

Állatorvostudományi Egyetem
Doktori Iskola

A szarvasmarha-gümőkór erdei rezervoárjának vizsgálata

PhD értekezés tézisei

Dr. Csivincsik Ágnes

2018

Témavezető:

Dr. Baska Ferenc

Állatorvostudományi Egyetem

Egzotikusállat- és Vadegészségügyi Tanszék

Bevezetés, célkitűzések

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.

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 szorítkozó tanulmányok nem képesek feltárni. Ezzel az Egy Világ – Egy Egészség (*One World – One Health*, röviden: *One Health*) szemléletmód hasznosságára szerettem volna felhívni a figyelmet.

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.

Jelen dolgozat hat különálló vizsgálaton alapul, amelyeket Somogy megye öt vadászterületén, a Zselicben, Belső-Somogyban, Külső-Somogyban, a Drávasíkon és a Kelet-Zalai dombvidéken végeztem. Az öt vizsgált terület közül a Zselicben már korábbi kutatások is igazolták a kórokozó folyamatos jelenlétét, amely a legeltetett szarvasmarha-állományban is megjelent, míg a többi területen csupán sporadikus esetek voltak megfigyelhetők a vadállományban is. A területek közös jellemzője a nagy sűrűségű, intenzíven kezelt nagyvadállomány.

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.

Az egyes területek vadgazdálkodási, ökológiai és klimatikus jellemzőit az azokat kezelő erdő- és vadgazdálkodótól kapott adatok és a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal honlapján elérhető körzeti erdőtervek alapján gyűjtöttem össze.

Az első vizsgálatban 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 rókat (*Vulpes vulpes*) és az aranysakált (*Canis aureus*) választottuk ki.

A vadászatok során a kiválasztott állatfajok minél nagyobb számú egyedén végeztünk részletes kórbonctani vizsgálatot a gümőkórra gyanút keltő elváltozások populáción belüli előfordulási arányának meghatározása céljából. Ezt követően valamennyi boncolt vadtestből mintát küldtünk bakteriológiai laboratóriumi vizsgálatra a NÉBIH ÁDI Diagnosztikai Bakteriológiai Osztályára. A laboratóriumba az áll alatti, a garat mögötti, a hörgő körüli, a gátorközi, a májkapui, a bélfodri, a csípőbél-vakbéli nyirokcsomókat, illetve – ha volt ilyen – az elváltozást mutató szervet küldtük.

A laboratóriumba szállított mintákon aerob és anaerob, valamint a gümőkór kimutatását célzó bakteriológiai vizsgálatokat végeztünk. Az izolált baktériumtörzseket klasszikus bakteriológiai módszerekkel azonosítottuk, minden izolátumot megfestettünk ZN módszerrel, majd a ZN pozitív mintákból molekuláris diagnosztikai vizsgálattal történt a *Mycobacterium* nemzetségbe tartozó baktériumok meghatározása, és a *Mycobacterium tuberculosis* complexbe (MTC), a *Mycobacterium avium* complexbe (MAC) tartozó és az egyéb *mycobacteriumokat* egymástól való elkülönítése.

A kórbonctani és bakteriológiai eredményeket összesítettük, Sterne-féle egzakt próba segítségével 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.

A második vizsgálat célja a megtekintésen alapuló húsvizsgálat hatékonyságának meghatározása volt. Ennek érdekében összehasonlítottuk a szabályszerű, megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálattal, illetve a részletes diagnosztikai boncolással kimutatható kórbonctani prevalencia értékeiket. A vizsgálatot vaddisznó testeken végeztük. Első lépésben szabályszerű vadhúsvizsgálatot végeztünk, majd elvégeztük a test részletes boncolását, külön figyelmet fordítva a testtájéki nyirokcsomók bemetszéses vizsgálatára. Az elváltozások gümőkóros hátterének igazolására laboratóriumi vizsgálatot is végeztünk az első vizsgálatnál leírtak szerint.

A harmadik vizsgálat célja terepen is használható diagnosztikai módszer fejlesztése volt. Arra a korábbi megfigyelésre alapozva, hogy a gümőkóros fertőzés a vaddisznóban leggyakrabban az áll alatti nyirokcsomóból mutatható ki, meghatároztuk, hogy az áll alatti nyirokcsomó boncolására alapozott surveillance milyen hatékony a gümőkór nyomon követésére a fertőzést fenntartó ökoszisztémában.

A társas vadászatokon elejtett valamennyi vaddisznótesten elvégeztük a teljes test diagnosztikai boncolását, külön feljegyezve az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani leletét. Mind a kórbonctanilag pozitív, mind a negatív vadtestekből bakteriológiai laboratóriumi vizsgálati mintát gyűjtöttünk az első vizsgálatban leírtak szerint.

Minden egyes területen meghatároztuk az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatával kimutatható látszólagos kórbonctani prevalenciát és a laboratóriumi vizsgálattal kimutatható látszólagos fertőzési prevalenciát, Sterne-féle egzakt próbával kiszámítottuk a feltételezhető valódi prevalencia-értékeket. Az áll alatti nyirokcsomó kórboncolásával fellelhető elváltozások évenkénti prevalenciájának és a fertőzési prevalencia összefüggését Spearman-féle nem paraméteres próbával értékeltük.

Az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatára alapozott gümőkór-surveillance érzékenységét és specifikusságát a Win Episcopo 2.0 szoftver segítségével számítottuk ki.

A negyedik vizsgálat 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, 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.

Mind a szabad területen, mind pedig a két kertben évente meghatároztuk vaddisznó áll alatti nyirokcsomójában megfigyelhető, gümőkórra gyanút keltő elváltozások populáción belüli arányát a harmadik vizsgálatnál leírt módon. Az egyes években és egyes élőhelyeken megfigyelhető kórbonctani prevalenciát *Khí*-négyzet próbával hasonlítottuk össze az R statisztikai szoftver 3.2.1. verziójának segítségével.

Az ötödik vizsgálatban a gímszarvasban vizsgáltuk az állománysűrűség és a fertőzési prevalencia összefüggését, a negyedik vizsgálatban már leírt alapelvből kiindulva.

Az endémia magterületén, a Zselicben található gímszarvas-farm állományát vetettük össze a környező területek szabad területi állományával. Mivel szarvasfélék esetében korábban nem sikerült megfigyelnünk egyik szerv halmozódó érintettségét sem, ezért a teljes testek boncolására és laboratóriumi vizsgálatára alapoztuk a fertőzési prevalencia meghatározását. A fertőzésterjedés sűrűség-függésének igazolását követően meghatároztuk, hogy a nagyobb sűrűségű állomány járványtani kockázata mennyivel haladja meg a természetes populációét.

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.

A hatodik vizsgálat során az egyes ökoszisztéma-elemek járványtani kockázatát vizsgáltuk. Abból a feltételezésből indultunk ki, 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.

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.

A járványmenetet befolyásoló ökológiai interferencia előfordulásának igazolására parazitológiai vizsgálatokat is végeztünk. Ennek 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.

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

A vaddisznók parazitológiai eredményének statisztikai elemzéséhez a Quantitative Parasitology 3.0 szoftvert használtuk.

Mind a tüdőférgek, mind a buzogányfejű féreg esetében vizsgáltuk a paraziták ökológiai tolerancia-tartományát, hogy kizárjuk annak lehetőségét, hogy a gümőkóros

fertőzőséggel 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 köztigazdák, a földigiliszták, valamint a sertés buzogányfejű férges és köztigazdái, 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.

Az egyes területekre vonatkozó prevalencia-adatokat és a számszerűsíthető ökoszisztéma-elemeket 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.

Eredmények

A vizsgált fajok közül a vörös róka egyedeiben nem tapasztaltunk szabad szemmel látható elváltozást, annak ellenére, hogy a vizsgált populációhányadban (N=9) viszonylag magas bakteriológiai prevalencia volt kimutatható. A szarvasfélékben (gím, N=25; dám, N=23) minden bakteriológiailag pozitív esetben észleltünk a gümőkórra jellemző elváltozásokat, bár alacsony fertőzöttségi prevalencia (gím: 12%; dám 8,7%) mellett. Az aranyakál fajban – kis mintaszám (N=3) vizsgálatával – nem volt igazolható a gümőkór jelenléte. A vaddisznóban (N=175) mind a kórbonctani (63,4%), mind pedig a bakteriológiai (21,7%) vizsgálat alapján jelentős mértékű fertőzés valószínűsíthető. A gümőkórra gyanút keltő elváltozások, e faj esetében, leggyakrabban az áll alatti nyirokcsomóban voltak megfigyelhetők, illetve nem talákoztunk olyan egyeddel, amelyikben az áll alatti nyirokcsomó elváltozása nélkül, másik nyirokcsomóban vagy szervben fordult elő az elváltozás. A többi állatfajban ilyen szabályosságot nem tudtunk felfedezni.

A megtekintésen alapuló vadhúsvizsgálattal 394 vaddisznótest közül kettőben tapasztaltunk elváltozást, míg további 129 esetben csupán a nyirokcsomók felmetszése után váltak láthatóvá az elváltozások. A két szembetűnő elváltozás közül az egyik generalizált kórforma, a másik pedig a tüdő felszínén jól látható tályog volt.

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.

A vaddisznó áll alatti nyirokcsomója boncolására alapozott surveillance diagnosztikai értékének meghatározásához összesen 833, társas vadászatokon elejtett vaddisznó-test vizsgálatát végeztük el. A vizsgált területek közül kiemelkedik a Zselic, ahol az áll alatti nyirokcsomóban tapasztalható kórbonctani elváltozások prevalenciája 39,3%. Belső-Somogy Zseliccel határos részén 29,8%, míg a többi területen 25% alatti. Az áll alatti nyirokcsomó-elváltozások prevalenciájának és a laboratóriumi vizsgálattal igazolható fertőzési prevalenciának az évenkénti összevetése azt igazolta, hogy a két érték egymással szoros korrelációt mutat ($r=0,91$, $P=0,03$). 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.

A vaddisznó járványtani szerepének tisztázására irányuló vizsgálat során a szabad területen minden vadászati évben sikerült mintát gyűjtenünk, míg a vadaskertekben csupán hét vadászatot tartottak: ötöt az A, kettőt a B kertben. 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 testtáját is érintő kórformát. Ezek közül négy kertből, kettő pedig a szabad területi állományból került terítékre.

Bár a látszólagos prevalencia átlagos értéke mindkét élőhely-típus esetében hullámzósnak 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 ($P=0,13$).

A gímszarvas járványtani szerepének tisztázására irányuló vizsgálat során 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. 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 kórokozója a kerti állományban nagyobb arányban fordult elő.

A kerti tartás járványtani kockázatát jellemző populációs járulékos kockázati hányad a szarvasmarha-gümőkór tekintetében 73,7%-nak (CI 95% 4,7–92,7) bizonyult.

Az egyes ökoszisztéma-elemek járványtani kockázatának meghatározására irányuló vizsgálat során összesen 1987 vaddisznó-testen végeztük el az áll alatti nyirokcsomó kórbonctani vizsgálatát, majd a területenként mérhető kórbonctani prevalencia értékeit összevetettük a területeket jellemző, és a szakirodalmi adatok alapján járványtani jelentőséggel bíró ökoszisztéma-elemekkel. Az adatok 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.

Megbeszélés

A 2008–2017. között elvégzett vizsgálat sorozatunkban 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, elsősorban a nagy populációsűrűségben jelen levő patás nagyvad-fajok, így a vaddisznó és a gímszarvas vizsgálatát végeztük 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.

Az előzetes elemzéssel kiválasztott hat állatfaj, a vaddisznó, a gímszarvas, a dámszarvas, az őz, a vörös róka és az aranysakál elejtett egyedeit vizsgálva 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 gümőkórra 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 gümőkórra gyanút keltő elváltozások háttérében, sok esetben, egyéb *Mycobacterium*-fajokat, vagy az *Actinomycetales* rendbe tartozó egyéb baktériumokat, pl. *Rhodococcus equi*, *Trueperella pyogenes* mutattak ki.

A vaddisznók vizsgálata során az áll alatti nyirokcsomóban figyeltünk meg leggyakrabban gümőkórra 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.

Megvizsgáltuk 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 – megtekintésen alapuló húsvizsgálatot. Az elvégzett vizsgálat igazolta, hogy a húsvizsgálat jelenlegi módszere, 1,5%-os észlelési arányával nem alkalmas a gümőkóros elváltozások eredményes megtalálására, így hatékony surveillance-rendszer sem alapozható rá.

A jelenlegi európai irányzat a húsvizsgálat, ezáltal a vadhúsvizsgálat módszertanában a tapintásos és rámeteszéses vizsgálatok mellőzése. A korábbi élelmiszerlánc-biztonsági kockázatelemzések azt a feltételezést erősítették meg, hogy a tapintással és rámeteszéssel nyert adatok kockázatcsökkentő szerepe elhanyagolható az emiatt az állati testet érő kenődéses fertőzés kockázatnövekedése mellett.

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.

Az európai gümőkór endémiás területeken szerzett tapasztalatok 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. A vizsgálatba vont 833 vaddisznótest kórbonctani vizsgálata eredményeként megállapítottuk, 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 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.

Erre 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, 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 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 vaddisznókertek állományát a környező populációból fogják be évről évre, ezért úgy tekinthetjük, hogy a vaddisznókerti 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. Tapasztalataink tehát nem igazolták, 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.

Bár a dél-dunántúli vaddisznó-állomány sűrűsége az egyéb európai állományokéval összevetve kiemelkedő, a vizsgált populációban a fertőzési prevalencia és a generalizált esetek előfordulási aránya jelentős mértékben elmarad azokétól. Ennek háttérében 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.

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.

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. A humán populációban és különböző állatfajokon 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 háziasított 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.

A kerti tartás mégis talán legszembeütőbb különbsége a szabad területi populációkkal összehasonlítva, a populáció-sűrűség. 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. 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.

Összevetve a zselici – kerti és szabad területi – szarvasállományban szerzett tapasztalatokat az ugyanazon a területen nyert vaddisznó-adatokkal, 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.

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.

Ehhez megfelelő módszertant nyújt 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.

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 Dravasík 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 párás, 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 aransakál terítéknagysága az, amelynek vizsgálata során a leginkább valószínűsíthető volt a korreláció valóságosága.

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 háttérében feltételezhetően az áll, hogy ezek a környezeti feltételek kedveznek a földigilisztá-fajoknak, a tüdőféreg köztigazdáinak is. Adataink alapján valószínűsítjük, hogy a tüdőféregesség, 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 féрге, 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 aransakál legfontosabb magyarországi élőhelyeire jellemzőek.

Vizsgálataink nem tudták tisztázni az aransakál pontos járványtani szerepét a gümőkór terjedésében, de az aransakálhoz nagyon hasonló, közepes méretű ragadozófaj (mezopredátor), a prérifarkas esetében már bizonyított, hogy az képes a kórokozót felvenni,

de nem vesz részt a fertőzés terjesztésében. A hazai ökoszisztémában az aranysakál, közepes testmérete ellenére, a csúcsragadozó szerepét tölti be, ezáltal az ember és a házi kutya kóbor egyedek mellett az egyik legfontosabb állomány szabályozó tényezője lehet a patás nagyvad-fajoknak, illetve főbb élőhelyein a legfontosabb dőgevő faj.

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.

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 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 állatfaj vagy az embert is érintő fertőző betegségek kutatása során.

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 gümőkórra gyanút keltő elváltozások megtalálására, mert az elváltozások 1,5%-a volt kimutatható tapintás és bemetszés alkalmazása nélkül.
3. Igazoltuk, hogy a vaddisznóban a gümőkórra 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 gyakoriságtüggő.
5. Megállapítottuk, hogy a gímszarvasokban a *Mycobacterium caprae* baktériumfaj 99,3%-ban szabad szemmel is látható, gümőkórra 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 mikroklíma gyorsítja, míg a ragadozók jelenléte lassítja a gümőkór terjedését az erdei környezetben.

A témában megjelent tudományos 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*

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*

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 beszámoló. 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.

A témában tartott 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 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 beszámoló. 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.

Köszönetnyilvánítás

Mindenekelőtt köszönettel tartozom néhai Tuboly Sándor professzor úrnak, akivel elkezdtük 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 Barkóczi 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, gimnáziumi tanulónak, akik ugyan csak nemrég kapcsolódtak be a terepi vadas munkába, de jelenlétük új lendületet hozott a csapatba.

Köszönöm családtagjaimnak a támogatásukat és azt, hogy elviselték a tudományos munka minden kellemetlenségét.