett megfigyeléseink nagyrészt ellentmondanak a más európai országokban a vaddisznógümőkór tanulmányozásával nyert tapasztalatoknak. Az Ibériai-félszigeten, Franciaországban és Olaszországban végzett vizsgálatok azt

látszanak igazolni, hogy Európában a vaddisznó a legfontosabb fenntartója a fertőzésnek (Cunha és mtsai., 2012; Gortázar és mtsai., 2008; Naranjo és mtsai., 2009; Santos és mtsai., 2009; Zanella és mtsai., 2008b). Bár a dél-dunántúli vaddisznó-állomány sűrűsége az egyéb európai állományokéval összevetve kiemelkedő (Massei és mtsai., 2015; Vetter és mtsai., 2015), a vizsgálataink alapján feltételezhető fertőzési prevalencia jelentős mértékben elmarad az említett területeken kapott értékektől.

További eltérő tapasztalatunk, hogy a generalizált esetek előfordulása a sporadikusan fertőzött területeken egyáltalán nem, az endémiai magterületén pedig egészen alacsony, 1% alatti mértékben figyelhető meg.

A generalizált gümőkór ritka előfordulása arra enged következtetni, hogy a vizsgált vaddisznó-populáció hatékonyan áll ellen a betegségnek. Ennek hátterében azt feltételezzük, hogy az Európa más részein élő vaddisznó-populációk élőhelye a dél-dunántúlinál kevésbé jó minőségű, a populációsűrűségük a terület eltartó képességének közelében lehet. Feltételezhetően ez az oka, hogy a gümőkóros fertőzöttség ökológiai korlátozó tényezővé lép elő ezekben az állományokban, míg a Dél-Dunántúlon a fertőzés nem játszik szerepet a vaddisznó-egyedek túlélésében (Faragó és Náhlik, 2010; Fowler, 1981).

Az endémia magterületén élő gímszarvas-állományban végzett hasonló vizsgálat – a szabad területi és a kerti állomány összehasonlítása – egészen más eredményre vezetett, mint a vaddisznóké. A kerti állomány gümőkóros fertőzöttsége szignifikáns eltérést mutatott. A kerti tartás járványtani kockázatát jellemző populációs járulékos kockázati hányad a szarvasmarha-gümőkór tekintetében 73,7% volt. A populációs járulékos kockázati hányad azt az arányt fejezi ki, amennyivel csökkenne a fertőzés előfordulása, ha a kockázati tényező – a kerti tartás – megszűnne.

Vizsgálatunk során nem csupán a szarvasmarha-gümőkór kórokozója – amely az adott ökoszisztémában a *M. caprae* baktérium – hanem az egyéb kimutatható *Mycobacterium*-fajok előfordulási arányait is meghatároztuk a két élőhely-típusban, a kertben és a szabad területen. A paratuberkulózis-fertőzöttség esetében a populációs járulékos kockázati hányad még a gümőkórnál is magasabb értékűnek, 87,1%-nak bizonyult.

Az eredményeink azt látszanak igazolni, hogy a kerti állományok az obligát patogén fajokat – a *M. caprae* és a paratuberkulózist okozó *M. avium* ssp. *paratuberculosis* baktériumot – akkumulálják, ugyanakkor a szabad területi állományokban az inkább fakultatív kórokozóknak mondható, a MAC komplexbe tartozó egyéb baktériumok előfordulása a gyakoribb. Érdekes megfigyelésünk, hogy a nem *M. avium* NTM baktériumok a két élőhely állományaiban azonos arányban fordultak elő.

A kerti tartás, mint járványtani kockázati tényező, nagyon összetett, sok elemből álló rendszer. A természetesnél magasabb populáció-sűrűség szociális stresszt okozhat, növeli az egyedek közötti fertőző kontaktusok számát és elősegíti a kórokozók környezetben való felhalmozódását is. Ugyanakkor a folyamatos takarmányozás és az állat-egészségügyi felügyelet kedvezően befolyásolja az állatok általános egészségi állapotát, ezáltal a fertőzésekre adott immunválaszt is (Cross és mtsai., 2013; Becker és Hall, 2014). A humán populációban (Biet és mtsai., 2005; Crampin és mtsai., 2006; Kalonji és mtsai., 2016) és különböző állatfajokon (Höner zu Bentrup és Russell, 2001; Cambier és mtsai., 2014; Broughan és mtsai., 2016) végzett vizsgálatok azt igazolták, hogy a zsúfoltság, az alultápláltság és az ezek következtében kialakult csökkent ellenálló képesség kiemelkedő szerepet játszik a MTC kórokozók járványtanában.

A tenyésztett gímszarvas nem valódi háziállat, a mesterséges környezethez kevésbé adaptálódott. A kerti körülmények között a házasított kérődző fajok számára alkalmas takarmányokkal látják el az állatokat. Ezek a takarmányok mind fehérje-, mind mikroelem-tartalmukban elmaradnak a vadon élő kérődzők takarmányaitól. Ezáltal az hiába biztosítja az állatok energia-szükségletét, a háttérben mégis kialakul egyfajta minőségi éhezés, ami kedvezőtlenül befolyásolja az állatok immunválasz-készségét (Becker és Hall, 2014).

A kerti tartás mégis talán legszembetűnőbb különbsége a szabad területi populációkkal összehasonlítva, a populáció-sűrűség. Szarvasfélék esetében Broughan és mtsai. (2016) vizsgálatainak eredményeképpen a gümőkór terjedése a gím- és dámszarvasok között sűrűségfüggőnek bizonyult. Ugyanakkor Cross és mtsai. 2013-as, vapitiken (*Cervus canadensis*) végzett vizsgálatukban azt igazolták, hogy csupán a nagyon hideg teleken tapasztalható a mesterséges etetőhelyek körül az állomány csoportosulása, amely megnöveli az egy egyedre vonatkoztatott, fajon belüli kontaktusok számát. Ez megkérdőjelezi annak lehetőségét, hogy a vapitiben – amely a hazai gímszarvas egyik közeli rokonfaja – érvényesülhessen a sűrűségtől függő kórokozó-terjedés. Az a megfigyelés, miszerint azok a fajok, ahol a várható élettartam magasabb, nagyobb eséllyel válnak a gümőkór rezervoárjává, szintén nem támasztja alá a sűrűségfüggés elméletét (Cross és mtsai., 2013; Morters és mtsai., 2013). A szakirodalmi adatokat összegezve, feltételezzük, hogy a populációsűrűség járványtani szerepe a konkrét állomány részletes elemzése nélkül nehezen meghatározható.

A zárt téri tartás további lehetséges kockázati tényezője az állományban végzett állat-egészségügyi ellenőrzések nem kellő hatékonysága (Stuart és mtsai., 1988). A vizsgált állományban kizárólag a tenyésztésre szánt egyedek időszakonkénti tuberkulin-vizsgálatát végezték el a 64/432/EK Irányelv előírásainak megfelelően. A vadaskertben kizárólag a jelen

tanulmány alapját képező kórbonctani és bakteriológiai monitoring vizsgálat történt. Szarvasfélékben az évi egyetlen tuberkulin-vizsgálat nem ad elegendő információt az állomány tényleges fertőzési státuszának megállapításához. Kizárólag az eredmény alapú, többféle vizsgálati módszert is magukba foglaló surveillance-rendszerek – amelyek akár egyetlen fertőzött állatot is képesek nagy biztonsággal megtalálni bármely méretű populációban – alkalmasak a mentesítésre és a mentesség fenntartására. Az ilyen rendszerek fejlesztése az adott gazdaság technológiájának, illetve környezeti tényezőinek járványtani szempontú elemzésével, mindig a helyi viszonyok figyelembe vételével lehet eredményes. Minden szarvastartó gazdaságra érvényes, általános szabályok nincsenek, ezért a kötelező vizsgálati módszertant előíró, egységes surveillance-rendszerek – amilyen a 64/432/EK Irányelvben előírt évenkénti tuberkulin-vizsgálat is – nem alkalmasak a gümőkór-mentesség elérésére és fenntartására (More és mtsai., 2009; Probst és mtsai., 2010).

A populációs járulékos kockázati hányad kiszámítása során három kritériumnak kell teljesülnie, hogy a számított érték valóban azt a kockázati hányadot fejezze ki, amely a kockázati tényező kiiktatásával hatékonyan kezelhető (Levine, 2007). Az első, hogy az érték meghatározása minél inkább hibamentes legyen. Jelen vizsgálatunkban az alkalmazott surveillance-módszer nem pontosan meghatározható érzékenysége és specifikussága okoz bizonytalanságot a számított értékben. A második, hogy a feltételezett kockázati tényező valódi oka legyen a fertőzési kockázat növekedésének és ne csupán enyhe összefüggés álljon fent a kettő között. A zárttéri tartás nagyon komplex, mint kockázati tényező. Nem csupán a nagyobb populáció-sűrűség, de rengeteg egyéb – korábban már részletezett – faktor is hozzájárul a szarvastartás járványtani kockázatához. A harmadik kritérium a populációs járulékos kockázati hányad kiszámítása során, hogy a kockázati tényező megszüntetése ne befolyásolja az egyéb kockázati tényezők előfordulását és hatását. Ahogy a második kritériumnál már megemlítettük, a zárt téri tartás több kockázati tényező komplexe, amelyből a populációsűrűség csak egy – bár feltételezhetően az egyik legfontosabb – elem.

A paratuberkulózis esetében a zárt téri tartás populációs járulékos kockázati hányada 87,1%, amely magasabb is és a konfidencia intervalluma is lényegesen keskenyebb, mint a szarvasmarha gümőkór esetében. Ez a magas érték – ugyanúgy, ahogy a gümőkór esetében is – arra enged következtetni, hogy a kockázati tényező definíciója meglehetősen pontatlan. Mind a gümőkór, mind pedig a paratuberkulózis esetében nagyon nehéz meghatározni azokat az intézkedéseket, amelyek hatékonyan csökkenthetik a veszélyeztetett csoport fertőzési kockázatát.

A *M. avium* ssp. *paratuberculosis* obligát, intracelluláris kórokozó, amely a környezetben viszonylag hosszú időn keresztül képes életben maradni. A kérődző fajok között a legfogékonyabb korosztály az újszülötteké, amikor az egyed fertőzött anyja tejével, főcstejével fertőződik a legnagyobb valószínűséggel. Nagyon szennyezett környezetben, ahol a fertőzési nyomás nagyon magas, a borjak gyakran fertőződnek közvetett úton is (Whittington és mtsai., 2004; Rosenblueth és mtsai., 2011; Arsenault és mtsai., 2014).

Természetes környezetben, ahol az ellő tehenek kisebb csoportokban élnek, a környezet fertőzőkövetítő szerepe másodlagos jelentőségű. Mivel a kórokozó környezetben való túlélése – bár kedvező körülmények között több hónap is lehet (Machackova és mtsai., 2004) – mégis korlátozott, így a terjedés leghatékonyabb módja a fertőzött, klinikailag beteg fajtárstól való közvetlen fertőződés. Ezáltal a szabad területen a fertőzött tehenek leginkább a saját borjaikat tudják fertőzni, míg egyéb fajtársaikat kevésbé (Ayele és mtsai., 2001). A szarvasfarmok mesterséges körülményei között, ahol a populációsűrűség nagyon magas, a környezet erősen szennyezett lehet a kórokozóval, ott a közvetett fertőzési útvonal felértékelődik. Ennek következtében a szarvasfarmok a paratuberkulózis egyik fő forrásává válhatnak a környezetükben élő háziállat állományok és a vadállomány számára (Basler és mtsai., 2008; Kopečna és mtsai., 2008; Atreya és mtsai., 2014).

A MAC többi tagja opportunista kórokozónak tekinthető. Az atípusos, szaprofita *mycobacteriumokhoz* hasonlóan, ezeknek a baktériumoknak is jelentős immunszabályozó szerepe van. Folyamatos jelenlétük az állatok és az ember környezetében fontos szerepet tölt be a szervezet gyulladásos folyamatainak szabályozásában (Cambier és mtsai., 2014; Rahman és mtsai., 2014; Lowry és mtsai., 2016).

A természeti környezetben ezek a fakultatív kórokozók a pocsolyák, dagonyák változatos baktérium-társulásaiban találhatók meg a legnagyobb számban. Ezekben a felszíni vizekben a *mycobacteriumok* főként környezeti amőbákban élnek túl és képesek osztódni is. Az ilyen amőba-eredetű baktérium-alakok az állati szervezetbe kerülve lényegesen invazívabb viselkedésűek, mint azok, amelyek extracellulárisan, biofilmekben szaporodnak, ahogy az a vízvezetékek belső felszínein figyelhető meg (Biet et al., 2005; Rosenblueth et al., 2011; Falkinham, 2015).

Az erdei környezetben a vadon élő kérődzők ivóvíz-forrásként hasznosítják a pocsolyákat, így nagy mennyiségben tudnak amőbákat, illetve a bennük túlélő *mycobacteriumokat* felvenni. Az amőba eredetű MAC baktériumok inváziója aktiválja a gazdaszervezetben a bélcsatorna helyi immunválaszát, ami – a Toll-szerű receptorokból kiinduló jeltovábbítás révén – a szöveti makrofágok (MPH) aktiválódását okozza. A folyamat

eredményeként a szervezet képes lehet akár a valódi kórokozó *mycobacteriumokkal* szembeni hatékony védekezésre is (Arsenault és mtsai., 2014; Atreya és mtsai., 2014; Cambier és mtsai., 2014).

Ha a szöveti MPH-k stimulációjára még a MAP-fertőzést megelőzően sor kerül, ez lehetővé teszi, hogy a szervezet eredményesen vegye fel a küzdelmet a kórokozóval és a fertőzés ne tudjon megeredni a bélcsatornában (Arsenault és mtsai., 2014). A paratuberkulózistól mentes tehének borjai életük első heteiben – nagy valószínűséggel – fakultatív patogén *mycobacteriumokkal* találkoznak, mielőtt első alkalommal kerülnének kapcsolatba a valódi kórokozó MAP baktériummal.

A zártan tartott állományokban az itatás jellemzően ivóvíz minőségű, vezetékes vízzel történik. A vízvezetékek belső felszínén kialakuló biofilmekben szaporodó *mycobacteriumok*, az állati szervezetbe kerülve, kevésbé invazívan viselkednek, mint az amőba eredetűek. Ilyen körülmények között az újszülött borjú, a csapattársaival érintkezve nagyobb valószínűséggel találkozik előbb a valódi kórokozó *mycobacteriumokkal*, mint a környezetből származó fakultatív patogénnel.

Eredményeink alapján feltételezhető, hogy a gazdaszervezeten belül a fakultatív és obligát patogén *mycobacteriumok* között versengés alakul ki. Azok a parazita életmódú fajok – mikro- és makroparaziták egyaránt – amelyek nagyobb eséllyel élnek túl a környezetben, nehezebben kolonizálják a gazdaszervezetet és lassabb a gazdán belüli fejlődésük. Illetve fordítva: a gazdaszervezetet agresszíven előzőnlő kórokozók szervezeten kívüli túlélése esetlegesebb (Atreya és mtsai., 2014; Rahman és mtsai., 2014; Bashey, 2015;). Ezt figyelembe véve feltételezhető, hogy a túlszűfolt környezet inkább az obligát patogén fajoknak jelent evolúciós előnyt, mert a nagy számban a környezetbe ürülő kórokozók közül kevés túlélése is elégséges a populáció fennmaradásához. Míg a fakultatív kórokozók inkább a természetes környezetet kedvelik, ahol a változatos fajösszetételű ökoszisztémában érvényesíteni tudják a hosszabb túlélési képességük jelentette előnyüket.

Összevetve a zselici – kerti és szabad területi – szarvasállományban szerzett tapasztalatokat az ugyanazon a területen nyert vaddisznó-adatokkal és a fenti elmélettel, felmerül annak lehetősége, hogy a vizsgált ökoszisztémában élő vaddisznó-populáció egyedei között csak kis számban fordul elő a kórokozót ürítő egyed, így a vaddisznók még nagy egyedsűrűségben sem képesek jelentős mértékben szennyezni a környezetüket kórokozó *mycobacteriumokkal*. Míg a szarvasok esetében, a vizsgálataink a fertőzés-terjedés sűrűségfüggését igazolják.

A nem patogén, atípusos *mycobacteriumok* előfordulási arányát a két szarvas-élőhelyen statisztikailag egyformának találtuk. Mivel ezek a fajok – a korábbi szakirodalmi

adatok alapján – hasonló szerepet töltenek be a gazdaszervezetben, mint a MAC fakultatív patogén tagjai, eredményeink nincsenek összhangban másokéval (Stanford és mtsai., 1981; Rosenblueth és mtsai., 2011; Falkinham, 2015). Figyelembe véve az idézett forrásokat és saját, a MAC fakultatív patogén tagjaival kapcsolatos, tapasztalatainkat; azt váránk, hogy az erdei környezetből származó mintákban nagyobb arányban fordulnak elő szaprofita *mycobacteriumok*, mint a kertben.

Vizsgálatunk egyik hiányossága, hogy ebből a baktérium-csoportból nem történt fajmeghatározás. Valószínűsíthető, hogy az egyszerű prevalencia-kalkuláció nem ad elég információt, hogy az egyes *Mycobacterium*-csoportok pontos környezeti járványtani szerepét tisztázhassuk. A két élőhely látszólagos azonossága mögött két, teljesen eltérő baktérium-társulás lehetséges.

A gazdaszervezetbe kerülve, ezek a *mycobacteriumok* hatással vannak az immunrendszerre, bár *Mycobacterium*-fajonként eltérő mértékben. Alapvetően két, különböző immunválasz-mintázat létezik. Az egyik típus viszonylag jó védelmet alakít ki még a valódi kórokozó *Mycobacterium*-fajokkal szemben is, míg a másik inkább szövetkárosodást előidéző allergiás reakciót vált ki (Stanford és mtsai., 1981).

Az egyik lehetséges magyarázat a valódi kórokozók kerten belüli dominanciájára, a szaprofita *mycobacteriumok* nagyarányú kimutathatósága ellenére, hogy a kerti szaprofita baktérium-társulás jellemzően az allergiás reakciót kiváltó fajokból tevődik össze. Egy másik lehetséges magyarázat, hogy a szaprofiták – melyek a környezetben jól túlélnek, sőt gyorsan szaporodnak – a gazdaszervezeten belül alárendelt versenytársai a valódi kórokozóknak, ezért a szaprofiták által kiváltott gyenge immunválasz alig befolyásolja a patogének inváziós kapacitását, függetlenül a szaprofita-társulás fajösszetételétől.

Bár a gímszarvas járványtani szerepének tisztázására irányuló vizsgálataink több kérdést vetettek fel, mint amit sikerült megválaszolni, rávilágítottak a szarvasfarmok hordozta járványtani kockázatra. A vizsgált gímszarvas-tenyészet, hatékony surveillance hiányában, jelentős veszélyeztető tényezőnek tekinthető a környező állattartó gazdaságok és a természetes élőhelyek vadpopulációi számára. Ugyanakkor, az a megfigyelésünk, hogy a gümőkór kórokozója minden esetben látható elváltozásból volt kimutatható, felhívja a figyelmet arra, hogy csupán az állományból selejtezett állatok kórbonctani vizsgálatára hatékony surveillance-rendszer alapozható.

A zárttéri tartás, mint kockázati tényező pontosabb definiálása további vizsgálatokat igényel. Különböző technológiai elemeket alkalmazó, több, fertőzött és mentes állomány adatainak részletes elemzésével lehetséges meghatározni azokat a – pontosabban definiált – kockázati tényezőket, amelyeket eliminálva a szarvasfarmok fertőzésakkumuláló szerepe

megszüntethető. Az ilyen, összetett, félintenzív rendszerek hatékony tanulmányozása nehezen elképzelhető annak az ökoszisztémának a járványtani szemléletű elemzése nélkül, amelyben ezek a rendszerek működnek (Davis és mtsai., 2017; Rabinowitz és mtsai., 2013).

A járványtan és az ökológia munkamódszereit ötvöző új irányzat, a *One World – One Health – One Medicine* (Egy Föld – Egy Egészség – Egy Orvostudomány), röviden *One Health*, amelynek a lényege az a szemléletmód, hogy a világban zajló járványokat nem lehet elszigetelt problémaként kezelni, hanem azokat összefüggéseiben, ökológiai háttérükkel együtt kell tanulmányozni. Éppen ezért a *One Health* nem kezeli külön a háziállatok, a vadon élő állatok vagy akár az ember betegségeit, hanem azokat ugyanazon egész részének tekinti (Györfly és Jozwiak, 2016; Thoen és mtsai., 2016).

A dél-dunántúli gümőkór-endémia megértéséhez ezt a komplex megközelítést alkalmaztuk. Az elemzés során a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában megfigyelhető kórbonctani elváltozások populáción belüli arányát tekintettük egy adott terület fertőzöttségét legpontosabban kifejező változónak.

A vizsgált öt vadászterület – a Zselic, Belső-Somogy, Külső-Somogy, a Drávasík és a Kelet-Zalai-dombság – egyes ökológiai jellemzőinek számszerűsíthető értékeit vetettük össze a fertőzöttséget jellemző változóval. Azokat az ökológiai jellemzőket választottuk ki, amelyek a szakirodalmi adatok alapján befolyásolhatják egy fertőző betegség fennmaradását és terjedését az adott ökoszisztémában.

A fertőzés terjedését lehetővé tevő, fogékony patások populációnagysága, illetve az azt befolyásoló élőhelyi tényezők, így a táplálékbázist szolgáltató makktermő erdők, szántók és vadlegelők, valamint a felszíni vizek képezték azt a változócsoporthoz, amelytől azt vártuk, hogy azok egyenes összefüggést mutatnak a fertőzöttség indikátorának tekintett változóval.

A ragadozófajok jelenlétét, illetve a vaddisznó parazitáltságát olyan jellemzőknek tekintettük, amelyek az ökológiai interferencia révén csökkenthetik az előrehaladottan beteg egyedek számát a populációban – azok halálozási arányának növelésével – hozzájárulva ezzel az ökoszisztéma általános egészségi állapotának javulásához. Ezért ezektől a tényezőktől azt vártuk, hogy azok fordított arányban állnak a fertőzöttség mértékével.

A *mycobacteriumok* környezetben való túlélését segítő tényezőket, így a párák, hűvös mikroklimát, a talaj víztartó képességét (agyagtartalmát) azok közé a jellemzők közé soroltuk, amelyeknek a területen belüli nagyobb arányú előfordulása esetén a fertőzöttség mértékének a növekedését vártuk.

Elemzésünk eredményeként a vizsgált terület domborzati változatosságát jellemző relatív relief és a hűvös-párás mikroklimát jelző bükkerdők területi aránya esetében találtunk olyan pozitív korrelációt, mely 90%-os konfidencia-intervallumot figyelembe véve,

szignifikánsnak tekinthető. A fertőzöttséggel negatív korrelációban levő változók közül az aranyakál terítéknagysága az, amelynek vizsgálata során a leginkább valószínűsíthető volt a korreláció valódisága.

A többi változó – bár statisztikailag nem igazolható mértékben – a szakirodalmi adatok alapján előzetesen meghatározott, elvárt összefüggést mutatta a fertőzöttség indikátoraként figyelembe vett kórbonctani adatokkal. Ez alól a *Metastrongylus* tüdőféregfajok fertőzési intenzitása tekinthető kivételnek, mert az pozitív korrelációt mutatott a gümőkór kórbonctani prevalenciájával. Az endémia magterületén, a tüdőféreggel is nagymértékben fertőzött területen végzett kiegészítő parazitológiai ökológiai vizsgálataink rávilágítottak, hogy a tüdőféreg kórtani szerepe a vaddisznókban elhanyagolható, így az ökológiai interferencia a vizsgált mikro- és makroparazita – a *mycobacteriumok* és a *Metastrongylus*-fajok – között, természetes viszonyok között nem tud érvényre jutni.

Ugyanakkor megfigyelhető volt, hogy a *Metastrongylus*-intenzitás nem csupán a gümőkór kórbonctani prevalenciájával, hanem a hűvös-nedves klímahatással és a talaj agyagtartalmával is pozitív korrelációt mutatott. Aminek hátterében feltételezhetően az áll, hogy ezek a környezeti feltételek kedveznek a földigiliszta-fajoknak, a tüdőféreg köztigazdáinak is. Adataink alapján valószínűsítjük, hogy a tüdőférgesség, bár a vizsgált területeken ez a vaddisznó legjelentősebb parazitás fertőzése – az egyedek 96,1%-a bizonyult fertőzöttnek –, nem befolyásolja számottevően a gümőkór járványtanát a vizsgált ökoszisztémákban. A két fertőzöttség közötti korreláció csak közvetett: a két kórokozó hasonló ökológiai igénye teremti meg a kapcsolatot előfordulásuk gyakorisága között.

A sertés buzogányfejű férges, a *Macracanthorhynchus hirudinaceus* területenkénti prevalenciája esetében – bár annak adatai alátámasztják az ökológiai interferencia jelenlétét – szintén felmerül, hogy a mikro- és makroparazita gazdán belüli versengése csak látszólagos. A buzogányfejű féreg ökológiai toleranciatartományát legfőképp köztigazdáinak, a lemezescsápú bogaraknak (*Scarabidae*), azon belül is a cserebogaraknak (*Melolontha* spp.) az ökológiai toleranciatartománya határozza meg. A köztigazdák sikeres szaporodásának előfeltétele a gyorsan melegedő, kiszáradásra hajlamos, ugyanakkor jó tápanyag-ellátottságú talaj. Ezt a laza textúrájú homoktalajon kialakult erdei élőhelyeken találjuk, amelyek elsősorban Belső-Somogyra és a Drávasíkra, az aranyakál legfontosabb magyarországi élőhelyeire jellemzőek.

Vizsgálataink nem tudták tisztázni az aranyakál pontos járványtani szerepét a gümőkór terjedésében, de az aranyakálhoz nagyon hasonló, közepes méretű ragadozófaj (mezopredátor), a prérifarkas esetében már bizonyított, hogy az képes a kórokozót felvenni, de nem vesz részt a fertőzés terjesztésében (VerCauteren és mtsai., 2008). A hazai

ökoszisztémában az aranysakál, közepes testmérete ellenére, a csúcsragadozó szerepét tölti be, ezáltal az ember és a házi kutya kóbor egyedei mellett az egyik legfontosabb állományszabályozó tényezője lehet a patás nagyvad-fajoknak (Dorresteijn és mtsai., 2015), illetve főbb élőhelyein a legfontosabb dögevő faj (VerCauteren és mtsai., 2008; Berentsen és mtsai., 2011).

A fertőző betegségek ökológiájával foglalkozó tanulmányok rámutatnak, hogy a biológiailag változatos ökoszisztémákban, ahol jelen van a ragadozók horizontális közössége (guildje), ott érvényre juthat a biodiverzitás hígító hatása. Vagyis az a jelenség, amikor a ragadozók a rezervoár szerepet betöltő állatpopuláció leggyengébb tagjainak kiemelésével csökkentik a fertőzött egyedek számát, ugyanakkor nem járulnak hozzá a fertőzés terjesztéséhez, mert nem alakul ki bennük olyan kórforma, amely lehetővé tenné a kórokozó ürülését (Cross és mtsai., 2009; Johnson és Thielges, 2009; Renvick és mtsai., 2007).

A kutyaféle ragadozók esetében az a tapasztalat, hogy azok – bár fogékonyak a gümőkór-fertőzésre –, a klinikai megbetegedéssel szemben nagyobb ellenálló képességgel rendelkeznek (VerCauteren és mtsai., 2008; Berentsen és mtsai., 2011; Orlowska és mtsai., 2017), mint a macskafélék (Briones és mtsai., 2000; Cross és mtsai., 2009; Renvick és mtsai., 2007) vagy a menyétféle kisragadozók (Byrom és mtsai., 2015; Delahay és mtsai., 2007). Emellett a kutyafélék az európai ökoszisztémákban a legnagyobb testmretű ragadozók – az inkább mindenevő életmódú barna medvétől (*Ursus arctos*) eltekintve – ezért szabályozó szerepük a többi ragadozófajra is kiterjed (Dorresteijn és mtsai., 2015; Wallach és mtsai., 2015). A náluk kisebb – egyúttal a klinikai tünetekben megnyilvánuló gümőkórra fogékonyabb – ragadozók fogyasztásával is hozzájárulnak az ökoszisztémában jelenlevő fertőzési kockázat csökkentéséhez (Ostfeld és Holt, 2004). További megfigyelés a ragadozókkal kapcsolatban, hogy azok jelenléte csökkenti a prédafajok migrációját, ami által mérséklődik a fertőzés földrajzi terjedése (Byrne és mtsai., 2014; Keesing és mtsai., 2006).

A munkánk során összegyűjtött adatok azt valószínűsítik, hogy az aranysakál jelenléte kedvező hatást gyakorol az adott életközösségben élő csülkösvad-populációk egészségi állapotára. Jelen vizsgálatunkban nem végeztünk olyan megfigyeléseket, amelyek tisztázni tudták volna, hogy az aranysakál milyen módon képes befolyásolni a gümőkór terjedését a patások között. Feltételezésünk szerint mind az ökoszisztémában keletkező állati hulladék – elhullott egyedek, vadászatok során képződő zsigerelési hulladék – elfogyasztásával, mind a legfogékonyabb korosztályok gyérítésével, mind pedig a migráció csökkentésével hozzájárulhatnak e kedvező folyamathoz.

A természeti környezetben előforduló gümőkór ökológiai befolyásoló tényezőinek feltárására irányuló vizsgálatunk legfőbb hiányossága abból ered, hogy – bár nagyszámú

vaddisznó-mintán történt a kórbonctani prevalencia meghatározása, így az viszonylag pontos – de mintaelemszámnak gyakorlatilag az öt vadászterület tekinthető. Ezáltal csak azon változók esetében számíthattunk statisztikailag is igazolható összefüggésekre, amelyek az egyes területek között nagy különbséget mutattak.

A Zselic, az endémia magterülete és a legalacsonyabb fertőzöttségi szintet mutató Drávasík között a legszembetűnőbb különbségek éppen a domborzat, a fizikai talajtípus, a klíma, az aranyasakál és a *M. hirudinaceus* parazita jelenléte. Ezek a tényezők a szakirodalmi tapasztalatokat elemezve is jelentős szerepet játszhatnak a gümőkór járványtanában, de az egyéb tényezők pontosabb szerepének tisztázásához elengedhetetlenül fontos lenne az ismert hazai fertőzött területek hasonló szemléletű elemzése. Az így összegyűjtött adatokat feldolgozva nagy valószínűséggel pontosan meg lehetne határozni, hogy a hazai ökoszisztémákban melyek azok a környezeti tényezők, amelyek megléte, vagy együttes fennállása megnövelheti a gümőkór előfordulásának valószínűségét.

Több éven át tartó vizsgálsorozatokban az egyik hazai gümőkór endémiás területen tanulmányoztuk a betegség járványtanát. Munkánk során a patás nagyvad-fajok és két kutyaféle ragadozó-faj egyedein végeztünk diagnosztikai boncolásokat és bakteriológiai laboratóriumi vizsgálatokat. A diagnosztikai vizsgálatok eredményeit összevetettük a vizsgált ökoszisztémák ökológiai adataival. Célunk az volt, hogy a *One Health* vizsgáló módszereinek alkalmazásával olyan kiegészítő adatokhoz jussunk, amelyek a klasszikus járványtani vizsgáló módszerek – a pillanatnyi prevalencia meghatározására irányuló monitoring – alkalmazásával rejtve maradnak a vizsgáló számára.

A prevalencia meghatározására irányuló kezdeti vizsgálataink alapján – tévesen – azt a következtetést vonhattuk volna le, hogy a vaddisznó és a vörös róka azok az állatfajok, amelyek a vizsgált ökoszisztémákban a leginkább hozzájárulnak a járvány terjesztéséhez, míg a szarvasfélék fertőzősközlítő szerepe csak másodlagos.

Az egyes állatfajok biológiájának elemzésével, illetve a különböző élőhelyeken kezelt populációiban mérhető prevalencia-adatok összevetésével később azt a következtetést vontuk le, hogy a vaddisznó és a vörös róka – bár jelentős a fertőzés-akkumuláló szerepük – nem járulnak hozzá számottevően az erdei környezetben a gümőkór fennmaradásához és terjedéséhez. Ezzel ellentétben a gímszarvas, amelyben a gümőkór prevalenciája lényegesen alacsonyabb volt, nagy valószínűséggel a fő fertőzésfenntartó a vizsgált területeken.

Ugyanakkor vizsgálatunk igazolta, hogy a dögevő életmódjuk révén fertőzés-akkumuláló fajok jó indikátorai lehetnek a betegség területi terjedésének. Bár a kórbonctani vizsgálatra alapozott felmérő vizsgálatok nem bizonyultak alkalmasnak az egyedi

fertőzöttségi státusz meghatározására, bakteriológiai laboratóriumi vizsgálatokkal kiegészítve, pontos képet adtak a terület fertőzöttségéről.

A vadhúsvizsgálat diagnosztikai értékét elemezve megállapítottuk, hogy bemetszés alkalmazása nélkül a gümőkórra gyanút keltő elváltozások elenyésző hányada található meg a vadtestekben. Ugyanakkor bemetszés alkalmazásával mind a gímszarvasok, mind a vaddisznók jól vizsgálhatók, ha rendelkezésre áll a teljes test és a zsigerek is.

A teljes testek részletes boncolásának tapasztalataira alapozva megállapítottuk, hogy a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának kórboncolása alkalmas egy adott ökoszisztémában jelenlevő gümőkóros fertőzöttség felfedezésére és nyomon követésére. Tekintettel arra, hogy a vaddisznó-testekről nem távolítják el a fejet a vadászterületen – nem úgy, mint a szarvasfélék esetében – ezáltal a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának kórboncolásán alapuló surveillance a vadfeldolgozóknak is kivitelezhető. Rövid idő alatt, kis ráfordítással, nagy területek járványtani adatai gyűjthetőek össze a vadfeldolgozói vizsgálat során.

A gümőkóros fertőzöttség terjedésének sűrűségfüggését a két legnagyobb egyedszámú vadfajban, a vaddisznóban és a gímszarvasban vizsgáltuk. Az endémia magterületén, a természetes sűrűségű szabad területi állomány és az azon belül kialakított, mintegy tízszeres populáció-sűrűségű vadaskertek állományait hasonlítottuk össze a gümőkór prevalenciája szempontjából. Az összehasonlítás eredményeként megállapítottuk, hogy a vaddisznóban nem igazolható, hogy a betegség terjedése sűrűségfüggő volna. A gímszarvasok esetében viszont igazolható volt, hogy a területen kialakított szarvasfarm jelentős járványtani kockázatot hordoz, illetve feltételezhetően hozzájárul a szabad területi állomány gümőkóros fertőződéséhez.

Ez utóbbi megfigyelésünkből arra a következtetésre jutottunk, hogy a Zselicben tapasztalható kiemelkedő fertőzési prevalencia oka a területen található fertőzési forrás. Bár az endémia magterületén, ahol a legnagyobb mértékű a vaddisznóállomány fertőzöttsége, több húsmarha-állomány is legel, ám azok évenkénti rendszeres vizsgálata biztosított, a tuberkulin pozitív egyedeket az állományokból eltávolítják. Ezért feltételezhető, hogy a jogszabályoknak megfelelően folyamatosan kontrollált húsmarha-állományok nem tudják a fertőzést olyan mértékben akkumulálni, hogy az – a vadállományba visszakerülve – kialakíthassa a Zselicben tapasztalható magas fertőzési prevalenciát.

A helyi forrás elméletet támasztja alá az a megfigyelésünk is, hogy a Zseliccel közvetlenül érintkező vadászterületen – Belső-Somogy keleti részén – szignifikánsan alacsonyabb a gümőkórra gyanút keltő elváltozások prevalenciája, annak ellenére, hogy a nagyvad-állomány mozgását akadályozó természetes vagy mesterséges barrier nincs a két terület között. Emellett a Zselicre – a klimatikus és talaj-viszonyok, valamint az aranyakál

jelenléte szempontjából – leginkább hasonlító terület, a Kelet-Zalai-dombság vadállományában sem volt megfigyelhető az esetek halmozódása.

A dél-dunántúli gümőkór-endémián belül a Zselic, mint magterület működése folyamatos monitorozást igényel. Dolgozatomban a *One Health* módszertanával elemeztem ennek a nagy járványtani kockázatú területnek a gümőkór fenntartásában szerepet játszó ökológiai jellemzőit. Ennek segítségével sikerült olyan összefüggéseket megtalálnom, amelyek további vizsgálatok kiinduló pontjai lehetnek és közelebb vihetnek a vadállományban előforduló gümőkór jelentette kockázat hatékony kezeléséhez. A szakirodalom feldolgozása, a terepmunka és az adatok elemzése közben nyert tapasztalatok alapján megállapítható, hogy az eltérő szakterületek munkamódszereinek ötvözése jelentős mértékben javítja a járványtani munka hatékonyságát, ezért mindenképpen javasolható; különösen a több állatfajt vagy az embert is érintő fertőző betegségek kutatása során.

6. Következtetések és javaslatok

Dolgozatom a dél-dunántúli gümőkór endémia területén gyűjtött adatokon alapul. Vizsgálataim eredményei alapján megállapítható, hogy a nagy egyedszámban és populációsűrűségben előforduló vadfajokból kimutatható az endémiás területet jellemző kórokozó, a *Mycobacterium caprae*.

A vaddisznóról, amely szerte Európában a legnagyobb populáció-mérettel rendelkező nagyvad, bizonyítást nyert, hogy a vizsgált területen nem képes önállóan fenntartani a betegséget. Ugyanakkor a vaddisznó boncolásos vizsgálata látszik a legegyszerűbben kivitelezhető módszernek, amely elegendő információt szolgáltat egy adott terület gümőkóros fertőzöttségéről. A gümőkórra gyanút keltő elváltozások a leggyakrabban az áll alatti nyirokcsomóban jelennek meg először, az ennek boncolására alapozott surveillance hatékonysága megfelelő.

Kézenfekvőnek tűnik a lőtt vad húsvizsgálati rendszerébe építeni a gümőkór vadállományon belüli előfordulásának felmérését. Azonban a jelenlegi európai húsvizsgálati módszer, amely egyre inkább a megtekintésen alapuló húsvizsgálati döntést helyezi előtérbe, nem alkalmas erre.

Javaslatom egy olyan surveillance-rendszer kialakítása, amelynek a helyszínei a vadfeldolgozó üzemek lehetnének. A vadfeldolgozó üzemekbe érkező vaddisznó-tesztetek még tartalmazzák az áll alatti nyirokcsomót, amelyet – a fejjel együtt – a feldolgozás első lépéseként távolítanak el. Ha lehetőség volna az egy-egy földrajzi régióból érkező vaddisznófejek elkülönített gyűjtésére, a megfelelő képzettséggel rendelkező vizsgáló, a feldolgozástól elkülönítetten is el tudja végezni a nyirokcsomók vizsgálatát és a mintázott területre jellemző kórbonctani prevalencia megállapítását.

Bár az elváltozások hátterében sok esetben nem a gümőkór kórokozója mutatható ki, ám megfigyeltük, hogy ha egy területen tartósan magas, 20%-ot meghaladó, a gümőkórra gyanút keltő elváltozások prevalenciája, az ottani mintákból rendszeresen kimutatható a *M. caprae* baktérium is az elváltozást mutató minták 30-50%-ából, ahogy az a 22. ábrán látható.

Az országban esetlegesen előforduló endémiás területek feltérképezése viszonylag kis költséggel, nagyon rövid idő alatt kivitelezhető a fenti módszerrel. A korábbi vizsgálatok alapján mentesnek tekintett földrajzi területeken megtalált, gümőkórra gyanút keltő elváltozást mutató minták bakteriológiai vizsgálata tisztázhatná a terület valódi státuszát.

A hivatásos vadászok, terepen dolgozó vadhúsvizsgálók által jelenleg végzett mintavételek hatékonysága megkérdőjelezhető. Az egy-egy megyében elérendő mintaszám,

ha az mögött nincs nagyobb számú mintán végzett boncolás, nem tudja reprezentálni a valós helyzetet. Enélkül pedig nehéz járványvédelmi stratégiát tervezni.

A gümőkór elleni védekezés központi tervezéséhez szükséges pontosan ismerni azokat a területeket, ahol a betegség tartósan fenn tud maradni a vadállományban. Az ilyen fertőzési gócterületeken, a *One Health* módszertanát alkalmazva, érdemes elvégezni azokat a járványtani-ökológiai elemzéseket, amelyek segítenek feltárni azokat a tényezőket, amelyek befolyásolhatják a fertőzés terjedését a hazai ökoszisztémákban.

Jelen vizsgálatot öt terület összehasonlításával végeztem. Ez a mintaszám nem elég nagy ahhoz, hogy valamennyi, a gümőkór terjedésére ható tényezőt egyértelműen feltárja. Mai ismereteink szerint a Dunazug-hegység az a másik terület, ahol a gümőkór endémiát képez a környezetben. A vaddisznó áll alatti nyirokcsomójára alapozott felmérő vizsgálat feltárhatná, mely területeken fordulhat még elő rejtetten a betegség. Minél több ilyen területet tudunk bevonni a multidiszciplináris összehasonlító elemzésbe, annál közelebb kerülünk a hazai endémiák megértéséhez.

A nemzetközi szakirodalmi adatokat áttekintve egyértelműen látszik, hogy a gümőkór fennmaradása és terjedése a különböző ökoszisztémákban más és más. Egy-egy állatfaj az egyik ökoszisztémában fenntartó gazda, míg a világ más területein csupán a fertőzés indikátorának tekinthető. Ennek megfelelően kizárólag a hazai endémiás területeken gyűjtött adatok adhatnak megfelelő alapot a hazai járványvédelmi stratégiai döntésekhez.

Megfontolandó továbbá, hogy a bizonyítottan endémiás területeken olyan állattartási szabályokat szükséges bevezetni, amely lehetővé teszi a fertőzési forrás távoltartását a háziállat-állományoktól. A konkrét előírások területenként változhatnak, ezért a leginkább célravezető az lenne, ha az állattartási szabályok megállapításához szükséges felhatalmazásról jogszabály rendelkezne, míg az állattartó kötelezettségeit szakhatóság állapítaná meg a terület sajátosságainak járványtani-ökológiai elemzésére alapozva.

A szarvasfélék és a kutyaféle ragadozók járványtani szerepének pontos tisztázása további vizsgálatokat igényel, amely azonban nem végezhető el, kizárólag terepi körülmények között. Tekintettel arra, hogy eddig összegyűlt adataim arra engednek következtetni, hogy az általam vizsgált területen a gímszarvas játssza a központi szerepet az endémia fennmaradásában, ennek tanulmányozását a továbbiakban is tanácsos lenne folytatni.

7. Új tudományos eredmények

1. Megállapítottuk, hogy a dél-dunántúli endémiás területen – a vaddisznó (*Sus scrofa*) és a gímszarvas (*Cervus elaphus*) mellett – a dámszarvasban (*Dama dama*) és a vörös rókában (*Vulpes vulpes*) is előfordul a *Mycobacterium caprae* baktériumfaj okozta fertőződés.
2. Igazoltuk, hogy a megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat nem alkalmas a vadállományban előforduló gümőkőrra gyanút keltő elváltozások megtalálására, mert az elváltozások 1,5%-a volt kimutatható tapintás és bemetszés alkalmazása nélkül.
3. Igazoltuk, hogy a vaddisznóban a gümőkőrra gyanút keltő elváltozással leggyakrabban, 99,9%-ban, érintett szerv az áll alatti nyirokcsomó, és az ennek boncolására alapozott surveillance érzékenysége 89,7%, míg specifikussága 72,9%.
4. Igazoltuk, hogy a vizsgált vaddisznó-populációban a *Mycobacterium caprae* baktériumfaj okozta fertőzöttség terjedése gyakoriságfüggő.
5. Megállapítottuk, hogy a gímszarvasokban a *Mycobacterium caprae* baktériumfaj 99,3%-ban szabad szemmel is látható, gümőkőrra gyanút keltő elváltozásokból volt kimutatható.
6. Igazoltuk, hogy a vizsgált gímszarvas-populációban a *Mycobacterium caprae* baktériumfaj okozta fertőzöttség terjedése sűrűségfüggő, és – hatékony surveillance-rendszer hiányában – a gímszarvasok zárt téri tartása növeli mind a szarvasmarha-gümőkór, mind pedig a paratuberkulózis járványtani kockázatát.
7. A *One Health* megközelítést alkalmazva igazoltuk, hogy a hűvös-párás erdei mikroklima gyorsítja, míg a ragadozók jelenléte lassítja a gümőkór terjedését az erdei környezetben.

8. Összefoglalás

Több éven át tartó vizsgálatsorozatunkban arra kerestük a választ, hogy a déldunántúli ökoszisztémában mely állatfajok lehetnek alkalmasak a szarvasmarha-gümőkór kórokozójának – hazánkban elsősorban a *M. caprae* baktériumnak – az erdei környezetben való fenntartására; ez milyen vizsgálati módszerekkel követhető nyomon, illetve melyek azok a környezeti tényezők, amelyek hozzájárulhatnak a fertőzési kockázathoz.

Vizsgálataink során a klasszikus járványtani vizsgáló módszereket – a kórbonctani és bakteriológiai adatok statisztikai leírását, a prevalencia-értékek állatfajonként, területenként, élőhelyenként és évenként való meghatározását és elemzését – ötvöztük a fertőzött ökoszisztéma járványtani szemléletű elemzésével, ezáltal az Egy Föld – Egy Egészség (*One World – One Health*; röviden *One Health*) munkamódszereit alkalmaztuk hazai viszonyok között.

Munkánk eredményeként megállapítottuk, hogy a *One Health* megközelítés alkalmazásával több információ gyűjthető az erdei környezetben fennmaradó betegségekről, mint ha csupán a lehetséges rezervoárfajok diagnosztikai vizsgálatát végzi a kutató.

A vizsgált ökoszisztémákban a vaddisznóról (*Sus scrofa*), a gímszarvasról (*Cervus elaphus*), a dámszarvasról (*Dama dama*) és a vörös rókárról (*Vulpes vulpes*) nyert bizonyítást, hogy azok fertőződtek a *M. caprae* baktériummal. A járványmenet nyomon követésére alkalmas lehetséges vizsgáló módszerek meghatározásának eredményeképpen megállapítottuk, hogy a megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálat nem megfelelő hatékonysággal képes megtalálni a gümőkórra gyanút keltő elváltozásokat. Ugyanakkor a vaddisznó áll alatti nyirokcsomójának kórbonctani vizsgálatára alapozott monitoring alkalmas a vaddisznó-populáció fertőzöttségének nyomon követésére.

A vaddisznó járványtani szerepének tisztázására irányuló vizsgálataink nem tudták igazolni a faj fertőzésfenntartó tulajdonságát. A gímszarvas hasonló vizsgálata ugyanakkor azt a korábbi megfigyelést igazolta, hogy a szarvasfarmok sűrű populációi jelentős fertőzési kockázatot jelentenek a környezetükre.

Az ökológiai tényezők járványtani elemzése alapján megerősítést nyert, hogy a hűvös-párás klíma a járvány fennmaradását, míg a ragadozók jelenléte annak mérséklődését eredményezi. A makroparaziták és a gümőkór ökológiai interferenciáját vizsgálatunk nem tudta igazolni.

9. Summary

Our series of investigations were accomplished to determine the potential reservoir species of bovine tuberculosis (bTB) and the possible surveillance method to follow it up within the South Transdanubian ecosystems. Our secondary aim was to define those ecological factors, which might contribute to the spread of the infection.

During the study, we combined the methods of epidemiology (statistical description of surveillance data, determination of disease prevalence by host species, areas, habitats, and years) with the analysis of the infected ecosystem to adapt the approach of *One World – One Health* (briefly *One Health*) to the local conditions.

As a result, we concluded that by *One Health* more information can be obtained about the sylvatic bTB endemic than by pure epidemiological investigations.

Within the studied ecosystems, the wild boar (*Sus scrofa*), red deer (*Cervus elaphus*), fallow deer (*Dama dama*), and red fox (*Vulpes vulpes*) are confirmed to be a host of bTB caused by *Mycobacterium caprae*. Visual-only game meat inspection proved to be imperfect as a surveillance method to detect bTB in wildlife; notwithstanding, post-mortem examination of wild boars' submandibular lymph nodes could supply suitable data on the spread of bTB within the ecosystem.

The maintenance role of wild boar could not be confirmed; nevertheless, our investigations highlighted the bTB risk caused by the dense populations of deer farms to the adjoining wildlife populations or livestock farms.

During the epidemiological analysis of different ecological factors, we confirmed that moist and cool forest climate fastens the spread of infection in the ecosystem, while the presence of even medium-sized carnivores can impede it. The ecological interference between bTB and macroparasites could not be confirmed.

10. Irodalomjegyzék

1. Acevedo P., Romero B., Vicente J., Caracappa S., Galluzzo P., Marineo S., Vicari D., Torina A., Casal C., de la Fuente J., Gortazar C.: **Tuberculosis epidemiology in islands: insularity, host and trade**, PLoS ONE, 8. 1–9, 2013.
2. Acevedo-Whitehouse K., Vicente J., Gortazar C., Höfle U., Fernandez-deMera I.G., Amos W.: **Genetic resistance to bovine tuberculosis in the Iberian wild boar**, Molec. Ecol., 14. 3209–3217, 2005.
3. Aranaz A., Cousins D., Mateos M., Domínguez L.: **Elevation of Mycobacterium tuberculosis subsp. caprae Aranaz et al. 1999 to species rank as Mycobacterium caprae comb. nov., sp. nov.**, Int. J. Sys. Evol. Microbiol., 53. 1785–1789, 2003.
4. Arsenault R.J., Maattanen P., Daigle J., Potter A., Griebel P., Napper, S.: **From mouth to macrophage: mechanisms of innate immune subversion by Mycobacterium avium subsp. Paratuberculosis**, Vet. Res., 45. 54, (2014,
5. Atreya R., Bülte M., Gerlach G.-F., Goethe R., Hornef M.W., Köhler H., Meens J., Möbius J., Roeb E., Weiss E.: **Facts, myths and hypotheses on the zoonotic nature of Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis**, Int. J. Med. Microbiol., 304. 858-864, 2014.
6. Ayele W. Y., Macháčková M., Pavlík I.: **The transmission and impact of paratuberculosis infection in domestic and wild ruminants**, Vet. Med. – Czech, 46. 205–224, 2001.
7. Ballari S. A. and Barrios-García M. N.: **A review of wild boar Sus scrofa diet and factors affecting food selection in native and introduced ranges**, Mammal Review, 44. 124–134, 2014.
8. Bashey F.: **Within-host competitive interactions as a mechanism for the maintenance of parasite diversity**, Philos. T. Roy. Soc. B, 370. 20140301, 2015.
9. Basler T., Geffers R., Weiss S., Valentin-Weigand P., Goethe R.: **Mycobacterium avium subspecies induce differential expression of pro-inflammatory mediators in a murine macrophage model: Evidence for enhanced pathogenicity of Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis**, Immunobiology, 213. 879–888, 2008.
10. Baubet E. , Ropert-Coudert Y., Brandt S.: **Seasonal and annual variation of earth worm consumption by wild boar (Sus scrofa)**, Wildl. Res., 30. 179–186, 2003.

11. Becker D.J., Hall R.J.: **Too much of a good thing: resource provisioning alters infectious disease dynamics in wildlife**, Biol. Lett., 10. 20140309, 2014.
12. Begon M., Bennett M., Bowers R. G. , French N. P., Hazel S.M., Turner J.: **A clarification of transmission terms in host-microparasite models: numbers, densities and areas**, Epidemiol. Infect., 129. 147–153, 2002.
13. Beldomenico P., Begon M.: **Disease spread, susceptibility and infection intensity: vicious circles?**, Trends Ecol. Evol., 25. 21–27, 2010.
14. Beltrán-Beck B., Ballesteros, C. Vicente J., de la Fuente J., Gortázar C.: **Progress in oral vaccination against tuberculosis in its main wildlife reservoir in Iberia, the Eurasian wild boar**, Vet. Med. Int., 978501. 1–11, 2012.
15. Benavides, J., Walsh, P. D., Meyers L.A., Raymond M., Caillaud D.: **Transmission of infectious diseases en route to habitat hotspots**, PLoS ONE, 7. 1–9, 2012.
16. Berentsen A.R.; Dunbar M.R.; Johnson S.R.; Robbe-Austerman S.; Martinez, L.; Jones, R.L.: **Active use of coyotes (*Canis latrans*) to detect bovine tuberculosis in northeastern Michigan, USA**, Vet. Microbiol., 151. 126–132, 2011.
17. Bregman T.P., Sekercioglu C.H., Tobias J.A.: **Global patterns and predictors of bird species responses to forest fragmentation: Implications for ecosystem function and conservation**, Biol. Conserv., 169. 372–383, 2014.
18. Beširović H., Alić A. , Špičić S., Cvetnić Ž., Prašović S., Velić L.: **Bovine tuberculosis in Bosnia and Herzegovina caused by *Mycobacterium caprae***, Vet. Arh., 82. 341–349, 2012.
19. Biet F., Boschioli M.L., Thorel M.F., Guilloteau L.A.: **Zoonotic aspects of *Mycobacterium bovis* and *Mycobacterium avium-intracellulare* complex (MAC)**, Vet. Res., 36. 411-436, 2005.
20. Biró Zs., Lanszki J., Szemethy L., Heltai M., Randi E.: **Feeding habits of feral domestic cats (*Felis catus*), wild cats (*Felis silvestris*) and their hybrids: trophic niche overlap among cat groups in Hungary**, J. Zool., Lond., 266. 187–196, 2005.
21. Bolzoni L., Real L., De Leo G.: **Transmission heterogeneity and control strategies for infectious disease emergence**, PLoS ONE, 8. 1–5, 2007.
22. Bradley C. A., Altizer S.: **Urbanization and the ecology of wildlife diseases**, Trends Ecol. Evol., 22. 95–102, 2006.
23. Bradshaw J.W.S.: **The evolutionary basis for the feeding behavior of domestic dogs (*Canis familiaris*) and cats (*Felis catus*)**, J. Nutr., 136. 1927–1931, 2006.

24. Briones V., de Juan L., Sánchez C., Vela A.-I., Galka M., Montero N., Goyache J., Aranaz A., Mateos A, Domínguez L.: **Bovine tuberculosis and the endangered Iberian lynx**, *Emerg. Infect. Diseases*, 6. 189–191, 2000.
25. Brook R.K.: **Incorporating farmer observations in efforts to manage bovine tuberculosis using barrier fencing at the wildlife-livestock interface**. *Prev. Vet. Med.*, 94. 301–305, 2010.
26. Broughan J.M., Judge J., Ely E., Delahay R.J., Wilson G., Clifton-Hadley R., Goodchild A.V., Bishop H., Parry J.E., Downs S.H.: **A review of risk factors for bovine tuberculosis infection in cattle in the UK and Ireland**, *Epidemiol. Infect.*, 144. 2899-2926, 2016.
27. Caley P., Hone J.: **Disease transmission between and within species, and the implications for disease control**, *J. Appl. Ecol.*, 41. 94–104, 2004.
28. Cambier C.J., Takaki K.K., Larson R.P., Hernandez R.E., Tobin D.M., Urdahl K.B., Cosma C.L., Ramakrishnan L.: **Mycobacteria manipulate macrophage recruitment through coordinated use of membrane lipids**, *Nature*, 505. 218-222, 2014.
29. Cardoso-Toset F., Gómez-Laguna J., Amarilla S.P., Vela A.I., Carrasco L., Fernández-Garayzábal J.F.: **Multi-etiological nature of tuberculosis-like lesions in condemned pigs at the slaughterhouse**, *PLoS ONE*, 10. e0139130, 2015.
30. Caron A., Miguel E., Gomo C., Makaya P., Pfukenyi D.M., Foggin C., Hove T., de Garine-Wichatitsky M.: **Relationship between burden of infection in ungulate populations and wildlife/livestock interfaces**, *Epid. Inf.*, 141. 1522–1535, 2013.
31. Castillo L., Fernandez-Llario P., Mateos C., Carranza J., Benítez-Medina J.M., García-Jiménez W., Bermejo-Martín F., Hermoso de Mendoza J.: **Management practices and their association with *Mycobacterium tuberculosis* complex prevalence in red deer populations in Southwestern Spain**, *Prev. Vet. Med.*, 98. 58–63, 2011.
32. Chiari M., Zanoni M., Alborali L. G., Zanardi G., Avisani D., Tagliabue S., Gaffuri A., Pacciarini M. L., Boniotti M. B.: **Isolation of *Mycobacterium caprae* (Lechtal genotype) from red deer (*Cervus elaphus*) in Italy**, *J. Wildl. Dis.*, 50. 330–333, 2014.
33. CLARIDGE J., DIGGLE P., Mccann C.M., Mulcahy G., Flynn R., McNair J., Strain S., Welsh M., Baylis M., Williams D.J.L.: **Fasciola hepatica is associated with the**

- failure to detect bovine tuberculosis in dairy cattle**, Nat. Comm., 3: 1–8, 2012.
34. Corner L.A., Barrett R.H., Lepper A.W.D., Lewis V., Pearson C. W.: **A survey of mycobacteriosis of feral pigs in the northern territory**, Aus. Vet. J., 57. 537–542, 1981.
 35. Crampin A.C., Glynn J.R., Traore H., Yates M.D., Mwaungulu L., Mwenebabu M., Chaquluka S.D., Floyd S., Drobniewski F., Fine P.E.: **Tuberculosis transmission attributable to close contacts and HIV status, Malawi**, Emerg Infect Dis., 12. 729–735, 2006.
 36. Cross P.C., Creech T.G., Ebinger M.R., Manlove K., Irvine K., Henningsen J., Rogerson J., Scurlock B.M., Creel S.: **Female elk contacts are neither frequency nor density dependent**, Ecology, 94. 2076–2086, 2013.
 37. Cross P.C., Heisey D.M., Bowers J.A., Hay C.T., Wolhuter J., Buss P., Hofmeyr M., Michel A. L., Bengis R.G., Bird T.L. F., Du Toit J.T., Getz W. M.: **Disease, predation and demography: assessing the impacts of bovine tuberculosis on African buffalo by monitoring at individual and population levels**, J. Appl. Ecol., 46. 467–475, 2009.
 38. Crowl T.A., Crist T.O., Parmenter R.R., Belovsky G., Lugo A.E.: **The spread of invasive species and infectious disease as drivers of ecosystem change**, Front. Ecol. Environ., 6. 238–246, 2008.
 39. Cunha M.V., Matos F., Canto A., Albuquerque T., Alberto J.R., Aranha J.M., Vieira-Pinto M., Botelho A.: **Implications and challenges of tuberculosis in wildlife ungulates in Portugal: A molecular epidemiology perspective**, Res. Vet. Sci., 92. 225–235, 2012.
 40. Cvetnic Z., Spicic S., Katalinic-Jankovic V., Marjanovic S., Obrovac M., Benic M., Mitak M., Pavlik I.: **Mycobacterium caprae infection in cattle and pigs on one family farm in Croatia: a case report**, Veterinarni Med., 51. 523–531, 2006.
 41. Dadios N, Hardstaff J., Alonso S., Staerk K., Lindberg A.: **Disease monitoring in farmed game: the role of abattoir meat inspection**, In: *Trends in game meat hygiene* Szerk.: Paulsen P., Bauer A., Smulders F.J.M. Wageningen Academic Publishers DOI 10.3920/978-90-8686-238-2_4, 2014
 42. Davis M.F., Rankin S.C., Schurer J.M., Cole S., Conti L., Rabinowitz P., for the COHERE Expert Review Group (Gray G., Kahn L., Machalaba C., Mazet J., Pappaioanou M., Sargeant J., Thompson A., Weese S., Zinnstag J.): **Checklist**

- for One Health Epidemiological Reporting of Evidence (COHERE), One Health, 4. 14–21, 2017.
43. Daszak P., Tabor, G.M., Kilpatrick A.M., Epstein J., Plowright R.: **Conservation medicine and a new agenda for emerging diseases**, Ann. N.Y. Acad. Sci., 1026. 1–11, 2004.
 44. De Garine-Wichatitsky M., Caron A., Kock R., Tschopp R.: **A review of bovine tuberculosis at the wildlife–livestock–human interface in sub-Saharan Africa**, Epid. Inf., 141. 1342–1356, 2014.
 45. Delahay R.J., Cheeseman C.L., Clifton-Headley R.S.: **Wildlife disease reservoirs: the epidemiology of *Mycobacterium bovis* infection in the European badger (*Meles meles*) and other British mammals**, Tuberc., 81. 43–49, 2001.
 46. Delahay R.J., Smith G.C., Barlow A.M., Walker N., Harris A., Clifton-Hadley R.S., Cheeseman C.L.: **Bovine tuberculosis infection in wild mammals in the South-West region of England: A survey of prevalence and a semi-quantitative assessment of the relative risks to cattle**, Vet. J., 173. 287–301, 2007.
 47. Domingo M., Vidal E., Marco A.: **Pathology of bovine tuberculosis**, Res. Vet. Sci. , 97. 20–29, 2014.
 48. Dorresteijn I., Schultner J., Nimmo D.G., Fischer J., Hanspach J., Kuemmerle T., Kehoe L., Ritchie E.G.: **Incorporating anthropogenic effects into trophic ecology: predator–prey interactions in a humandominated landscape**, Proc. R. Soc. B, 282. 20151602, 2015.
 49. Duffield B.J., Young, D.A.: **Survival of *Mycobacterium bovis* in defined environmental conditions**, Vet. Microbiol., 10. 193–197, 1985.
 50. Ezenwa V.O., Jolles A.E.: **From host immunity to pathogen invasion: the effects of helminth coinfection on the dynamics of microparasites**, Integr. Comp. Biol., 51. 540–551, 2011.
 51. Európai Bizottság: **A Bizottság 2014/91/eu számú végrehajtási határozata (2014. február 14.) Olaszország és Spanyolország egyes régióinak hivatalosan brucellózistól (*B. melitensis*) mentesnek nyilvánítása tekintetében a 93/52/EGK határozat II. mellékletének módosításáról, valamint Magyarországnak hivatalosan tuberkulózistól mentesnek, Romániának, valamint Olaszország egyes régióinak hivatalosan brucellózistól mentesnek, Olaszország egyes régióinak hivatalosan a szarvasmarhák enzootikus leukózisától mentesnek nyilvánítása tekintetében a 2003/467/EK**

- határozat I., II. és III. mellékletének módosításáról, <http://eur-lex.europa.eu/>, (2014. december 4.) 2014.
52. Európai Parlament és Tanács: **Az Európai Parlament és a Tanács 854/2004/EK rendelete (2004. április 29.) az emberi fogyasztásra szánt állati eredetű termékek hatósági ellenőrzésének megszervezésére vonatkozó különleges szabályok megállapításáról**, <http://eur-lex.europa.eu/>, (2014. december 4.) 2004.
 53. Európai Tanács: **Council Directive 64/432/EEC of 26 June 1964 on animal health problems affecting intra-Community trade in bovine animals and swine.** <http://eur-lex.europa.eu/>, (2014. december 4.) 1964.
 54. Európai Tanács: **Council Directive 92/65/EEC of 13 July 1992 laying down animal health requirements governing trade in and imports into the Community of animals, semen, ova and embryos not subject to animal health requirements laid down in specific Community rules referred to in Annex A (I) to Directive 90/425/EEC.** <http://eur-lex.europa.eu/>, (2014. december 4.) 1992.
 55. European Food Safety Authority, EFSA: **Scientific opinion of the Panel on Animal Health and Animal Welfare on the request from the European Commission on ‘Tuberculosis testing in deer’**, The EFSA J., 645. 1-34, 2008.
 56. European Food Safety Authority, EFSA: **Scientific review on Tuberculosis in wildlife in the Eu**, Technical report submitted to EFSA, 2009.
 57. European Food Safety Authority, EFSA: **Technical meeting of the EFSA Scientific Network for Risk Assessment in Animal Health and Welfare – Bovine Tuberculosis Testing**, Parma, Italy. 21 FEBRUARY 2012.
 58. European Food Safety Authority, EFSA: **Scientific opinion on the public health hazards to be covered by inspection of meat from farmed game**, EFSA J., 11. 1–181, 2013.
 59. Ezenwa V.O.: **Helminth–microparasite co-infection in wildlife: lessons from ruminants, rodents and rabbits**, Parasite Immunol., 38. 527–534, 2016.
 60. Falkinham III, J.O.: **Environmental Sources of Nontuberculous Mycobacteria**, Clin. Chest Med., 36. 35–41, 2015.
 61. Faragó S., Náhlik A.: **A vadállomány szabályozása**, Budapest, Mezőgazda, 2007.
 62. Fernandez-de-Mera I.G., Vicente J., Höfle U., Ruiz-Fons F., Ortiz J.A., Gortázar C.: **Factors affecting red deer skin test responsiveness to bovine and avian tuberculin and to phytohaemagglutinin**, Prev. Vet. Med., 90. 119–126, 2009.

63. Fink M., Schleicher C., Gonano M., Prodinger W.M., Pacciarini M., Glawischnig W., Ryser-Degiorgis M.P., Walzer C., Stadler G.L., Lombardo D.: **Red deer as maintenance host for bovine tuberculosis, Alpine Region**, *Emerg. Infectious Dis.*, 21. 464–467, 2015.
64. Fischer O.A., Matlova L., Bartl J., Dvorska L., Svastova P., du Maine R., Melicharek I., Bartos M., Pavlik I.: **Earthworms (Oligochaeta, Lumbricidae) and mycobacteria**, *Vet. Mic.*, 91. 325–338, 2003.
65. Fitzgerald S.D., Kaneene J.B.: **Wildlife Reservoirs of Bovine Tuberculosis Worldwide: Hosts, Pathology, Surveillance, and Control**, *Vet. Pathol.*, 50. 488-499, 2012.
66. Flynn R.J., Mannion C., Golden O., Hacariz O., Mulcahy G.: **Experimental Fasciola hepatica infection alters responses to tests used for diagnosis of bovine tuberculosis**, *Inf. Imm.*, 75. 1373–1381, 2007.
67. Focardi S., Materassi M., Innocenti G., Berzi D.: **Kleptoparasitism and scavenging can stabilize ecosystem dynamics**, *Am. Naturalist*, 190. 398–409, 2017.
68. Földművelésügyi Minisztérium: **41/1997. (V. 28.) FM rendelet az Állat-egészségügyi Szabályzat kiadásáról**, [http://www. magyarorszag.hu/](http://www.magyarorszag.hu/), (2014. december 4.) 1997.
69. Földművelésügyi Minisztérium: **65/2002. (VIII. 9.) FVM rendelet a gümőkór elleni védekezésről**, [http://www. magyarorszag.hu/](http://www.magyarorszag.hu/), (2014. december 4.) 2002.
70. García-Jiménez W.L., Fernandez-Llario P., Benítez-Medina J.M., Cerrato R., Cuesta J., García-Sánchez A., Goncalves P., Martínez R., Risco D., Salguero F.J., Serrano E., Gómez L., Hermoso-de-Mendoza J.: **Reducing Eurasian wild boar (Sus scrofa) population density as a measure for bovine tuberculosis control: Effect in wild boar and sympatric fallow deer (Dama dama) population in Central Spain**, *Prev. Vet. Med.*, 110. 435–446, 2013.
71. Geiser H., Reyer H.-U.: **The influence of food and temperature on population density of wild boar Sus scrofa in the Thurgau (Switzerland)**, *J. Zool.*, 267. 89–96, 2005.
72. Gibbs E. P. J.: **The evolution of One Health: a decade of progress and challenges for the future**, *Vet. Rec.*, 174. 85–94, 2014.
73. Good M., Duignan A.: **Perspectives on the history of bovine TB and the role of tuberculin in bovine TB eradication**, *Vet. Med., Int.* doi: 10.4061/2011/410470, 2011.

74. Gordon I.J.: **What is the future for wild, large herbivores in human-modified agricultural landscapes?**, Wildl. Biol., 15. 1–9, 2009.
75. Gortázar C., Acevedo P., Ruiz-Fons F., Vicente J.: **Disease risks and overabundance of game species**, Eur. J. Wildl. Res., 52. 81–87, 2006.
76. Gortázar C., Delahay R. J., McDonald R.A., Boadella M., Wilson G.J., Gavier-Widen D., Acevedo, P.: **The status of tuberculosis in European wild mammals**, Mammal Rev., 42. 193–206, 2012.
77. Gortázar C., Ferroglio E., Höfle U., Frölich K., Vicente J.: **Diseases shared between wildlife and livestock: a European perspective**, Eur. J. Wildl. Res., 53. 241–256, 2007.
78. Gortázar C., Torres M.J., Vicente J., Acevedo P., Reglero M., de la Fuente J., Negro J.J., Aznar-Martín J.: **Bovine tuberculosis in Doñana Biosphere Reserve: the role of wild ungulates as disease reservoirs in the last Iberian lynx strongholds**, PLoS ONE, 3. 1–8, 2008.
79. Gortázar C., Vicente J., Boadella M., Ballesteros C., Galindo R.C., Garrido J., Aranaz A., de la Fuente J.: **Progress in the control of bovine tuberculosis in Spanish wildlife**, Vet. Mic., 151. 170-178, 2011.
80. Green D.M., Kiss I.Z., Mitchell A.P., Kao R.R.: **Estimates for local and movement-based transmission of bovine tuberculosis in British cattle**, Proc. R. Soc. B., 275. 1001-1005, 2008.
81. Griffin J.F.T. Rodgers C.R., Liggett S., Mackintosh C.G.: **Tuberculosis in ruminants: Characteristics of intra-tonsillar Mycobacterium bovis infection models in cattle and deer**, Tuberc., 86. 404-418, 2006.
82. Györfy A., Jozwiak Á.: **A Hidden Corner of the “One Health” Concept: One Health, the Military Veterinarian, and Education**, AARMS, 15. 107–120, 2016.
83. Hadorn D.C., Stärk K.D.C.: **Evaluation and optimization of surveillance systems for rare and emerging diseases**, Vet. Res., 39. 57, 2008.
84. Hancox M.: **Bovine TB in badgers: a reappraisal of aetiology and pathogenesis**, Appl. Mic., 24. 226–227, 1997.
85. Hawley D.M., Altizer S.M.: **Disease ecology meets ecological immunology: understanding the links between organismal immunity and infection dynamics in natural populations**, Funct. Ecol., 25. 48–60, 2011.
86. Héjj L., Nyiredi I., Tuboly S.: **A májmételyek szerepe a szarvasmarhák tuberkulin-allergiájának kialakulásában**, Magy. Állatorv. Lapja, 23. 347–351, 1968.

87. Henessy D.R., Bauer C., Boray J.C., Conder G. A., Dauschies A., Johansen M.V., Maddox-Hyttel C., Roepstorff A.: **World association for the advancement of veterinary parasitology (WAAVP): second edition of guidelines for evaluating the efficacy of anthelmintics in swine**, Vet. Parasitol., 141. 138–149, 2006.
88. Höner zu Bentrup K., Russell Dg.: **Mycobacterial persistence: adaptation to a changing environment**, Trends Microbiol., 9. 597-605, 2001.
89. Hill A., Brouwer A., Donaldson N., Lambton S., Buncic S., Griffiths I.: **A risk and benefit assessment for visual-only meat inspection of indoor and outdoor pigs in the United Kingdom**, Food Cont., 30. 255–264, 2013.
90. Hill A.A., Horigan V., Clarke K.A., Dewé T.C.M., Stärk K.D.C., O'Brien S., Buncic S.: **A qualitative risk assessment for visual-only post-mortem meat inspection of cattle, sheep, goats and farmed/wild deer**, Food Contr., 38. 96–103, 2014.
91. Holló F.: **Investigations on Metastrongylosis in swine 2. Some remarks to morphology of Metastrongylus salmi (Gedoelst 1923) with special reference to its differentiation from M. apri**, Acta Vet. Hung., 15. 259–268, 1965.
92. Holló F., Nemeséri L.: **Állatorvosi parazitológiai diagnosztika**, Budapest, Mezőgazdasági Kiadó, 1972.
93. Hu H., Nigmatulina K., Eckhoff P.: **The scaling of contact rates with population density for the infectious disease models**, Math. Biosci., 244. 125–134, 2013.
94. Humblet M. F., Boschioli M. L., Saegerman C.: **Classification of worldwide bovine tuberculosis risk factors in cattle: a stratified approach**, Vet. Res., 40. 1–24, 2009.
95. Jánosi S., Rónai Z., Aranaz A., Dominguez L., Romero B., Rodriguez-Campos S.: **Relationship between wildlife and bovine TB in Hungary on the evidence of genotyping data. Proceedings of the Workshop VNTR/MIRU and DVR-Spoligotyping for Mycobacterium bovis typing**, Madrid, Spain, 28th February, 2009.
96. Jansen J. Jr.: **On the lungworms of the wild boar *Sus scrofa* L. in the Netherlands, with a description of *Metastrongylus confusus* n. sp**, Tijdschr Diergeneeskde, 89.1205–1211, 1964.
97. Jia P., Joyner A.: **Human brucellosis occurrences in inner mongolia, China: a spatio-temporal distribution and ecological niche modeling approach**, BMC Infect. Dis., 15. 36, 2015.

98. Jolles A.E., Ezenwa V.O. Etienne R.S., Turner W.C., Olf H.: **Interactions between macroparasites and microparasites drive infection patterns in free-ranging African buffalo**, *Ecol.*, 89. 2239–2250, 2008.
99. Kalonji G.M.P., De Connick G., Ngongo L.O., Nsaka D.K., Kabengele T., Kandolo F.T., Ilunga-Ilunga F., Adelin A., Giet D.: **Prevalence of tuberculosis and associated risk factors in the Central Prison of MbujiMayi, Democratic Republic of Congo**, *Trop. Med. Int. Health.*, 44. 30, 2016.
100. Kankya C., Muwonge A., Olet S., Munyeme M., Biffa D., Opuda-Asibo J., Skjerve E., Oloya J.: **Factors associated with pastoral community knowledge and occurrence of mycobacterial infections in Human-Animal Interface areas of Nakasongola and Mubende districts, Uganda**, *BMC Publ. Health.*, 10. 471, 2010.
101. Karesh W.B., Cook R.A., Bennet E.L., Newcomb J.: **Wildlife trade and global disease emergence**, *Emerg. Infect. Dis.*, 11. 1000–1002, 2005.
102. Karesh W.B., Dobson A., Lloyd-Smith J.O., Lubroth J, Dixon M.A., Bennet M., Aldrich S., Harrington T., Formenty P., Loh E.H., Machalaba C.C., Thomas M.J., Heyman D.L.: **Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories**. *The Lancet*, 380. 1936–1945, 2012.
103. Katale B. Z., Mbugi E. V.: **Bovine tuberculosis at the human-livestock-wildlife interface: Is it a public health problem in Tanzania?**, *O. J. Vet. Res.*, 79. 1–8, 2012.
104. Katona K., Szemethy L., Nyeste M., Fodor Á., Székely J., Bleier N., Kovács V., Olajos T., Terhes A., Demes T.: **A hazai erdők cserjeszintjének szerepe a nagyvad-erdő kapcsolatok alakulásában**, *Természetv. Közl.*, 13. 119–126, 2007.
105. Kopečna M., Parmová I., Dvorská-Bartosová L., Moravková M., Babák .V, Pavlík I.: **Distribution and transmission of Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis in farmed red deer (Cervus elaphus) studied by faecal culture, serology and IS900 RFLP examinations**, *Vet Med-Czech*, 53. 510–523, 2008.
106. Kovats R.S., Butler C.D.: **Global health and environmental change: linking research and policy**, *Curr. Op. Env. Sust.*, 4. 44–50, 2012.
107. Kubica T., Rüsche-Gerdes S., Niemann S.: **Mycobacterium bovis subsp. caprae caused one-third of human m. bovis-associated tuberculosis cases reported in Germany between 1999 and 2001**, *J. Clin. Microbiol.*, 41. 3070–3077, 2003.

108. Lang Z., Reiczigel J.: **Confidence limits for prevalence of disease adjusted for estimated sensitivity and specificity**, *Prev. Vet. Med.*, 113. 13-22, 2014.
109. Lemel J., Truvé J., Söderberg B.: **Variation in ranging and activity behaviour of European wild boar *Sus scrofa* in Sweden**, *Wildl. Biol.*, 9. 29–36, 2003.
110. Levine, B.: **What does the population attributable fraction mean?**, *Prev. Chronic. Dis.*, 4. A14, 2007.
111. Liverani M., Waage J., Barnett T., Pfeiffer D. U., Rushton J., Rudge J. W., Loevinshon M.E., Scoones I., Smith R.D., Cooper B.S., White L.J., Goh S., Horby P., Wren B., Gundogdu O., Woods A., Coker R. J.: **Understanding and managing zoonotic risk in the new livestock industries**, *Environ. Health Persp.*, 121. 873–877, 2013.
112. Lowry C.A., Smith D.G., Siebler P.H., Schmidt D, Stamper C.E., Hassell J.E., Yamashita P.S., Fox J.H., Reber S.O., Brenner L.A., Hoisington A.J., Postolache T.T., Kinney K.A., Marciani D., Hernandez M., Hemmings S.M., Malan-Muller S., Wright K.P., Knight R., Raison C.L., Rook G.A.: **The Microbiota, immunoregulation, and Mental Health: Implications for Public Health**, *Curr. Environ. Health Rep.*, 3. 270–286, 2016.
113. Machackova M., Svastova P., Lamka J., Parmova I., Liska V., Smolik J., Fischer O.A., Pavlik I.: **Paratuberculosis in farmed and free-living wild ruminants in the Czech Republic (1999–2001)**, *Vet. Mic.*, 101. 225–234, 2004.
114. Markov G. és Lanszki J.: **Diet composition of the golden jackal, *Canis aureus* in an agricultural environment**, *Folia Zool.*, 61. 44–48, 2012.
115. Martin C., Pastoret P.-P., Brochier B., Humblet M.F., Saegerman C.: **A survey of the transmission of infectious diseases/infections between wild and domestic ungulates in Europe**, *Vet. Res.*, 42. 1–16, 2011.
116. Martín-Atance P., Palomares F., González-Candela M., Revilla E., Cubero M.J., Calzada J., Leoón-Vizcaíno L.: **Bovine Tuberculosis in a Free Ranging Red Fox (*Vulpes vulpes*) from Don~ana National Park (Spain)**, *J. Wildl. Dis.*, 41. 435–436, 2005.
117. Martín-Hernando M.P., Höfle U., Vicente J., Ruiz-Fons F., Vidal D., Barral M., Garrido J.M., de la Fuente J., Gortázar C.: **Lesions associated with *Mycobacterium tuberculosis* complex infection in the European wild boar**, *Tuberc.*, 87. 360–367, 2007.
118. Martín-Hernando M.P., Torres M.J., Aznar J., Negro J.J., Gandía A., Gortázar C.: **Distribution of lesions in red and fallow deer naturally infected with**

- Mycobacterium bovis**, J. Comp. Pathol., 142. 43–50, 2009.
119. Massei G., Genov P. V.: **The environmental impact of wild boar**, Galemys, 16. 135-145, 2004.
 120. Massei G., Kindberg J., Licoppe A., Gacič D., Šprem N., Kamler J., Baubet E., Hohmann U., Monaco A., Ozoliņš J., Cellina S., Podgórski T., Fonseca C., Markov N., Pokorný B., Rosell C., Náhlik A.: **Wild boar populations up, numbers of hunters down? A review of trends and implications for Europe** Pest, Manag. Sci., 71. 492–500, 2015.
 121. Massolo A., Mazzoni R.: **Population structure variations of wild boar *Sus scrofa* in central Italy**, It. J. Zool., 73. 137–144, 2006.
 122. Matos A.C., Figueira L., Martins M.H., Matos M., Morais M., Dias A.P., Pinto M.L., Coelho A.C.: **Disseminated *Mycobacterium bovis* Infection in red foxes (*Vulpes vulpes*) with cerebral involvement found in Portugal**, Vector Borne Zoon. Dis., 14. 531–533, 2014.
 123. McCallum H., Barlow N., Hone J.: **How should pathogen transmission be modelled?**, Trends Ecol. Evol., 16. 295–300, 2001.
 124. McFarlane R., Sleigh A., McMichael T.: **Synanthropy of wild mammals as a determinant of emerging infectious diseases in the Asian-Australasian region**, EcoHealth., 9. 24–35, 2012.
 125. McFarlane R., Sleigh A., McMichael A.J.: **Land-use change and emerging infectious diseases on an island continent**, Int. J. Environ. Res. Publ. Health, 10. 2699–2719, 2013.
 126. McMichael A.J.: **Environmental and social influences on emerging infectious diseases: past, present and future**, Phil. Trans. R. Soc. Lond. B, 359. 1049–1058, 2004.
 127. Meng X.J., Lindsay D.S., Sriranganathan N.: **Wild boars as sources for infectious diseases in livestock and humans**, Phil. Trans. R. Soc. B, 364. 2697–2707, 2009.
 128. Merli E., Meriggi A.: **Using harvest data to predict habitat-population relationship of the wild boar *Sus scrofa* in Northern Italy**,. Acta Theriol., 51.383–394, 2006.
 129. Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal Központ: **Szakmai útmutató a szarvasmarha-állományok gümőkór-mentességének ellenőrzésére irányuló vizsgálatok végrehajtására**. 2,0 verzió, Budapest, MgSzH Központ. 2010.

130. Michel A.L., Müller B., van Helden P.D.: **Mycobacterium bovis at the animal–human interface: A problem, or not?**, Vet. Microbiol., 140. 371–381, 2010.
131. Millán J., Jiménez M.A., Viota M., Candela M. G., Peña L., Vizcaíno L.L.: **Disseminated Bovine Tuberculosis in a Wild Red Fox (*Vulpes vulpes*) in Southern Spain**, J. of Wildl. Dis., 44. 701–706, 2008.
132. Miller R.S., Sweeney S.J.: **Mycobacterium bovis (bovine tuberculosis) infection in North American wildlife: current status and opportunities for mitigation of risk of further infection in wildlife populations**, Epidemiol. Infect., 141. 1357–1370, 2013.
133. More S.J., Cameron A.R., Greiner M., Clifton-Hadley R.S., Rodeia S.C., Bakker D., Salman M.D., Sharp J.M., De Massis F., Aranaz A., Boniotti M.B., Gaffuri A., Have P., Verloo D., Woodford M., Wierup M.: **Defining output-based standards to achieve and maintain tuberculosis freedom in farmed deer, with reference to member states of the European Union**, Prev. Vet. Med., 90. 254–267, 2009.
134. Morita T., Haruta K-I., Shibata-Haruta A., Kanda E., Imai S., Ike K.: **Lung Worms of Wild Boars in the Western Region of Tokyo, Japan**, J. Vet. Med. Sci., 69. 417–420. 2007.
135. Morters M.K., Restif O., Hampson K., Cleaveland S., Wood J.L.N., Conlan A.J.K.: **Evidence-based control of canine rabies: a critical review of population density reduction**, J. Anim. Ecol., 82. 6–14, 2013.
136. Muehlenbein M.P.: **Human-wildlife contact and emerging infectious diseases**. In: *Human-environment interactions. current and future directions*. Szerk: Brondízio, E.S., Moran E.F. Dordrecht, The Netherlands, Springer Science Business Media, 2013. P. 79–94.
137. Müller B., Dürr S., Alonso S., Hattendorf J., Laisse C., Parsons S., van Helden P.D., Zinsstag J.: **Zoonotic Mycobacterium bovis–induced Tuberculosis in Humans**, Emerg. Infect. Diseases., 19. 899–908, 2013.
138. Naranjo V., Gortázar C., Vicente J., de la Fuente J.: **Evidence of the role of the European wild boar as a reservoir of Mycobacterium tuberculosis complex**, J. Vet. Microbiol., 127. 1–9, 2008.
139. Nielsen N. O., Waltner-Toew D., Nishi J.S., Hunter D.B.: **Whither ecosystem health and ecological medicine in veterinary medicine and education**, Can. Vet. J., 253. 747–753, 2012.

140. Noda R.: **A new species of *Metastrongylus* nematode from wild boar with remarks on other species**, Bull. Univ. Osaka Prefect Ser. B Agric. Life Sci., 25. 21–29, 1973.
141. Nores C., Llaneza L., Álvarez M.Á.: **Wild boar *Sus scrofa* mortality by hunting and wolf *Canis lupus* predation: an example in northern Spain**, Wildl. Biol., 14. 44–51, 2008.
142. Nosal P., Kowal J., Nowosad B.: **Structure of *Metastrongylidae* in wild boars from southern Poland**, Helminthologia, 47. 212-218, 2010.
143. Nugent G.: **Maintenance, spillover and spillback transmission of bovine tuberculosis in multi-host wildlife complexes: A New Zealand case study**, Vet. Microbiol., 151. 34–42, 2011.
144. Okafor C.C., Grooms D.L., Bruning-Fann C.S., Averill J.J., Kaneene, J.B.: **Descriptive epidemiology of bovine tuberculosis in Michigan (1975–2010): Lessons learned**, Vet. Med. Internat., 874924. 1–13, 2011.
145. Orłowska B., Augustynowicz-Kopeć E., Krajewska M., Zabost A., Welz M., Kaczor S., Anusz K.: ***Mycobacterium caprae* transmission to free-living grey wolves (*Canis lupus*) in the Bieszczady Mountains in Southern Poland**, Eur J Wildl Res. 63. 21, 2017.
146. Országos Vadgazdálkodási Adattár: **A 2011/2012. vadászati év vadgazdálkodási eredményei, valamint a 2012. tavaszi vadállomány becslési adatok és vadgazdálkodási tervek**, Gödöllő, Szent István Egyetem, Vadvilág Megőrzési Intézet, <http://ova.info.hu/vgstat.html>, (2014. december 4.) 2012.
147. Övergaard R., Gemmel P., Karlsson M.: **Effects of weather conditions on mast year frequency in beech (*Fagus sylvatica* L.) in Sweden**, Forestry, 80. 555–565, 2007.
148. Pásztor E., Oborny B. (szerk.): **Ökológia**, Budapest, Nemzeti Tankönyvkiadó, 2007.
149. Pate M., Zdovc I., Pirš T., Krt B., Ocepek M.: **Isolation and characterisation of *Mycobacterium avium* and *Rhodococcus equi* from granulomatous lesions of swine lymph nodes in Slovenia**, Acta Vet. Hungarica, 52. 143–150, 2004.
150. Pateman R.M., Thomas C.D., Hayward S.A.L., Hill J.K.: **Macro- and microclimatic interactions can drive variation in species' habitat associations**, Global Change Biol., 22. 556–566, 2016.
151. Pavlik I., Trcka I., Parmova I., Svobodova J., Melicharek I., Nagy G., Cvetnic Z., Ocepek M., Pate M., Lipiec M.: **Detection of bovine and human tuberculosis**

- in cattle and other animals in six Central European countries during the years 2000–2004**, Vet. Med. – Czech, 50. 291–299, 2005.
152. Pekkanen J., Pearce N.: **Environmental epidemiology: challenges and opportunities**, Environ. Health Perspect., 109. 1–5, 2001.
 153. Pfeiffer D. U.: **Veterinary epidemiology: An introduction**, Chichester, Blackwell Publishing, 2009.
 154. Probst C, Globig A, Knoll B, Conraths FJ, Depner K.: **Behaviour of free ranging wild boar towards their dead fellows: potential implications for the transmission of African swine fever**, R. Soc. Opensci., 4. 170054, 2017.
 155. Prodinger W.M., Brandstätter A., Naumann L., Pacciarini M., Kubica T., Boschioli M.L., Aranaz A., Nagy G., Cvetnic Z., Ocepek M., Skrypnik A., Erler W., Niemann S., Pavlik I., Moser I.: **Characterization of Mycobacterium caprae isolates from europe by mycobacterial interspersed repetitive unit genotyping**, J. Clin. Mic., 43. 4984–4992, 2005.
 156. Rabinowitz PM, Kock R, Kachani M, Kunkel R, Thomas J, Gilbert J, Wallace R., Blackmore C., Wong D., Karesh W., Natterson B., Dugas R., Rubin C., .for the Stone Mountain One Health Proof of Concept Working Group: **Toward proof of concept of a One Health approach to disease prediction and control**, Emerg. Infect. Dis., 19. 12, 2013.
 157. Rahman S.A., Singh Y., Kohli S., Ahmad J., Ehtesham N.Z., Tyagi A., Hasnain S.E.: **Comparative analyses of nonpathogenic, opportunistic, and totally pathogenic mycobacteria reveal genomic and biochemical variabilities and highlight the survival attributes of Mycobacterium tuberculosis**, MBio, 5. e02020-14, 2014.
 158. Rapport D. J.: **Epidemiology and Ecosystem Health: Natural Bridges**, Ecosyst. Health, 5.174–180, 1999.
 159. Reiczigel, J.: **Confidence intervals for the binomial parameter: Some new considerations**, Stat. .Med., 22. 611–621, 2003.
 160. Renwick A.R., White P.C.L., Bengis R.G.: **Bovine tuberculosis in southern African wildlife: a multi-species host–pathogen system**, Epidemiol. Infect., . 135. 529–540, 2007.
 161. Rhyan J.C., Spraker T.R.: **Emergence of diseases from wildlife reservoirs**, Vet. Pathol., 47. 34–39, 2010.
 162. Richardson D.J.: **Identification of cystacanths and adults of Oligacanthorhynchus tortuosa, Macracanthorhynchus ingens, and**

- Macracanthorhynchus hirudinaceus based on proboscis and hook morphometrics**, J. Arkansas Acad. Sci., 59. 205–209, 2005.
163. Richomme C., Boschioli M. L., Hars J., Casabianca F., Ducrot C.: **Bovine tuberculosis in livestock and wild boar on the mediterranean island, Corsica**, J. Wild. Dis., 46. 627–631, 2010.
 164. Risco D., Serrano E., Fernández-Llario P., Cuesta J.M., Gonçalves P, García-Jiménez W.L., Martínez R., Cerrato R., Velarde R., Gómez L., Segalés J., Hermoso de Mendoza J.: **Severity of Bovine Tuberculosis Is Associated with Co-Infection with Common Pathogens in Wild Boar**, PLoS ONE, 9. e110123, 2014.
 165. Ritchie E., G., Elmhagen B., Glen A.S., Letnic M., Ludwig G., McDonald R.A.: **Ecosystem restoration with teeth: what role for predators?**, Trends Ecol. Evol., 27. 265–271, 2012.
 166. Rivière J., Le Strat Y., Dufour B., Hendrikx P.: **Sensitivity of Bovine Tuberculosis Surveillance in Wildlife in France: A Scenario Tree Approach**, PLoS ONE, 10. e0141884, 2015.
 167. Rosell C., Navás F., Romero S.: **Reproduction of wild boar in a cropland and coastal wetland area: implications for management**, Anim. Biodiv. Cons., 35. 209–217, 2012.
 168. Rosenblueth M., Martinez-Romero J.C., Reyes-Prieto M., Rogel M.A., Martinez-Romero E.: **Environmental Mycobacteria: a threat to human health?**, DNA Cell. Biol., 30. 633–640, 2011.
 169. Rózsa L., Reiczigel J., Majoros G.: **Quantifying parasites in samples of hosts**, J. Parasitol., 86. 228–232, 2000.
 170. Santos N., Gerales M., Alfonso A., Almeida A., Correia-Neves M.: **Diagnosis of tuberculosis in the wild boar (*Sus scrofa*): a comparison of methods applicable to hunter-harvested animals**, PLoS ONE, 5. e12663, 2010.
 171. Santos N., Correia-Neves M., Ghebremichael S., Källenius G., Svenson S.B., Almeida V.: **Epidemiology of Mycobacterium bovis infection in wild boar (*Sus scrofa*) from Portugal**, J. Wild. Dis., 45. 1048–1061, 2009.
 172. Schiller I., Oesch B.B., Vordermeier H.M., Palmer M.V., Harris B.N., Orloski K.A., Buddle B.M., Thacker T.C., Lyashchenko K.P. Waters W.R.: **Bovine tuberculosis: A review of current and emerging diagnostic techniques in view of their relevance for disease control and eradication**, Transb. Em. Dis., 57. 205–220, 2010.

173. Schiller I., Waters W.R., Vordermeier H.M., Jemmi T., Welsh M., Keck N., Whelan A., Gormley E., Boschirolì M.L., Moya J.L., Vela C., Cagiola M., Buddle B.M., Palmer M., Thacker T., Oesch B.: **Bovine tuberculosis in Europe from the perspective of an officially tuberculosis free country: Trade, surveillance and diagnostics**, Vet. Mic., 151. 153–159, 2011.
174. Schöning J.M., Cerny N., Prohaska S., Wittenbrink M.M., Smith N.H., Bloembergen G., Pewsner M., Schiller I., Origgì F.C., Ryser-Degiorgis M.P.: **Surveillance of bovine tuberculosis and risk estimation of a future reservoir formation in wildlife in Switzerland and Liechtenstein**, PLoS ONE, 8. 1–13, 2013.
175. Schoepf K., Prodinger W.M., Glawischnig W., Hofer E., Revilla-Fernandez S., Hofrichter J., Fritz J., Kofer J., Schmoll F.: **A two-years' survey on the prevalence of tuberculosis caused by *Mycobacterium caprae* in red deer (*Cervus elaphus*) in the Tyrol, Austria**, ISRN Vet. Sci., 245138. 1–7, 2012.
176. Scoones I., Jones K., Lo Iacono G., Redding D.W., Wilkinson A., Wood J.L.N.: **Integrative modelling for One Health: pattern, process and participation**. Phil. Trans. R. Soc. B, 372. 1725, 2017.
177. Selva N., Jędrzejewska B.: **Factors affecting carcass use by a guild of scavengers in European temperate woodland**, Can. J. Zool., 83. 1590-1601, 2005.
178. Shury T. K., Bergeson D.: **Lesion distribution and epidemiology of *Mycobacterium bovis* in elk and white-tailed deer in south-western Manitoba, Canada**. Vet. Med. Int., 591980. 1–11, 2011.
179. Somogyi Z.: **Recent trends of tree growth in relation to climate change in Hungary**, Acta Silv. Lign. Hung., 4. 17–27, 2008.
180. Stanford J.L., Shield M.J., Rook G.A.W.: **How environmental mycobacteria may predetermine the protective efficacy of BCG?**, Tuberc., 62. 55–62, 1981.
181. Stärk K.D.C., Alonso S., Dadios N., Dupuy C., Ellerbroek L., Georgiev M., Hardstaff J., Huneau-Salaün A., Laugier C., Mateus A., Nigsch A., Afonso A., Lindberg A.: **Strengths and weaknesses of meat inspection as a contribution to animal health and welfare surveillance**, Food Contr., 39. 154–162, 2014.
182. Stevenson M., Nunes T., Heuer C., Marshall J., Sanchez J., Thornton R., Reiczigel J., Robinson-Cox J., Sebastiani P., Solymos P., Yoshida K., Jones G., Pirikahu S., Firestone S., Kyle, R.: **epiR: Tools for the analysis of epidemiological data. R Package** Version 0.9-74, 2016.

183. Stuart F.A., Manser P.A., McIntosh F.G.: **Tuberculosis in imported red deer (*Cervus elaphus*)**, Vet. Rec., 122. 508–511, 1988.
184. Stursová M., Bárta J., Šantručková H., Baldrian P.: **Small-scale spatial heterogeneity of ecosystem properties, microbial community composition and microbial activities in a temperate mountain forest soil**, FEMS Microbiol. Ecol., 92. 12, 2016.
185. Tenguria R.K., Khan F.M., Quereshi S., Pandey A.: **Epidemiological study of zoonotic tuberculosis complex (ZTBC)**, W. J. Sci. Tech., 1. 31–56, 2011.
186. Thoen C.O., Kaplan B., Thoen T.C., Gilsdorf M.J., Shere J.A.: **Zoonotic tuberculosis. a comprehensive *One Health* approach**. Medicina (Buenos Aires), 76. 159–165, 2016.
187. Thoen C.O. LoBue P.A., Enarson D.A., Kaneene J.B., de Kantor I.N.: **Tuberculosis: a re-emerging disease in animals and humans**, Vet. Ital., 45. 135–181, 2009.
188. Thrusfield M., Ortega C., de Blas I., Noordhuizen J.P., Frankena K.: **WIN EPISCOPE 2.0 improved epidemiological software for veterinary medicine**, Vet. Rec., 148. 567–572, 2001.
189. Tompkins D.M., Dunn A.M., Smith M.J., Telfer S.: **Wildlife diseases: from individuals to ecosystems**, J. Anim. Ecol., 80. 19–38, 2011.
190. VanderWaal K., Enns E.A., Picasso C., Alvarez J., Perez A., Fernandez F., Gil A., Craft M., Wells S.: **Optimal surveillance strategies for bovine tuberculosis in a low prevalence country**, Sci. RepoRts., 7. 4140, 2017.
191. Varga J., Tekes L.: **Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága állásfoglalása a szarvasmarha-állományok gümőkórmentességének fenntartásáról és a mentesség ellenőrzéséről**, Magy. Állatorv. Lapja, 129. 699–700, 2007.
192. Varga J., Tuboly S., Mészáros J.: **A háziállatok fertőző betegségei – Állatorvosi Járványtan II.**, Budapest, Mezőgazda Kiadó, 1999.
193. VerCauteren K. C., Atwood T. C., DeLiberto T. J., Smith H. J., Stevenson J. S., Thomsen B. V., Gidlewski T., Payeur J.: **Sentinel-based surveillance of coyotes to detect bovine tuberculosis, Michigan**, Emerg. Infect Dis., 14. 1862–1869, 2008.
194. VerCauteren K. C., Lavelle M.J., Hygnstrom S.: **Fences and deer-damage management: a review of designs and efficacy**, Wildl. Soc. Bull., 99. 191–200, 2006.

195. Vetter S.G., Ruf T., Bieber C., Arnold W.: **What Is a Mild Winter? Regional Differences in Within-Species Responses to Climate Change.** PLoS ONE, 10. e0132178, 2015.
196. Vicente J., Barasona J.A., Acevedo P., Ruiz-Fons J.F., Boadella M., Diez-Delgado I., Beltran-Beck B., Gonzalez-Barrio D., Queiros J., Montoro V., de la Fuente J., Gortázar C.: **Temporal trend of tuberculosis in wild ungulates from mediterranean Spain,** Transbound. Emerg. Dis., 60. 92–103, 2013.
197. Vicente J., Höfle U., Garrido J.M., Fernández-De-Mera I.G., Juste R., Barral M., Gortazar C.: **Wild boar and red deer display high prevalences of tuberculosis-like lesions in Spain,** Vet. Res., 37. 107-119, 2006.
198. Vicente J., Höfle U., Garrido J.M., Fernandez-de-Mera I.G., Acevedo P., Juste R., Barral M., Gortázar C.: **Risk factors associated with the prevalence of tuberculosis-like lesions in fenced wild boar and red deer in south central Spain,** Vet. Res., 38. 451–464, 2007.
199. Vicente, J. – Höfle, U. Fernández-De-Mera I.G., Gortazar C.: **The importance of parasite life history and host density in predicting the impact of infection in red deer,** Oecologia, 152. 655–664, 2007.
200. Vidékfejlesztési Minisztérium: **43/2011. (V. 26.) VM rendelet az elejtett vad kezelésének és értékesítésének élelmiszer-higiéniai feltételeiről.** <http://www.magyarorszag.hu/> (2014. december 4.) 2011.
201. Wirth T., Hildebrand F., Allix-Béguec C., Wölbeling F., Kubica T., Kremer K., van Soolingen D., Rüsch-Gerdes S., Loch C., Brisse S., Meyer A., Supply P., Niemann S.: **Origin, spread and demography of the *Mycobacterium tuberculosis* complex,** PLoS Pathog., 4. 1–10, 2008.
202. Whittington R.J., Marshall D.J., Nicholls P.J., Marsh I.B., Reddacliff L.A.: **Survival and dormancy of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* in the environment,** Appl. Environ. Microb., 70. 2989–3004, 2004.
203. World Health Organization, WHO: **Global tuberculosis report 2014,** , www.who.int, (2014. december 4.) 2014.
204. World Health Organization, WHO: **The end TB Strategy,** www.who.int, (2015. augusztus 12.) 2015.
205. Wilton S., Cousins D.: **Detection and identification of multiple mycobacterial pathogens by DNA amplification in a single tube,** Genome Res, 1. 269–273, 1992.

206. Zarella G., Durand B., Hars J., Moutou F., Garin-Bastuji B., Duvauchelle A., Fermé M., Karoui C., . Boschioli M.L.: ***Mycobacterium bovis* in wildlife in France**, J. Wildl. Dis., 44. 99–108, 2008.
207. Zarella G., Duvauchelle A., Hars J., Moutou F., Boschioli M.L., Durand B.: **Patterns of lesions of bovine tuberculosis in wild red deer and wild boar**, Vet. Rec. 163. 43–47, 2008.
208. Zinsstag J., Mackenzie J. S., Jeggo M., Heymann, D.L., Patz J.A., Daszak P.: **Mainstreaming One Health**, EcoHealth, 9. 107–110, 2012.
209. Zinsstag J. – Schelling E., Bonfoh B., Fooks A.R., Kasymbekov J., Waltner-Toews D., Tanner M.: **Towards a 'One Health' research and application tool box**, Vet. Ital., 45. 121–133, 2009.
210. Zomborszky Z., Körmendy B., Tilly P., Tuboly S.: **Diagnosis of tuberculosis infection in red deer**, Proc.Int.Conf.Anim.Tub. Cairo, 157–158, 1992.
211. Zomborszky Z., Körmendy B., Tuboly S., Tilly P., Horn P.: **The value of immunodiagnostic tests in detecting tuberculosis in an infected red deer herd and in eradication of the disease by selection**, Acta Vet. Hung., 43. 385–392, 1995.

11. A doktori kutatás eredményeinek közlései

Lektorált, impakt faktorral bíró tudományos folyóiratban megjelent/elfogadott publikációk:

Ács K., Rónai Zs., Nagy G., Csivincsik Á., Sugár L., Jánosi Sz.: *Mycobacterium caprae* és *Trueperella (Arcanobacterium) pyogenes* társfertőzés okozta tályogképződés dámszarvas (*Dama dama*) májában és májkapui nyirokcsomóiban – Esetismertetés, MÁL, 136: 618–621, 2014. IF(2014): 0,185*

Csivincsik Á., Rónai Zs., Nagy G., Varga Gy., Jánosi Sz.: Új szemléletmód a szarvasmarha-gümőkór mint széles gazdaspektrumú fertőző betegség járványtanában, MÁL, 136: 631–639, 2014. IF(2014): 0,185*

Nagy G., Csivincsik Á., Sugár L. Wild boar density drives *Metastrongylus* infection in earthworm. Acta Parasitol. 60: 35-39, 2015. IF(2015): 1,293*

Nagy G., Csivincsik Á., Ács K., Varga G., Sugár L. *Macracanthorhynchus hirudinaceus* (Pallas, 1781) larvae in cockchafer (*Melolontha spp.*) grubs in different habitat conditions. Eur.J Wildl. Res. 61: 487-489, 2015. IF(2015): 1,403*

Rónai Z., Eszterbauer E., Csivincsik Á., Guti Cs., Dencső L., Jánosi Sz., Dán Á.: Detection of wide genetic diversity and several novel strains among non-avian nontuberculous *Mycobacteria* isolated from farmed and wild animals in Hungary, J. Appl. Microbiol., 121(1): 41–54, 2016. IF(2016): 2,099

Csivincsik Á., Rónai Zs., Nagy G., Nagy E., Sugár L.: A vadállományban előforduló szarvasmarha-gümőkór jelentette járványtani kockázat kezelése igazgatási eszközökkel, MÁL, 138: 209–217, 2016. IF(2016): 0,189*

Csivincsik Á., Rónai Z., Nagy G., Svéda G., Halász T.: Surveillance of *Mycobacterium caprae* infection in a wild boar (*Sus scrofa*) population in south western Hungary, Vet. Arhiv, 86: 767–775, 2016. IF(2016): 0,302*

Lektorált, impakt faktorral nem bíró tudományos folyóiratban megjelent/elfogadott publikációk:

Nagy G., Ács K., Benda D., Bérdi P., Csivincsik Á., Sugár L. *Macracanthorhynchus hirudinaceus* előfordulása Belső-Somogyban pp. 1-14. Akadémia beszámoló. Parazitológia, állattan, halkórtan – előadás, 2012.

Nagy G., Csivincsik Á., Varga G., Sugár L. Adatok a Somogy-megyei vaddisznó-állományok *Metastrongylus asymmetricus* fertőzöttségéhez pp. 1-5. Akadémia beszámolók.

Parazitológia, állattan, halkórtan – előadás, 2012.

Nagy G., Ács K., Csivincsik Á., Varga G., Sugár L. A sertés buzogányfejű férgének előfordulása dunántúli vaddisznóállományokban egyes környezeti tényezők függvényében Erdészettudományi Közlemények 4: 197-206. (2014)

Csivincsik Á., Rónai Z., Nagy G.: Post mortem examination of submandibular lymph node in wild boars (*Sus scrofa*) as a beneficial part of bovine tuberculosis surveillance systems, Acta Agraria Kaposváriensis, 19: 8–12, 2015.

Konferencia prezentációk, szakfolyóiratokban megjelent konferencia összefoglalók:

Csivincsik Á., Jánosi Sz., Szabó J., Nagy G., Nemes Cs., Nagy J., Sugár L., Bogdán T., Tuboly S., Lövey L.: The possible role of red deer in the maintenance of bovine tuberculosis in the South Transdanubian Region of Hungary Symposium “Enclosures: A dead-end? Influence on game biology, conservation and hunting” Sopron, 2008.11.07 -2008.11.09. (International Council for Game and Wildlife Conservation) – poszter, 2008.

Csivincsik Á., Rónai Zs., Jánosi Sz., Szabó J.: A vaddisznó fertőzésfenntartó szerepe a szarvasmarha-gümőkór járványtanában a Zselicben, Akadémiai Beszámolók – előadás, 2009.

Jánosi Sz., Csivincsik Á., Rónai Zs., Aranaz A., Rodriguez S., de Juan L., Pálfalvi A.: Tuberculosis szarvasmarhában és más állatfajokban Magyarországon: aktualitások és humán-egészségügyi kockázatok, Szent-Iványi – Binder napok, Rudnai-Kemenes Tudományos ülés – előadás, 2009.

Csivincsik Á., Rónai Zs., Szabó J., Lövey L., Jánosi Sz.: Environmental epidemiology of bovine tuberculosis in pastured cattle and deer herds,

<https://www.landwirtschaft.sachsen.de/landwirtschaft>

Rónai Zs., Csivincsik Á., Dán Á., Jánosi Sz.: Non-tuberculous Mycobacteria in animals in Hungary, 31th Annual Congress of the European Society of Mycobacteriology – poszter, 2010.

Csivincsik Á., Nemes Cs., Rónai Zs., Szabó J., Jánosi Sz.: Gümőkórra gyanút keltő elváltozások előfordulási aránya vaddisznókban a 2008-2010. közötti időszakban, a Zselicben, Akadémiai Beszámolók – előadás, 2011.

Rónai Zs., Dán Á., Dencső L., Csivincsik Á., Jánosi Sz.: Molecular Methods for the Identification of Mycobacterium Isolates with Animal Origin, Magyar Mikrobiológiai Társaság 16. Nemzetközi Kongresszusa – poszter, 2011.

Csivincsik Á., Nagy G., Svéda G., Rónai Zs., Jánosi Sz.: Gümőkórra gyanút keltő kórbonctani elváltozások vaddisznó-populáción belüli előfordulási arányával összefüggő kockázati tényezők elemzése, Akadémiai Beszámolók – előadás, 2012.

Jánosi Sz., Csivincsik Á., Rónai Zs., Rodriguez S., de Juan L., Aranaz A.: Tuberculosis and other mycobacterial infections of wildlife in Hungary, 9th Biennial Conference of the European Wildlife Disease Association – poszter, 2012.

Nagy G., Ács K., Benda D., Bérdi P., Csivincsik Á., Sugár L. Macracanthorhynchus hirudinaceus előfordulása Belső-Somogyban pp. 1-14. Akadémia beszámolók. Parazitológia, állattan, halkórtan – előadás, 2012.

Nagy G., Csivincsik Á., Varga G. , Sugár L. Adatok a Somogy-megyei vaddisznó-állományok Metastrongylus asymmetricus fertőzöttségéhez pp. 1-5. Akadémia beszámolók. Parazitológia, állattan, halkórtan – előadás, 2012.

Csivincsik Á., Nagy G., Balog T., Varga Gy., Rónai Zs., Jánosi Sz.: A populáció- biológiai változások és a gümőkór kórbonctani prevalenciájának összefüggései vaddisznóban, Akadémiai Beszámolók – előadás, 2014.

Csivincsik Á., Rónai Zs., Nagy G.: One Health approach in free-ranging systems – bovine tuberculosis as a model, 24th Int. Symp. "Animal Science Days". Ptuj, Szlovénia, Acta Agriculturae Slovenica Supplement 5: 28–30., 2016.

Csivincsik Á., Rónai Zs., Nagy G.: Potential target species for surveillance on a bovine tuberculosis endemic area, VII International Scientific Agriculture Symposium "Agrosym 2016". Jahorina, Bosznia-Hercegovina, Book of abstracts. 1226 p – 972., 2016.

12. A doktori kutatás témájához nem kapcsolódó tudományos eredmények

Lektorált, impakt faktoral bíró tudományos folyóiratban megjelent/elfogadott publikációk:

Nagy G., Varga G., Csivincsik Á., Sugár L. A *Metastrongylus asymmetricus* (Noda, 1973) megjelenése Magyarországon MÁL 135: 308-312, 2013. IF(2013): 0,185

Rónai Zs., Csivincsik Á., Gyuris É., Rigó D., Dán Á.: *Mycobacterium avium* subspecies *avium*, „*hominissuis*” és *silvaticum* alfajok jelentősége és magyarországi előfordulása, MÁL, 137: 549–556, 2015. IF(2015): 0,212

Rónai Z., Csivincsik Á., Gyuranecz M., Kreizinger Z., Dán Á., Jánosi S.: Molecular analysis and MIRU-VNTR typing of *Mycobacterium avium* subsp. *Paratuberculosis* strains from various sources, J. Appl. Microbiol., 118(2): 275–283, 2015. IF(2015): 2,386

Rónai Zs., Csivincsik Á., Szőgyényi Zs., Bacsadi Á., Dán Á., Jánosi Sz.: Adatok a paratuberkulózis hazai előfordulásáról – diagnosztikai fejlesztések és vizsgálati eredmények, 2006–2012, MÁL, 137: 211–218, 2015. IF(2015): 0,212

Rónai Zs., Csivincsik Á., Dán Á.: Molecular identification of *Mycobacterium avium* subsp. *silvaticum* by duplex high-resolution melt analysis and subspecies-specific real-time PCR, J. Clin. Microbiol., 53(5): 1582–1587, 2015. IF(2015): 3,631

Rónai Zs., Csivincsik Á., Gyuris É., Rigó D., Dán Á.: *Mycobacterium avium* subspecies *avium*, „*hominissuis*” és *silvaticum* alfajok jelentősége és magyarországi előfordulása, MÁL, 137: 549–556, 2015. IF(2015): 0,212

Csivincsik Á., Tossenberger J., Rózsa D., Németh K., Nagy Z., Sugár L., Nagy G.: Tannintartalmú takarmánykiegészítő in vitro féregellenes hatása kiskérődzők gyomor-bélférgeire. MÁL 137: 759-767, 2015. IF(2015): 0,212

Nagy G., Zsolnai A., Csivincsik Á., Sugár L.: Benzimidazol-rezisztencia kimutatása PCR-RFLP-módszerrel juhból izolált *Haemonchus contortus*-ban - Esetismertetés MÁL 137: 167-172, 2015. IF(2015): 0,212

Nagy G., Zsolnai A., Csivincsik Á., Sugár L.: A benzimidazol rezisztenciát okozó nukleotid-poliformizmus előfordulása dél-dunántúli kérődző állományokban. MÁL 137: 242, 2015. IF(2015): 0,212

Rónai Z., Csivincsik Á., Dán Á., Gyuranecz M.: Molecular analysis and MIRU-VNTR typing of *Mycobacterium avium* subsp. *avium*, 'hominissuis' and *silvaticum* strains of veterinary origin, *Infect. Genet. Evol.*, 7(40): 192–199, 2016. IF(2015): 2,591

Rónai Z., Eszterbauer E., Csivincsik Á., Guti Cs., Dencső L., Jánosi Sz., Dán Á.: Detection of wide genetic diversity and several novel strains among non-*avium* nontuberculous *Mycobacteria* isolated from farmed and wild animals in Hungary, *J. Appl. Microbiol.*, 121(1): 41–54, 2016. IF(2016): 2,099

Nagy G., Csivincsik Á., Zsolnai A., Sugár L.: Benzimidazole resistance in *Haemonchus contortus* recovered from farmed red deer. *Parasitol. Res.* 115: 3643-3647, 2016. IF(2016): 2,329

Nemes C., Császár L., Turbók J., Simonyai E., Csivincsik Á., Nagy G.: Angiostrongylus vasorum fertőzöttség okozta elhullás magyarországi kutyaiban . Esetismertetés MÁL 10: 613-619, 2016. IF(2016): 0,189

Nagy G., Csivincsik Á., Sugár L., Zsolnai A.: Benzimidazole resistance within red deer, roe deer and sheep populations within a joint habitat in Hungary. *Small Rumin. Res.* 149: 172-175, 2017. IF(2017): 0,947

Benda T., Csivincsik Á., Nemes C., Turbók J., Zsolnai A., Simonyai E., Majoros G., Nagy G.: Lethal *Angiostrongylus vasorum* infection in a Hungarian dog. *Acta Parasitol.* 62: 221-224, 2017. IF(2017): 1,16

Nagy E., Jócsák I., Csivincsik Á., Zsolnai A., Halász T., Nyúl A., Plucinszki Z., Simon T., Szabó S., Turbók J., Sugár L., Nagy G.: Establishment of *Fascioloides magna* in a new region of Hungary: case report, *Parasitol. Res.* 117: 3683-3687, 2018. IF(2017): 2,558

Konferencia prezentációk, szakfolyóiratokban megjelent konferencia összefoglalók:

Rónai Zs., Csivincsik Á., Dán Á., Dencső L., Jánosi Sz.: Újabb adatok a „paraallergiás” reakciókról, különös tekintettel a hazai szarvasmarha-állományok paratuberculosisára, valamint atípusos *Mycobacterium* fertőzéseire, Magyar Buiatrikusok Társaságának XIX. Nemzetközi Kongresszusa – előadás, 2009.

Rónai Zs., Csivincsik Á., Dán Á., Jánosi Sz.: Non-tuberculous *Mycobacteria* in animals in Hungary, 31th Annual Congress of the European Society of Mycobacteriology – poszter, 2010.

Rónai Zs., Lami E., Csivincsik Á., Stollár K., Dénes B., Dán Á., Jánosi Sz.: A *paratuberculosis* fertőzöttség kimutatására végzett vizsgálatok tapasztalatai, Akadémiai Beszámolók – előadás, 2011.

Rónai Zs., Csivincsik Á., Dán Á., Jánosi Sz.: Molecular identification of Hungarian *Mycobacterium Avium* Complex isolates of animal origin, 32th Annual Congress of the European Society of Mycobacteriology – poszter, 2011.

Rónai Zs., Dán Á., Dencső L., Csivincsik Á., Jánosi Sz.: Molecular Methods for the Identification of Mycobacterium Isolates with Animal Origin, Magyar Mikrobiológiai Társaság 16. Nemzetközi Kongresszusa – poszter, 2011.

Jánosi Sz., Rónai Zs., Barta E., Dénes B., Lami E., Dán Á., Szeredi L., Erdélyi K., Gyuranecz M., Makrai L., Csivincsik Á.: A sertés brucellózis és gümőkór aktuális kérdései, Köves napok – előadás, 2012.

Nagy G., Ács K., Csivincsik Á., Sugár L.: A *Haemonchus contortus* faj előfordulási viszonyai dél-dunántúli kérődzőkben. pp. 1-15. Akadémia beszámolók. Parazitológia, állattan, halkórtan – előadás, 2013.

Rónai Zs., Dán Á., Csivincsik Á., Gyuranecz M.: Comparative MIRU-VNTR analysis of *Mycobacterium avium* subspecies isolates of veterinary origin, Magyar Mikrobiológiai Társaság 17. Nemzetközi Kongresszusa – poszter, 2015.

Rónai Zs., Csivincsik Á., Gyuranecz M., Kreizinger Zs., Szőgyényi Zs., Dán Á., Jánosi Sz.: *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis* törzsek hazai elterjedtsége és MIRU-VNTR elemzése, Akadémiai Beszámolók – előadás, 2015.

Nagy G., Csivincsik Á., Zsolnai A., Sugár L.: A benzimidazol-rezisztencia vizsgálata molekuláris diagnosztikai módszerrel, tenyésztett gímszarvasból izolált *Haemonchus contortus* fonálférgekben. MÁL 137:(Supplement 1) 411-413, 2015. A Magyar Buiatrikus Társaság XXV. Nemzetközi Kongresszusa [XXV Jubilee International Congress of the Hungarian Association for Buiatrics]. Budapest, Magyarország: 2015.09.13 -2015.09.16. (ISBN 978-963-12-3377-3)

Csivincsik Á., Rónai Zs., Nagy G.: "A szarvas az más" - állathigiéniai kihívások és lehetséges megoldásuk az alternatív gazdasági állatfajok tartása során, Magyar Buiatrikus Társaság 26. Nemzetközi Kongresszusa: In Memoriam Kovács Ferenc Nemzetközi Állatorvos és Állattenyésztő Kongresszus. 375 p – 239–242., 2016.

Nagy G., Csivincsik Á., Rózsa D., Tossenberger J.: Tannin tartalmú takarmány-kiegészítő hatása választási bárányok gyomor-bélférgeire és termelésére In: Balka Gyula (szerk.) A

Magyar Buiatrikus Társaság XXVI. Nemzetközi Kongresszusa: In Memoriam Kovács Ferenc Nemzetközi Állatorvos és Állattenyésztő Kongresszus. pp. 197-200, 2016 Konferencia helye, ideje: Budapest , Magyarország , 2016.10.09 -2016.10.12. Budapest: Állatorvostudományi Egyetem, (ISBN:978 963 87942 8 4)

Csivincsik Á., Rónai Z., Szabó S., Balog T., Nagy G.: Two sides of the golden jackal: its controversial role in southwestern Hungary. In: Dušan Kovačević (szerk.) Book of Proceedings VIII International Scientific Agriculture Symposium Agrosym , pp. 2140-2144, 2017. Konferencia helye, ideje: Szarajevó, Bosznia-Hercegovina, 2017.10.05 -2017.10.08. Sarajevo: University of East Sarajevo, Faculty of Agriculture (ISBN:978-99976-718-1-3)

Csivincsik Á., Nagy G., Halász T., Zsolnai A.: Shared pastures and anthelmintic resistance in wildlife and livestock. Agriculturae Conspectus Scientificus 82: 189-191, 2017.

Nagy G., Csivincsik Á., Sugár L., Zsolnai A.: Situation of benzimidazole resistance in *Haemonchus contortus* in southwestern Hungary. Acta Agraria Kaposváriensis 21: 36-41, 2017.

13. Melléklet

Fogalomtár

abiotikus környezeti tényezők: a környezet élettelen, de az élethez szükséges fizikai és kémiai elemei és jelenségei (pl. fény, hőmérséklet, atmoszféra, víz, légmozgás, talaj, domborzat); amelyek a biotikus tényezőkkel együtt alkotják a természeti környezetet.

biodiverzitás (sokféleség): életközösségek jellemzője, amely egyszerre veszi figyelembe a fajok számát, valamint az egyes fajok egyedszámát is a társulásban. Minél sokfélébb, diverzebb egy közösség, annál több faj építi fel, azonban az alkotó fajok egyedszámának mind jelentősebb eltérése a diverzitás mértékét csökkenti.

biotikus környezeti tényezők: a biotikus tényezők sorában megkülönböztetjük az egyes növényi, illetve állati populációk és egyedek közötti hatásokat, valamint a növények és az állatok közötti kölcsönhatást. A különböző fajok kölcsönös kapcsolata lehet egymás számára közömbös, kölcsönösen hasznos, sőt elengedhetetlen vagy káros és ezek számos fokozata és változata.

biotóp (élőhely): az ökoszisztéma élettelen része, a fizikai környezet, amelyben az élő szervezetek élnek.

csúcsragadozó: az a ragadozó állat, amelyik a tápláléklánc csúcsán van és nincs természetes ellensége. A csúcsragadozóknak az a szerepe a táplálékláncban, hogy megakadályozzák az alattuk álló fajok elszaporodását, hozzájárulva ezáltal az ökológiai rendszerek stabilitásához.

degradáció: amikor az életközösség folyamatos változása az egyszerűsödés irányába halad: fajokban szegényebb lesz, a színtettség csökken, a táplálkozási kapcsolatok egyszerűsödnek.

életközösség: a térben és időben együtt előforduló, egymással kölcsönhatásban lévő, különböző faji minősítésű állat- és növénypopulációk együttese, amely más, illetve több, mint az alkotó populációk egyszerű összege. Jellemző rájuk az állandó fajkombináció, a réteges elrendeződés, az időbeli ismétlődés, az önszabályozó képesség (autoreguláció), és valamely faj dominanciája (pl. nádas, tölgyes).

elszigetelődés (izoláció): az élőhelyek elszigetelődése, amely a fajok mozgását, elterjedését akadályozza. Eredhet az élőhelyek különbözőségéből, illetve művi létesítmény okozta barrierhatás által.

eltartó képesség: az adott élőhelyen a populációk létfenntartásához szükséges tényezők összessége, amelyek a populáció növekedésének elvi határát jelentik.

erdészeti klímaosztály: az erdészeti gyakorlatban klímajelző fafajokkal, illetve faállománytípusokkal jellemezzük és határoljuk el a termőhely-tipológia egyes klímaosztályait (hazánkban a bükkös, a gyertyános-tölgyes, a kocsánytalan tölgyes, ill. cseres, valamint az erdősztyepp klímát).

A fák növekedése és a klíma közötti ok-okozati kapcsolat jellemzésére kidolgozott mutatószám az erdészeti szárazsági mutató (Forestry Aridity Index, FAI), amely a nyári hónapok átlaghőmérsékletével és csapadékösszegével jellemzi az adott élőhely klimatikus viszonyait. A bükkös klíma, amely a mérsékelt égövön a leginkább hűvös és nedves, FAI értéke 4,75 alatti, míg a leginkább száraz erdősztyepp klíma 7,25 fölötti FAI értékkel jellemezhető.

fragmentáció: az élőhely-fragmentáció az élőhely területi csökkenésének és feldarabolódásának folyamata. A feldarabolódott élőhely területeit a közöttük elhelyezkedő, átalakult vagy átalakított területek teljesen izolálhatják. Kis alapterületet igénylő változtatás (pl. út, vasút, csatorna) is okozhat élőhely-fragmentációt.

A terület-feldarabolódás hatásai többek között a terület szegélyétől való távolság csökkenése, így a szegélyhatások erősödése (mikroklimatikus hatások, zavarás, szennyezőanyagok), a csökkent élőhely-terület miatt pedig a kompetitív hatások erősödése, a táplálékforrások és a párválasztási lehetőségek szűkülése.

fogyasztó (konzumens) szervezetek: heterotróf növényevő, húsevő vagy mindenevő állatok. Szervezetük felépítéséhez közvetlenül vagy közvetve a termelők által felépített szerves vegyületeket használják fel.

gyakoriságfüggés: egy fertőző betegség gyakoriságfüggő terjedése során az egy egyedre jutó fertőző kontaktusok száma nem függ a populáció sűrűségétől, tehát a fertőzési ráta nem változik a populációsűrűség változásával.

hígító hatás (dilution effect): ha egy adott ökoszisztémában nagyszámú, egy adott betegségre különböző mértékben fogékony faj található, a fertőzési prevalencia alacsony szinten marad valamennyi gazdafajban, a fertőzés „hígul” az ökoszisztémában. A fertőzésre kevésbé fogékony fajok megjelenésére csak diverz (változatos) ökoszisztémában lehet számítani. A hígító hatás érvényesülhet közvetlenül, amikor a fő rezervoár konkurensei vagy ragadozói – megváltoztatva annak viselkedését – csökkentik a fertőző kontaktusok esélyét; vagy közvetve, amikor egy ragadozó faj csökkenti a fő rezervoárfaj sűrűségét.

invazív faj, özönfaj: olyan, nem őshonos faj, amelynek elterjedési területe és populációmérete folyamatosan növekszik, amíg minden, számára megfelelő élőhelyet elfoglal.

lebontó (reducens) szervezetek: az elhalt élőlények maradványait feldolgozó szervezetek. A szerves vegyületeket a termelők által felvehető (általában szervesen) vegyületekké bontják le. Ilyenek pl. egyes baktériumok, nyálkagombák, valódi gombák és egysejtűek.

mezopredátor: közepes méretű ragadozófajok, amelyek a tápláléklánc közepén helyezkednek el és kisebb testű állatokra vadásznak. Ha egy ökoszisztémából eltűnik a csúcsragadozó, ez megnöveli a mezopredátorok populációját, ami csökkenti a prédapopulációk méretét, ezáltal megbillen a helyi életközösség stabilitása, ami egyes fajok helyi populációinak eltűnéséhez vezethet.

monitoring: általánosító kifejezés a folyamatos adatgyűjtésre, amelynek célja egy adott populációban bekövetkező változások vagy trendek nyomon követése.

niche: absztrakt tér, amely magában foglalja mindazokat a környezeti feltételeket, élőhelyi jellemzőket, erőforrásokat, amelyek a populáció fennmaradása szempontjából lényegesek. Egy társulásban nem élhet tartósan egymás mellett két olyan populáció, amelyeknek a környezeti igénye, ökológiai niche-e megegyezik egymással. A kevésbé versenyképes populáció előbb vagy utóbb kiszorul a társulásból. Ez a szabályszerűség a kompetitív kizárás elve.

Egy populáció elvi környezeti igényei által meghatározott niche a fundamentális niche, amelyet versenytársak híján töltene be (prekompetitív niche). A realizált niche pedig az, amelyet a faj a versenytársai jelenlétében, a kompetitív eredményeként képes elfoglalni (posztkompetitív niche).

niche invázió: az az intuitív hipotézis, hogy a nagy diverzitású életközösségek mintegy védettek az inváziókkal szemben, mivel ezekben gyakorlatilag minden ökológiai niche foglalt. Egy faj invazív vá válását elősegíti, ha az elszaporodó populáció nagy mennyiségű kihasználatlan forrást talál (például az emberhez szegődve, szünantropizálódva, lásd raktári kártevők), illetve versenytárs nélküli, ún. üres niche-t foglalhat el, és olyan ökológiai folyosókat talál, amelyek terjedését elősegítik.

One Health: multidiszciplináris munkacsoportok helyi, nemzeti és nemzetközi együttműködése, amelynek célja az emberek, az állatok és a környezet egészségének megóvása, a globális, környezeti eredetű járványok elleni védekezés.

ökológiai interferencia: akkor jön létre, amikor egy adott kórokozóval való fertőződés kivonja a gazdát egy másik kórokozóra fogékony egyedek csoportjából, ezzel elérhetetlenné téve azt a kompetitor kórokozó számára. Ökológiai interferencia úgy is létrejöhet, hogy két kórokozóval való kevert fertőződés esetén a gazda „hordozó” státusza lerövidül, ezzel a két kórokozó kölcsönösen akadályozzák a terjedés hatékonyságát.

ökoszisztéma: az ökológia megismerésének legkisebb egysége, az élőlények és élettelen környezetük teljes kapcsolatrendszere, amely nyílt, önszabályozó rendszer. Lehatárolása a populációkhoz és a közösségekhez hasonlóan nem éles: meg kell adni, hogy mely térrészben és időintervallumban tanulmányozzuk az élőlényeket és élettelen környezetüket.

ökoszisztéma-elemek: az ökoszisztémák általában négy elemből tevődnek össze, ezek az elemek az abiotikus környezeti tényezők (élettelen anyagok), illetve a biotikus, azaz élő környezeti tényezők közül a termelő (producens) szervezetek, amik szerves anyagokból nagy energiatartalmú szerves vegyületet állítanak el, a fogyasztók (konzumensek), valamint a lebontók (főleg baktériumok és gombák), amik az elhalt szervezetek összetett szerves anyagait bontják le.

prevalencia: adott időpontban, ill. időszakban egy adott populációt érintő jelleg (pl. betegség) előfordulási gyakorisága.

pufferzóna (védőzóna): amely megakadályozza vagy mérsékeli a kedvezőtlen hatásokat és a magterületet megnövelve, további életteret nyújt a magterület fajainak.

rezervoár (természetes rezervoár): élő vagy élettelen forrás, amely kórokozókat halmozhat fel, hosszú távon hordozhatja, ezáltal későbbi járványkitörések forrásává válhat. A természetes rezervoár lehet egy állatfaj populációja, vagy több fajból álló közösség, de pl. itatóvíz vagy a talaj is.

surveillance: szisztematikus adatgyűjtést, elemzést és az eredmények értelmezését magába foglaló, populációsztű egészségügyi felmérés. Az általában vett monitoringgal szemben a surveillance előre meghatározza a betegség megjelenését jellemző határértékeket, illetve a surveillance eredményeire adott válasz-intézkedéseket.

sűrűségfüggés: egy fertőző betegség sűrűségfüggő terjedése során az egy egyedre jutó fertőző kontaktusok száma a populáció sűrűségével változik, tehát a betegség terjedési sebessége a populációsűrűség függvénye.

szegély: az eltérő biológiai aktivitású területek találkozásánál létrejövő egyedi élőhely-területeken (szegélyterületeken) a sugárzás-, légáramlás-, hőmérséklet- és légnedvesség viszonyai mindkét határoló területétől eltérnek.

szegélyhatás: az a jelenség, amikor valamely tulajdonság (fajkompozíció, egy-egy faj tömegessége, diverzitás, mikroklíma stb.) a határtól mért távolság függvényében változik.

szuperürítő: olyan egyed, amely egy adott fertőző betegség kórokozóját a gazdafaj többi egyedéhez képest kiemelkedően nagy számban üríti.

táplálékspecialista: olyan állatfaj, amely csak bizonyos típusú táplálékforrást (néhány vagy csupán egyetlen fajt) képes hasznosítani populációja fenntartásához, ezért a táplálékfaj populációjának változása közvetlen hatással van a táplálékspecialista populációjára.

termelő (producens) szervezetek: autotróf táplálkozású élőlények (főként zöld növények), amelyek szervesetlen vegyületekből szerves vegyületeket állítanak elő.

tolerancia-tartomány: az ökológiai tűrőképességi (tolerancia) tartomány vagy ökológiai valencia a környezeti tényezőknek az az értéktartománya, amelyen belül az egyedek még életképesek. Szűktűrűsű (sztenök) fajok esetében, több környezeti tényezőt vizsgálva a minimum és a maximum pont közel van egymáshoz, a specialista faj csak kismértékű változásokat képes elviselni. Tágtűrűsű (euriök) fajok esetében a környezeti tényezők minimum és maximum pontjai távol vannak egymástól, azok változását tág tartományban tudja elviselni a generalista faj.

Parazitológiai vizsgálat – *Metastrongylus* spp. fertőzöttség vizsgálata

Egyed	Féregszám <i>Metastrongylus</i> -fajonként					Összes féregszám	Hely
	<i>M.asym.</i>	<i>M.conf.</i>	<i>M.elong.</i>	<i>M.pud.</i>	<i>M.salmi</i>		
1.	0	0	11	9	14	34	Belső-Somogy
2.	0	1	0	5	6	12	Belső-Somogy
3.	0	0	8	1	9	18	Belső-Somogy
4.	0	0	0	20	17	37	Belső-Somogy
5.	0	0	0	0	1	1	Belső-Somogy
6.	0	0	0	0	0	0	Belső-Somogy
7.	6	21	2	16	134	179	Belső-Somogy
8.	0	3	2	27	25	57	Belső-Somogy
9.	0	0	0	44	32	76	Belső-Somogy
10.	0	21	16	181	217	435	Belső-Somogy
11.	0	3	16	58	77	154	Belső-Somogy
12.	0	5	10	4	50	69	Belső-Somogy
13.	8	0	0	7	0	15	Drávasík
14.	1	0	5	4	10	20	Drávasík
15.	9	36	42	23	67	177	Drávasík
16.	24	37	0	90	81	232	Belső-Somogy
17.	2	39	0	41	24	106	Belső-Somogy
18.	0	0	0	1	0	1	Belső-Somogy
19.	2	4	0	0	28	34	Belső-Somogy
20.	1	4	3	5	52	65	Belső-Somogy
21.	1	6	5	11	14	37	Belső-Somogy
22.	3	2	5	5	4	19	Belső-Somogy
23.	0	0	13	30	18	61	Belső-Somogy
24.	13	3	21	253	37	327	Belső-Somogy
25.	0	27	0	0	63	90	Külső-Somogy
26.	0	0	11	2	8	21	Külső-Somogy
27.	26	11	7	184	91	319	Külső-Somogy
28.	16	22	2	19	105	164	Külső-Somogy
29.	0	0	0	0	0	0	Külső-Somogy
30.	0	0	0	5	2	7	Külső-Somogy
31.	0	29	45	9	38	121	Zselic
32.	0	0	1	0	0	1	Zselic
33.	7	10	16	33	66	132	Zselic
34.	4	4	22	4	59	93	Zselic
35.	1	4	10	17	10	42	Zselic
36.	1	22	31	1	38	93	Zselic
37.	0	0	0	11	4	15	Zselic
38.	0	68	7	0	72	147	Zselic

Egyed	Féregszám <i>Metastrongylus</i> -fajonként					Összes féregszám	Hely
	<i>M.asym.</i>	<i>M.conf.</i>	<i>M.elong.</i>	<i>M.pud.</i>	<i>M.salmi</i>		
39.	1	8	1	4	66	80	Zselic
40.	4	22	9	31	127	193	Zselic
41.	0	0	4	40	26	70	Zselic
42.	0	6	2	2	39	49	Zselic
43.	0	3	2	21	32	58	Zselic
44.	0	4	6	85	19	114	Zselic
45.	0	14	6	52	74	146	Zselic
46.	0	9	0	56	45	110	Zselic
47.	0	0	3	11	6	20	Kelet-Zala
48.	0	19	0	0	46	65	Kelet-Zala
49.	2	11	13	2	39	67	Kelet-Zala
50.	2	14	2	8	148	174	Kelet-Zala
51.	68	27	30	131	213	469	Kelet-Zala
összes	202	519	389	1563	2353	5026	
	4,01%	10,36%	7,73%	31,09%	46,81%	100%	

M. asym.: Metastrongylus asymmetricus

M. conf.: M. confusus

M. elong.: M. elongatus

M. pud.: M. pudendotectus

Parazitológiai vizsgálat – *Macranchanthorhynchus hirudinaceus* fertőzöttség vizsgálata

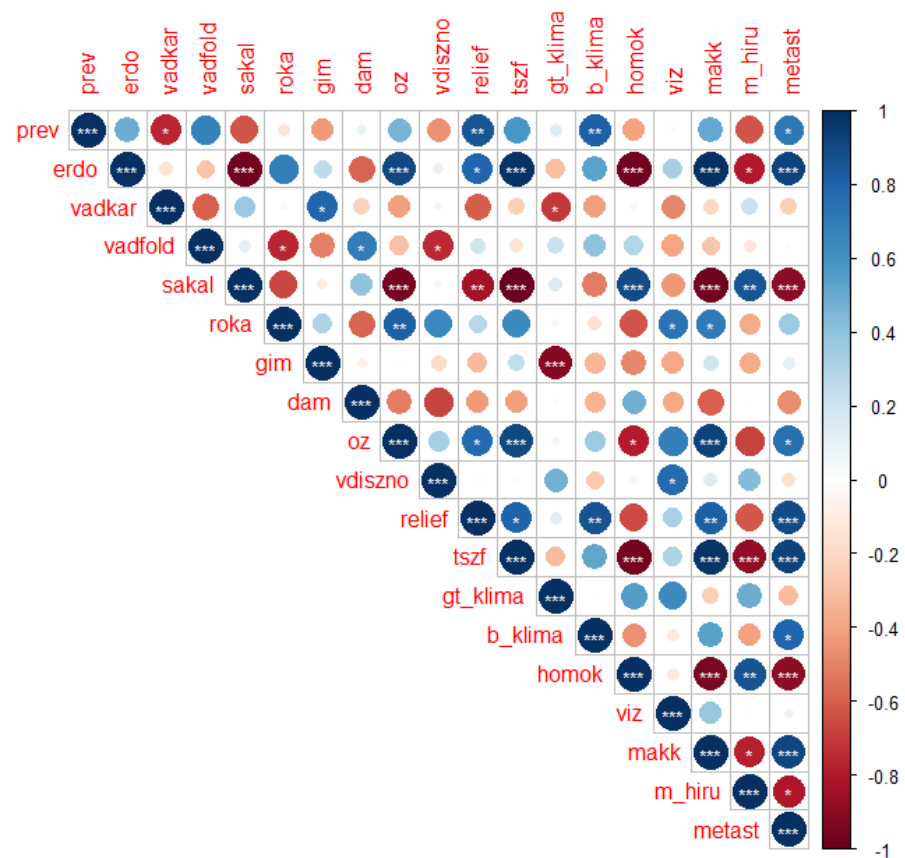
***M. hirudinaceus* prevalencia vizsgálata**

Terület	Vizsgált zsigerek száma	Prevalencia (CI 95%)
Drávasík	20	100% (83,3 – 100,0%)
Kelet-Belső-Somogy	89	41,6% (31,4 – 52,3%)
Nyugat-Belső-Somogy	16	12,5% (2,3 – 37,2%)
Kelet-Zalai dombság	47	4,3% (0,8 – 18,2%)
Zselic	220	0
Külső-Somogy	226	0
Összesen	618	9,9%

***M. hirudinaceus* átlagos intenzitás vizsgálata**

Terület	Vizsgált zsigerek száma	Átlagos intenzitás (CI 95%)
Drávasík	11	28,3 (18,8 – 44,8)
Kelet-Belső-Somogy	2	11,5 (3,0 – 11,5)
Nyugat-Belső-Somogy	2	32,0 (22,0 – 32,0)

összefüggései



14. Köszönetnyilvánítás

Mindenekelőtt köszönettel tartozom néha Tuboly Sándor professzor úrnak, akivel elkezdtek ezt a munkát. Köszönöm továbbá témavezetőm, Baska Ferenc szakmai támogatását.

Köszönöm az adatok összegyűjtésében, feldolgozásában és tudományos közléssé formálásában nyújtott segítséget:

- Nagy Gábornak, aki nélkül lényegesen kevesebb boncolást és mintavételt tudtam volna elvégezni, és aki a legtöbb segítséget adta az adatok feldolgozása során és kötelességtudóan mindig átolvasta a kézirataimat,
- Rónai Zsuzsinak, aki a laboratóriumban vigyázta a minták feldolgozását, és aki mindig segített meglátni a napos oldalt a hosszúra nyúlt munka során,
- a NÉBIH ÁDI kaposvári laboratóriumában Nemes Csabának, aki nagyon sokszor adta kölcsön a kedvenc boncasztalát (és szaktudását),
- Jánosi Szilárdnak és a NÉBIH ÁDI budapesti laboratóriumában dolgozó szakembereknek, akik nem kevés időt és fáradságot áldoztak e munka sikeréért,
- Nemes Imrének és kollégáinak, akik lehetővé tették, hogy a Somogy megyei endémiás területről a Szakmai útmutatóban előírtnál nagyobb számú mintát dolgozhassunk fel,
- a Somogy megyei Állat-egészségügyi és Élelmiszer-ellenőrző Állomás (és kimondhatatlan nevű jogutódjai) szakembereinek, különösen Zányi Zoltán, Nagy József, Bogdán Tibor, Lövey László és Tóth Szabolcs állatorvos kollégáimnak, akik dolgoztak, amíg én vaddisznót boncoltam vagy cikket írtam,
- a SEFAG Zrt. vezetőségének, elsősorban Barkóczy István vezérigazgató úrnak, mert az évek során kitartóan támogatta a terepi munkát, még ha az bonyodalmakat okozott is a vadászatok során,
- a SEFAG Zrt. vadászainak, akik nélkül tényleg nem készülhetett volna el ez a mű: Varga Gyulának, Balog Tamásnak, Fehér Péternek, Ács Kornélnak, Simon Tamásnak, Halász Tibornak, Plucsinszki Zsoltnak, Kapronczai Tamásnak, Jakus Lászlónak, id. Jakus Lászlónak, Szabó Szilárdnak, Nyúl Andrásnak, Ruzsics Balázsnak, Várfalvai Gábornak, Bencze Lászlónak, Pánczél Rolandnak, Csordás Rolandnak, Horváth Rolandnak, Medeg Jenőnek, Tomka Ákosnak, László Attilának, Rakovics Jánosnak, Jakab Antalnak,
- Nagy Eszter erdőmérnök hallgatónak, és Nagy Rebeka Ráhel, gimnáziumi tanulónak, akik ugyan csak nemrég kapcsolódtak be a terepi vadas munkába, de jelenlétük új lendületet hozott a csapatba.

Köszönöm minden családtagomnak a támogatást és azt, hogy elviselték a tudományos munka minden kellemetlenségét.