

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA
Szie ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK
(2015. JANUÁR 26-29.)

PARAZITOLÓGIA
ÁLLATTAN
HALKÓRTAN

2014. évi 41. füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kolleganók és Kollegák!

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és a SzIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskolája 2015. január 26-29. között tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló **Akadémiai Beszámolók** ülésorozatot, amelyre idén 41. alkalommal kerül sor a SzIE Állatorvos-tudományi Karán.

Az előző évek gyakorlatának megfelelően a beszámolókon PhD-hallgatók és a kiemelkedő munkát végző TDK-hallgatók szereplését külön is szorgalmazzuk, és reméljük, hogy a rendezvény jó alkalmat nyújt a különböző tudományos-szakmai műhelyeket és korosztályokat képviselő, egymás munkája iránt érdeklődő szakemberek találkozásának.

Az előadások összefoglalóit – szekciófüzetekbe csoportosítva – elektronikus úton adjuk közre. A beszámoló füzetek anyaga az MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézet honlapján (www.vmri.hu / MTA – Állatorvos-tudományi Bizottság) megtalálható.

Az előadások és azt követő megvitatás időtartama legfeljebb: 10 + 5 perc. Kérjük, hogy a megadott időtartamot senki ne lépje túl. Az előző évek gyakorlatának megfelelően, nem az előadások számára, hanem azok szakmai-tudományos értékére helyezzük a súlyt. Aki azonos témán belül jelentett be 2 vagy több előadást, kérjük, próbálja meg ezeket összevonni.

A résztvevőket, különösen a bizottsági tagokat és az üléelnököket arra kérjük, hogy kérdéseikkel, megjegyzéseikkel, javaslataikkal, segítsék az előadottak részletesebb megismerését, értékelését és a beszámoló szakmai műhelyek további munkáját. A tudományos előrehaladást a fiatalok tudományos fórumokhoz való szoktatását a vita éppúgy szolgálja, mint maga az előadás.

Az egyes szekciók titkárait arra is kérjük, hogy a szekcióülésről február végéig készítsenek és juttassanak el az Állatorvos-tudományi Bizottsághoz (akademia@vmri.hu) egy-egy rövid, közérthető formában megírt, a szekció elnökkel (elnökökkel) egyeztetett tájékoztatót (a Magyar Állatorvosok Lapjában való közlés céljából), amely tartalmazza nem csak az előadások, hanem a vita legfontosabb megállapításait is.

Kérjük az intézetek vezetőit, hogy az elektronikus úton megküldött anyagot továbbítsák munkatársaik és érdeklődő nyugdíjasaik számára is. Kérjük, továbbá, hogy tegyék lehetővé munkatársaik részvételét az üléseken.

Előre is köszönjük a szekció elnökök, a titkárok, a bizottsági tagok és valamennyi előadó munkáját.

Kívánunk mindenkinek eredményes és hasznos tanácskozást.

Gálfy Péter
MTA ÁTB elnöke

Sótonyi Péter
Dékán, TDK elnök

Rusvai Miklós
ÁODI elnöke

Magyar Tibor
MTA ÁTB titkára

MTA Állatorvos-tudományi Bizottság és SZIE-ÁOTK DI akadémiai beszámolóinak PROGRAMJA és szekcióbizottságai
(2015. január 26-29.)

A szekció megnevezése	A szekcióülés ideje	A szekcióülés helye	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
Élettan és biokémia Kórtan Gyógyszertan és toxikológia Morfológia	I. 26 hétfő 8.30-	Élettan tanterem	Bartha Tibor Frenyó V. László Csikó György Sótonyi Péter	Jakab Csaba Jerzsele Ákos Neogrády Zsuzsanna	Halasy Katalin Kutas Ferenc Rácz Bence Sályi Gábor Zsarnovszky Attila
Élelmiszerhigiénia Állategészségügyi Igazgatás	I. 26 hétfő, 11.00 -	Továbbképzés tanterem	Lacza Péter Ózsvári László	Erdősi Orsolya	Dán Ádám Józwiak Ákos Kovács Sándor Lehel József Szita Géza
Állathigiénia Állattenyésztés Genetika Takarmányozástan	I. 26. hétfő 8.30-	Belgyógyászat tanterem	Kovács Melinda Könyves László Szabó József	Bersényi András	Brydl Endre Cseh Sándor Fekete Sándor Gáspárdy András Jakab László Rafai Pál, Zöldág László
Viroológia Immunológia Bakteriológia	I. 27. kedd, 8.30- 13.00-	Élettan tanterem	Bakonyi Tamás Harrach Balázs Tuboly Tamás Nagy Béla Varga János Magyar Tibor	Pálfi Vilmos Jánosi Szilárd	Benkő Mária Dán Ádám, Hornyák Ákos, Pénzes Zoltán Rusvai Miklós, Soós Tibor Fodor László Hajtós István Bernáth Sándor Makrai László Tenk Miklós
Parazitológia Állattan Halkórtan	I. 28. szerda 8.30-	Élettan tanterem	Baska Ferenc Farkas Róbert Hornung Erzsébet	Eszterbauer Edit Sréter Tamás	Békési László, Csaba György Hornok Sándor, Kassai Tibor Molnár Kálmán Majoros Gábor Varga István
Klinikumok	I. 29. csütörtök 8.30-	Belgyógyászat tanterem	Bodó Gábor Cseh Sándor Németh Tibor Vörös Károly	Bajcsy Árpád Csaba Pápa Kinga Tóth Balázs	Biksi Imre Csébi Péter Vajdovich Péter

TARTALOMJEGYZÉK

1. *AZ ECHINOCOCCUS GRANULOSUS* SENSU LATO GENOTÍPUSOK HAZAI ELTERJEDTSÉGE – ELŐZETES ADATOK
Casulli Adriano, Interisano Maria, Széll Zoltán, Sréter Tamás, Pozio Edoardo
2. *AZ ECHINOCOCCUS MULTILOCULARIS* HAZAI ELTERJEDTSÉGE
Széll Zoltán, Casulli Adriano, Tolnai Zoltán, Pozio Edoardo, Sréter Tamás
3. *A TRICHINELLA* FAJOK HAZAI ELTERJEDTSÉGE
Széll Zoltán, Marucci Gianluca, Tolnai Zoltán, Pozio Edoardo, Sréter Tamás
4. *TRICHINELLA* LÁRVÁK MESTERSÉGES EMÉSZTÉSSEL VALÓ KIMUTATÁSÁRA IRÁNYULÓ 2014. ÉVI JÁRTASSÁGI KÖRVIZSGÁLATOK TAPASZTALATAI
Sréter Tamás, Széll Zoltán, Pozio Edoardo
5. VAN MÉG ÚJ A FÖLD ALATT: EGY TUDOMÁNYRA ÚJ KULLANCSFAJ, AZ *IXODES ARIADNAE* SP. NOV. FELFEDEZÉSE HAZÁNKBAN
Hornok Sándor, Kontschán Jenő, Isabel G. Fernández de Mera, Kováts Dávid, Kovács Richárd, Angyal Dorottya, Görföl Tamás, Kalmár Zsuzsa, Andrei Mihalca, Agustín Estrada-Pena, José de la Fuente
6. A MADARAK KULLANCSFERTŐZÖTTTSÉGE EGY HOSSZÚ TÁVÚ HAZAI FELMÉRÉS TÜKRÉBEN
Flaisz Barbara, Kováts Dávid, Jaksa Bianka Regina, Csörgő Tibor, Csipak Ármin, Hornok Sándor
7. *BORRELIA MIYAMOTOI* ÉS A LYME SPIROCHÉTÁK ÖKOLÓGIAI ÉS JÁRVÁNYTANI VIZSGÁLATA HAZÁNK EGYIK KEDVELT VADÁSZTERÜLETÉN
Szekeres Sándor, Rigó Krisztina, Majoros Gábor, Elena Claudia Coipan, Setareh Jahfari, Hein Sprong, Földvári Gábor
8. REZERVOÁRJA-E A KELETI SÜN A *BORRELIA BURGENDORFERI* SENSU LATO BAKTÉRIUMOKNAK?
Gajdos Mónika, Szekeres Sándor, Földvári Gábor
9. A FELSZÍNDÚSÍTÁS SORÁN IDENTIFIKÁLT PETÉK DNS KIVONÁSHOZ TÖRTÉNŐ KONCENTRÁLÁSA
Juhász Alexandra, Majoros Gábor
10. A BENZIMIDAZOL REZISZTENCIÁT OKOZÓ NUKLEOTID-POLIMORFIZMUS ELŐFORDULÁSA DÉL-DUNÁNTÚLI KÉRŐDZŐ ÁLLOMÁNYOKBAN
Nagy Gábor, Zsolnai Attila, Cshivincsik Ágnes és Sugár László
11. *MYXOBOLUS PSEUDODISPAR* NYÁLKASPÓRÁS HALPARAZITA GAZDAFAJLAGOSSÁGÁNAK KÍSÉRLETES VIZSGÁLATA
Forró Barbara, Eszterbauer Edit

12. NÉGY HALFAJ FOGÉKONYSÁGÁNAK KÍSÉRLETES VIZSGÁLATA A DARAKÓRT OKOZÓ *ICHTHYOPHTHIRIUS MULTIFILIIS* PARAZITÁRA
Guti Csaba Ferenc, Eszterbauer Edit
13. *PETASIGER* ÉS *PARYPHOSTOMUM* METACERCARIAK ELŐFORDULÁSA PONTYFÉLÉK OLDALVONALSZERVÉBEN
Cech Gábor, Molnár Kálmán, Székely Csaba
14. A KOPOLTYÚLEMEZEK TORZFEJLŐDÉSE *ECHINOCHASMUS* METACERKÁRIÁK MEGTELEPEDÉSE NYOMÁN VÁGÓDURBICSBAN
Molnár Kálmán, Majoros Gábor. Cech Gábor, Székely Csaba
15. AZ ARANYSAKÁL SZEREPE, TERMÉSZETVÉDELMI ÉS VADGAZDÁLKODÁSI JELENTŐSÉGE
Ács Kornél, Kemenszky Péter, Sugár László
16. A RÉTISAS (*HALIAEETUS ALBICILLA*) EURÓPAI ÁLLOMÁNYAINAK GENETIKAI STRUKTÚRÁJA, KÜLÖNÖS TEKINTETTEL A KÁRPÁT-MEDENCÉRE
Nemesházi Edina, Szabó Krisztián, Kövér Szilvia
17. DÉLKELET-ÁZSIAI DENEVÉREK SZISZTEMATIKAI REVÍZIÓJA ÉS KÉT ÚJ FAJ LEÍRÁSA
Görföl Tamás és Csorba Gábor
18. KIS APOLLÓ-LEPKÉK ÉLŐHELYHASZNÁLATA
Szigeti Viktor, Körösi Ádám, Harnos Andrea és Kis János
19. NÁDIPOSZÁTA FAJOK ŐSZI VONULÁSÁNAK KOR- ÉS IVARFÜGGŐ MINTÁZATAI
Ágh Nóra, Kovács Szilvia, Harnos Andrea, Csörgő Tibor

AZ *ECHINOCOCCUS GRANULOSUS* SENSU LATO GENOTÍPUSOK HAZAI ELTERJEDTSÉGE – ELŐZETES ADATOK

Casulli Adriano², Interisano Maria², Széll Zoltán¹, Sréter Tamás¹, Pozio Edoardo²

Az *E. granulosus* okozta cisztikus echinococcosis az egyik legfontosabb parazitozoonózis Európában. A cisztikus echinococcosisban szenvedő betegek gyógykezelési költségei elérhetik a több tízezer eurót, a DALYs magas. Az állománymentesítés költségei, valamint az *E. granulosus* okozta teljesítménycsökkenés, ill. a máj- és tüdőkbzasi vágóhídi veszteségek ugyancsak jelentősek. Annak ellenére, hogy a 2003/99/EK európai parlamenti és tanácsi irányelv az echinococcosis kötelező monitoringját előírja, adataink hazai elterjedtségével kapcsolatban alig vannak, mert reprezentatív monitoring hazánkban az utóbbi évtizedben nem folyt. Az *E. granulosus* sensu lato egyes genotípusainak előfordulásáról semmilyen információ nem állt rendelkezésre korábban.

A Nemzeti Parazitológiai Referencia Laboratórium (NPRL) ezért célul tűzte ki az *E. granulosus* monitoring megindítását. A vágóhídi rutin húsvizsgálatok során fertőzöttnek talált szerveket az NPRL-be továbbították, ahol morfológiai vizsgálatokkal támasztották alá a húsvizsgálati lelet helyességét, meghatározták a ciszták lokalizációját, számát, méretét és fertilitását. A genotípus meghatározás mitokondriális DNS szekvencia elemzéssel történt.

Szarvasmarhában 14 esetben állapítottunk meg cisztikus echinococcosist. A ciszták száma 1-31 között változott, zömmel a tüdőben helyezkedtek el és bennük degeneratív elváltozások voltak megfigyelhetők. A ciszták az állatok többségében ($n = 12$) nem voltak fertőzőképesek. Az összes izolátumot *E. granulosus* sensu strictoként azonosítottuk, ebből tizenkettő a G1 azaz „juh”, kettő pedig a G3 azaz „bivaly” genotípusba tartozott. Kettő, juhból gyűjtött izolátumból egyet *E. granulosus* sensu strictoként (G1 genotípus), egyet pedig *Echinococcus canadensis*ként (G6 genotípus) azonosítottunk. A ciszták száma 8, ill. 200 volt, a tüdőben, ill. a tüdőben és a májban helyezkedtek el, degeneratív elváltozásokat nem mutattak és fertőzőképesek voltak. Tizennégy sertésből származó minta érkezett az NPRL-be cisztikus echinococcosis gyanújával, de a diagnózist csak négy esetben tudtuk alátámasztani, további tíz esetben cysticercosis tenuicollist állapítottunk meg. Három izolátumot *E. canadensis*ként (G7 genotípus), egyet pedig *E. granulosus* sensu strictoként (G1 + G3 genotípus) azonosítottunk. A ciszták száma 2-300 közötti volt, a májban helyezkedtek el, részben degeneratív elváltozásokat mutattak. Az *E. canadensis* ciszták fertőzőképesek voltak. Az *E. granulosus* sensu stricto és az *E. canadensis* izolátumok döntő többsége hazánk Dunától keletre eső régiójából származott.

A vizsgált izolátumok kis száma, az *E. granulosus* közegészségügyi és gazdasági jelentősége, valamint az EU jogszabályi kötelezettség miatt további vizsgálatok szükségesek a parazitózis hazai járványtanának alaposabb megismeréséhez. E monitoring megindítását az NPRL a NÉBIH kiemelt projektjeinek keretein belül a parazitológiai program részeként kezdeményezte. A jelentősebb számú izolátum vizsgálatából származó eredmények további elemzése – kiegészítve más, modern eszközökkel (pl. térinformatika) – jelentős segítséget nyújthat a parazita ellen hatékonyabb védekezési stratégia kidolgozásában, a még fertőzött állattartó telepek mentesítésében és ezen keresztül az emberi megbetegedések számának további csökkentésében.

AZ *ECHINOCOCCUS MULTILOCULARIS* HAZAI ELTERJEDTSÉGE

Széll Zoltán¹, Casulli Adriano², Tolnai Zoltán¹, Pozio Edoardo², Sréter Tamás¹

Az *Echinococcus multilocularis* okozta alveoláris echinococcosis Európa legveszélyesebb parazitozoonózisa. Kezelés hiányában a betegek 98%-a meghal, szakszerű kezelés esetén a túlélési arány 80% körüli. A betegek várható élettartama kb. 20 évvel csökken. Egy beteg gyógykezelési költsége elérheti a 100000 eurót, a DALYs kiugróan magas. A kórokozó előfordulását 2002-ben állapítottuk meg először hazánkban. Ezt követően a rókapopuláción belüli gyors terjedéséről számoltunk be. A közelmúltban az első emberi megbetegedést is leírták hazánkban. Tekintettel arra, hogy a 2003/99/EK irányelv az echinococcosis kötelező monitoringját előírja, a Nemzeti Parazitológiai Referencia Laboratórium kijelölését követően célul tűzte ki az EFSA ajánlásoknak megfelelő monitoring program elindítását.

A béltartalom dekantálásával 2008-2009, ill. 2012-2013 között a hazai becsült rókapopuláció (*Vulpes vulpes*) 1-1%-ának *E. multilocularis* fertőzöttségét vizsgáltuk. A parazita izolátumok genetikai diverzitását mikroszatellit analízissel határoztuk meg. Az *E. multilocularis* területi eloszlását térinformatikai módszerekkel elemeztük.

Az *E. multilocularis* előfordulását 16 megyében és Budapesten állapítottuk meg. A fertőzöttség átlagos prevalenciája a két vizsgálati periódusban 10,7% (9,7-11,7%), ill. 7,9 (6,9-8,9%), a fertőzöttség átlagos intenzitása 746 (\pm 556), ill. 243 (\pm 110) fereg/róka volt. Az *E. multilocularis* területi eloszlását szélsőségesen egyenlőtlennek találtuk, a fertőzött egyedek többsége az Északi-középhegységből és az Észak-Dunántúlról származott. Az Északi-középhegység egyes területein a prevalencia 40-50%-os és a fertőzöttség intenzitása is kiugróan magas volt. A mikrosatellit elemzés az öt európai profil közül négy hazai jelenlétét mutatta ki. Hazánkban a H profil volt a domináns (55%), a G, E és D profil előfordulási gyakorisága jóval alacsonyabb volt. A genetikai és a földrajzi távolság között nem volt összefüggés. Az eredmények arra utalnak, hogy hazánk az európai endémiás góc perifériás területe, ahova a parazita a közelmúltban terjedt és számottevő genetikai sodródás még nem alakult ki. A rókák *E. multilocularis* fertőzöttsége és a környezeti tényezők vizsgálata során a többváltozós regresszióanalízis az évi középhőmérséklettel és az évi csapadékmennyiséggel mutatott ki kapcsolatot (kockázati arány: 0,6 és 1,003). Ez az *E. multilocularis* peték magas hőmérsékletre és kiszáradásra való érzékenységevel magyarázható. Annak ellenére, hogy 2009-ig a parazita terjedése volt hazánkban megfigyelhető, a két vizsgálati periódus között a prevalencia és az intenzitás nem változott szignifikáns mértékben. Ennek magyarázata, hogy a 2012-2013 az utóbbi száz év egyik legszárazabb időszaka volt, ami az *E. multilocularis* peték kiszáradásra való érzékenysége miatt nem kedvezett a parazita terjedésének.

Az emberi megbetegedések a tíz éves lappangási időszak miatt általában mintegy évtizedes késéssel követik a rókaállományban való megjelenést. A kiemelkedő közegészségügyi jelentőség és az EU jogszabályi kötelezettségek miatt a kórokozó hazai járványtanának nyomon követése kulcsfontosságú. Az erősen endémiás területeken nagy szükség lenne a lakosság felvilágosítására és a védekezés lehetőségeinek ismertetésére. A közelmúltban kidolgoztunk egy diagnosztikai módszert, amely alkalmas a kutyák fertőzöttségének életben történő kimutatására. Mivel az ember fertőződése szempontjából a kutyák jelentik a fő veszélyt, az erősen fertőzött régiókban fontos lenne e fajra is kiterjeszteni a vizsgálatokat.

A *TRICHINELLA* FAJOK HAZAI ELTERJEDTSÉGE

Széll Zoltán¹, Marucci Gianluca², Tolnai Zoltán¹, Pozio Edoardo², Sréter Tamás¹

A házi- és vadonélő állatokban is megtelepedő *Trichinella* fajok a legtöbb európai országban előforduló, emberben súlyos, olykor halálos megbetegedést okozó zoonotikus paraziták. A sertésállományok trichinellosistól való mentésének költségei nagyon magasak. Emiatt a trichinellosis monitoringja a 2003/99/EK európai parlamenti és tanácsi irányelv szerint az összes Európai Unió tagállamban kötelező. Mivel a *Trichinella* fajok hazai elterjedtségével kapcsolatban az alapvető információk is hiányoztak, a Nemzeti Parazitológiai Referencia Laboratórium (NPRL) kijelölését követően célul tűzte ki az EFSA ajánlásoknak megfelelő monitoring, indikátorfajokra (vaddisznó és róka) is kiterjedő elindítását. Ez feltétele a Bizottság 2075/2005/EK Rendeletében leírt telepmentességek kiadásának is.

Az elmúlt nyolc évben 4086 róka *Trichinella* fertőzöttségét vizsgáltuk. Ez a becsült rókapopuláció mintegy 5%-a. Ebben az időszakban a hazai vágóhídi vizsgálóhelyek több mint 25 millió sertés és 320000 vaddisznó *Trichinella* vizsgálatát végezték el. A vágóhídi *Trichinella* pozitív mintákat az NPRL-be továbbították, ahol meghatároztuk a fertőzöttség intenzitását. A *Trichinella* izolátumok faji azonosítása multiplex PCR-rel történt. A *Trichinella* fajok területi eloszlását térinformatikai módszerekkel elemeztük.

Trichinella fertőzést a közfogyasztásra levágott sertések vizsgálata során nem találtunk. Ugyanakkor egy családi járványkitörés kapcsán négy háztáji sertés *Trichinella spiralis* fertőzöttségét állapítottuk meg. A közegészségügy egy további, vélhetően szintén sertés eredetű járványkitörésről ugyancsak beszámolt. A vaddisznókban a trichinellák előfordulási gyakorisága 0,016%, a rókákban 2,1% volt. Mindkét gazdafajban a *Trichinella britovi* fertőzöttség dominált, a *T. spiralis* ritkábban fordult elő, *Trichinella pseudospiralis* fertőzöttséget egy-egy egyedben mutattunk ki. A paraziták térbeli eloszlása szélsőségesen egyenlőtlen volt, a *T. britovi* izolátumok többsége középhegységeinkből, a *T. spiralis* izolátumok pedig túlnyomórészt a déli és keleti határvidékről származott. A *T. britovi* fertőzöttség esetében a többváltozós regresszióanalízis a nem mezőgazdasági területekkel és az évi középhőmérséklettel mutatott ki kapcsolatot (kockázati arány: 9,5 and 0,6). E kapcsolat egyrészt a rezervoár gazda rókák nem mezőgazdasági területeken való generalista táplálkozási viselkedésével, azaz nagyobb dögevési hajlandóságával magyarázható. Másrészt alacsonyabb hőmérsékleten a dögevési hajlandóság nő, a dögök lebomlása lassul és a trichinellák is hosszabb ideig túlélnek a hullákban. A térinformatikai elemzés a rókák, ill. a vaddisznók *T. spiralis* fertőzöttsége és a környezeti tényezők között nem mutatott ki összefüggést. Ugyanakkor az országhatár közelsége és a rókák, ill. vaddisznók fertőzöttsége között szoros összefüggés volt (kockázati arány: 24,1). Mindezek alapján úgy tűnik, hogy a *T. spiralis* hazai előfordulása a környező endémiás országokból a határon át vadon élő állatokkal való átvitelétől függ. Az elmúlt két évben azonban sajnálatos módon a *T. spiralis* előfordulását megállapítottuk vaddisznókban az ország más területein is, ami elgondolkodtató adat.

A *T. spiralis* előfordulása vadon élő állatokban jelentős járványtani kockázattal jár, mivel nem megfelelően működő védekezési módszerek esetén a parazita ismételten bekerülhet a hazai sertésállományokba. Emiatt a trichinellák hazai járványtanának nyomon követése az indikátor fajok vizsgálatával és a megfelelő intézkedések időbeni megtétele kulcsfontosságú.

TRICHINELLA LÁRVÁK MESTERSÉGES EMÉSZTÉSSEL VALÓ KIMUTATÁSÁRA IRÁNYULÓ 2014. ÉVI JÁRTASSÁGI KÖRVIZSGÁLATOK TAPASZTALATAI

Sréter Tamás¹, Széll Zoltán¹, Pozio Edoardo²

A *Trichinella* fajok világszerte előforduló, zoonotikus paraziták. Az ember fertőződésének forrása rendszerint nyers, vagy nem kellően hőkezelt sertés-, ló-, vaddisznó-, vagy egyéb vadhús. A Bizottság 2075/2005/EK Rendelete alapján az összes, közfogyasztásra kerülő, potenciálisan izomtrichinellákat hordozó állati testet meg kell vizsgálni a jogszabályban engedélyezett módszerek egyikével. A parazitózis elleni védekezés keretében az EU tagállamai évente mintegy 570 millió eurót költenek csak a *Trichinella* vizsgálatokra.

A Nemzeti Parazitológiai Referencia Laboratórium (NPRL) az Európai Parlament és Tanács 882/2004/EK rendeletének megfelelően 2011 óta minden évben jártassági körvizsgálatot szervezett a *Trichinella* vizsgálóhelyek számára. Az összes hazai *Trichinella* vizsgálóhely számára az NPRL 2014-ben szervezett először körvizsgálatot. A jártassági körvizsgálat célja a résztvevő vizsgálóhelyek kompetenciájának értékelése.

A vizsgálati anyag öt, egyenként 100 gramm tömegű, darált sertéshúsból készített – a 100 sertés összesített mintáját jelképező – húspogácsa volt. Négy húspogácsa élő *Trichinella spiralis* lárvákat tartalmazott, míg egy, lárvát nem tartalmazó húspogácsa volt a negatív kontroll. A fertőző adag megfelelt a Nemzetközi Trichinellosis Bizottság ajánlásának. A laboratóriumok kvalitatív értékelését a tévesen pozitív és tévesen negatív minták száma alapján végeztük, mert a Bizottság 2075/2005/EK Rendelete szerint a vizsgálatnak csak a parazita jelenlétét vagy hiányát kell meghatározni. A kvantitatív értékelés az Európai Unió Parazitológiai Referencia Laboratóriumának ajánlásának megfelelően a lárva visszanyerési arány, illetve a Z-érték alapján történt.

A körvizsgálatban a részt vevő 114 vizsgálóhely többsége nem ért el megfelelő eredményt annak ellenére, hogy egy részük ($n = 47$) már korábban is részt vett az NPRL által szervezett körvizsgálatokban, ill. továbbképzéseken és a laboratóriumok végső értékelése az enyhébb kvalitatív elbírálás alapján történt. Az NPRL a körvizsgálati kiírások során nem megfelelő eredményt elért vizsgálóhelyek ($n = 58$) számára validálási mintákat, valamint a módszer kritikus pontjait ismertető anyagot biztosított. Ezt követően ismételt jártassági körvizsgálatot szervezett. Az ismételt jártassági körvizsgálaton nem megfelelő eredményt elért vizsgálóhelyek ($n = 30$) számára az NPRL laboratóriumi gyakorlati továbbképzést rendezett, újabb validálási mintákat biztosított, majd számukra ismételt jártassági körvizsgálatot szervezett. A második ismételt körvizsgálatban a vizsgálóhelyek közül már csak kisszámú ($n = 12$) vizsgálóhely teljesítménye volt nem megfelelő. E vizsgálóhelyek többségénél az eszközök nem megfelelősége állhat a háttérben.

A körvizsgálatok egyértelműen rámutattak, hogy a vizsgálóhelyek többsége a módszer kritikus pontjainak ismerete és a megfelelő képzés nélkül nem képes a trichinellák Európai Unió követelményeknek megfelelő kimutatására. Ez megegyezik a nemzetközi tapasztalatokkal. Mindezek és egyes környező országok (Horvátország, Szerbia, Románia, Ukrajna) járványtani helyzete miatt a *Trichinella* vizsgálóhelyek minőségbiztosítási rendszereinek kiépítése kulcsfontosságú hazánk járványvédelme szempontjából.

SzIE ÁOTK, Parazitológiai és Állattani Tanszék¹

Parazitológia

MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet²

IREC (Vadbiológiai Intézet), Ciudad Real, Spanyolország³

DE TTK Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék⁴

Ariadne Karszt- és Barlangkutató Egyesület⁵

Magyar Természettudományi Múzeum, Állattár⁶

MTA ATK, Állatorvos-tudományi Intézet⁷

Parazitológiai Tanszék, Állatorvosi Kar, Kolozsvári Agrártudományi Egyetem⁸

Állatpatológiai Tanszék, Zaragozai Egyetem, Zaragoza, Spanyolország⁹

VAN MÉG ÚJ A FÖLD ALATT: EGY TUDOMÁNYRA ÚJ KULLANCSFAJ, AZ IXODES ARIADNAE SP. NOV. FELFEDEZÉSE HAZÁNKBAN

Hornok Sándor¹, Kontschán Jenő², Isabel G. Fernández de Mera³, Kováts Dávid⁴, Kovács Richárd⁵, Angyal Dorottya⁶, Görföl Tamás⁷, Kalmár Zsuzsa⁸, Andrei Mihalca⁸, Agustín Estrada-Pena⁹, José de la Fuente³

Európában, így hazánkban is, eddig két, denevér gazdakörhöz adaptálódott kullancsfajt ismeretek. Az egyik a hosszúlábú denevérkullancs, az *Ixodes vespertilionis*, a másik pedig a rövidebb lábakkal és tapogatókkal rendelkező *I. simplex*. Az előbbi faj emberen is szívhat vért, és mint kutatócsoportunk korábban igazolta, részt vehet zoonotikus kórokozók terjesztésében. A denevérek kullancsfajainak taxonómiája évtizedek óta vitatott.

Az *I. vespertilionis* tér- és időbeli előfordulásának tanulmányozásához több, mint ötszáz kullancsot gyűjtöttünk barlangok faláról, illetve denevérekről. Morfológiai vizsgálatuk során találtunk néhány olyan egyedet, amelyek eltértek mindkét, eddig ismert európai denevérekullancsfajtól, többek között mivel lábuk hosszú volt (akár az *I. vespertilionis* fajé), tapogatójuk viszont rövid (mint az *I. simplex* fajé). Amikor e morfológiailag különböző kullancsokat denevérekről gyűjtöttük, úgy tűnt, preferált gazdaspektrumukban szintén eltérnek a két, korábban leírt fajtól.

A két ismert és az újnak tűnő kullancsfaj összesen 20 egyedéből kivontuk a DNS-t, majd PCR vizsgálatokat és szekvenálást végeztünk a rokonsági viszonyok és a faji hovatartozás tisztázására. A citokróm-*c* oxidáz (COI), 12S és 16S rDNS gének elemzése igazolta, hogy a morfológiailag különbözőnek talált faj genetikailag is eltér mind az *I. vespertilionis* fajtól, mind az *I. simplex* fajtól. Az új faj a Nyugat-Pilisben húzódó Ariadne-barlangrendszer után (ahol első egyedeit találtuk) az *I. ariadnae* nevet kapta. Egy további vizsgálattal az is kiderült, hogy az új kullancsfaj subolesin génje és fehérjéje hosszabb más kullancsfajokénál (amelyeknél ez ismert), így törzsfajlódási, evolúciós szempontból az *I. ariadnae* feltételezhetően nagyon ősi faj.

A kutatást részben a SzIE Állatorvos-tudományi Karának Kutatókari kerete támogatta.

A MADARAK KULLANCSFERTŐZÖTTTSÉGE EGY HOSSZÚ TÁVÚ HAZAI FELMÉRÉS TÜKRÉBEN

Flaisz Barbara¹, Kováts Dávid^{2,3}, Jaksa Bianka Regina³, Csörgő Tibor^{3,4}, Csipak Ármin³, Hornok Sándor¹

Vonuló madarak esetében világszerte kutatott terület az általuk hordozott kullancsok és az azokban fennmaradó kórokozók kontinenseken átívelő terjedése. Madarakon előfordulhatnak olyan kullancsfajok is, amelyek az adott országban nem tartoznak az őshonos fajok közé. A közép- és hosszú távú vonulók ugyanis egzotikus kullancsfajok fejlődési stádiumait - és azokkal kórokozókat - hozhatnak be nem-endémiás országokba, így akár hazánkba is. Egyes kullancsfajok elterjedési területének - részben a vonuló madaraknak köszönhető - változását már több esetben (például az *Ixodes ricinus*-nál) dokumentálták. A madarak szerepét a kullancsok és az ezek által hordozott kórokozók terjesztésében kiemeli, hogy városi környezetben is jelentős változás forrásai lehetnek. Mivel repülő életmódjuknál fogva a helyi rezervoároknál messzebből, gyorsabban, ill. gyakrabban juthatnak emberek és háziállataik közelébe. Olyan kullancsfajok is előfordulhatnak madarakon, amelyek emlősökön jellemzően nem szívznak vért (ornithophilok ill. ornithophagok). Ezek járványtani szerepe humán és állategészségügyi szempontból kisebb, azonban fontos adatokkal szolgálnak a fauna feltérképezésében, illetve a kullancs-gazda kapcsolatok vizsgálatában.

Hazánkban eddig főként a madarak tavaszi kullancsfertőzöttségét vizsgálták. Tudomásunk szerint Magyarországon a legtöbb szubadult *Hyalomma* példányt ezen felmérések során gyűjtötték (vörösbegyről és sisegő füzikéről). Szintén a korábbi hazai tanulmányok igazolták, hogy a madarak *Rickettsia helvetica* fertőzöttek lehetnek, és nem endémiás *Rickettsia*-fajt is behozhatnak. Jelenlegi munkánk célja az volt, hogy több mint három év alatt madarokról gyűjtött kullancsokat azonosítsunk, és összefüggéseket keressünk az egyes madárfajok kullancsfertőzöttsége és az azt befolyásoló háttértényezők szempontjából. A minták legnagyobb hányada az Ócsai Madárvártán gyűrzött madarokról származott.

2011 ősztől 2014 őszéig 3413 kullancsot sikerült gyűjteni, 49 fajba tartozó 1198 – elsősorban passeriform – madár átvizsgálásával. A kullancsok többsége *I. ricinus*, valamint *Haemaphysalis concinna* lárva és nimfa volt. Az *I. ricinus* a jellemzően földről táplálkozó madárfajokon volt szignifikánsan gyakoribb, míg a *H. concinna* a föld felett táplálkozókon. Ez utóbbi faj a hazánkra jellemző aktivitási periódusához képest már két hónappal korábban megjelent a madarakon.

I. frontalis-ből, amely egy jellemzően ornithophag, hazánkban ritka faj, 48 egyedet sikerült gyűjteni. Ezek mind a négy évszakban előfordultak, és közöttük három adult példányt találtunk. A legtöbb *I. frontalis* vörösbegyről (*Erithacus rubecula*) származott. *Hyalomma* nimfából szintén három példányt gyűjtöttünk mezei poszátáról (*Sylvia communis*). Ezen felül találtunk két *I. eldaricus*, és egy *I. lividus* nőtényt is. Míg ez utóbbi jellemző kullancsfaja a parti fecskének (*Riparia riparia*), addig az *I. eldaricus* hazánkban való előfordulását, tudomásunk szerint eddig még nem írták le.

BORRELIA MIYAMOTOI ÉS A LYME SPIROCHÉTÁK ÖKOLÓGIAI ÉS JÁRVÁNYTANI VIZSGÁLATA HAZÁNK EGYIK KEDVELT VADÁSZTERÜLETÉN

Szekeres Sándor¹, Rigó Krisztina¹, Majoros Gábor¹, Elena Claudia Coipan², Setareh Jahfari², Hein Sprong², Földvári Gábor¹

Bevezetés: A *Borrelia miyamotoi* egy új, emberre is veszélyes, visszatérő lázat okozó, kullancs által terjesztett spirochaeta. A *Borrelia burgdorferi* sensu lato fajcsoport baktériumaihoz hasonlóan rágcsálópopulációk tartják fenn természetes élőhelyeken.

Cél: Vizsgálatunk célja az volt, hogy közelebbről megismerjük a *B. miyamotoi* és a *B. burgdorferi* s. l. baktériumok természetes ciklusát egy dél-magyarországi erdei élőhelyen, ahol intenzív az erdő és vadgazdálkodás.

Módszer: A rágcsálókat módosított Sherman csapdával 2010 és 2013 között, a kullancsokat 2012-ban zászlózással gyűjtöttük a növényzetről Gemencen. A kisemlősökről túlaltatás után eltávolítottuk az összes ektoparazitát és szövetmintákat vettünk belőlük (lép és bőr). A mintáinkat multiplex valós idejű polimeráz láncreakcióval (qPCR) a kórokozók flagellin (*flaB*) génjére. Ezt követően konvencionális PCR-rel és szekvenálással is megvizsgáltuk a mintákat.

Eredmény: A 6 fajból származó 177 lép és 348 bőr mintát vizsgáltunk. A prevalenciák a kisemlős mintákban: *B. miyamotoi* 0,2% (bőr) és 0,5% (lép) és *B. burgdorferi* s. l. 6,6% (bőr) és 2,2% (lép). A visszatérő lázat okozó spirochétákat sárganyakú erdeiegér hímekben, a *B. burgdorferi* s. l. baktériumokat *Apodemus*-fajokban és vöröshátú erdei pocok mintákban találtuk meg. A sárganyakú erdeiegekben (bőr) a *Borrelia burgdorferi* s. l. prevalencia szignifikánsan magasabb volt, mint a pirók erdei egérben ($p=0,04$). A növényzetről gyűjtött *Ixodes ricinus* egyedekben a *B. burgdorferi* s.l prevalencia (23,5%) szignifikánsan magasabb, mint a *B. miyamotoi* prevalenciája (2,9%) ($p=0,03$). A rágcsálókról eltávolított kullancsokban 6,6% *B. burgdorferi* s. l. és 1,1% *B. miyamotoi* fertőzést találtunk. Az *I. ricinus*-ból mindkét kórokozót (*B. burgdorferi* s.l. 9,7%, *B. miyamotoi* 4,8%), *Ixodes acuminatus*-ból csak a *B. burgdorferi* s.l. baktériumok jelenlétét igazoltuk (8,9%). Két *D. marginatus* megszívott lárva poolban *B. afzelii*-t találtunk.

Következtetés: Vizsgálatunk elsőként igazolta a *B. miyamotoi* magyarországi előfordulását és jelenlétét természetes élőhelyeken élő sárganyakú erdeiegekben. Új adatokkal gyarapítottuk ismereteinket a *B. burgdorferi* s. l. baktériumok ciklusáról rágcsáló és kullancs közösségekben. Eredményeink alapján a fészeklakó *I. acuminatus* kullancsok jelentős szerepet játszanak az ún. endofil kórokozó ciklusban. A visszatérő lázat és a Lyme-kórt okozó baktériumok valós veszélyt jelenthetnek az erdei élőhelyeken kifejezetten a kiemelt veszélyeztetett embercsoportokra, mint a vadászok, erdészeti dolgozók és túrázók.

Köszönetnyilvánítás: Munkánkat a SZIE-ÁOTK NKB (15953), SZIE-ÁOTK Kutatókari (15268) és a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj (FG) támogatta.

REZERVOÁRJA-E A KELETI SÜN A *BORRELIA BURGENDORFERI* SENSU LATO BAKTÉRIUMOKNAK?

Gajdos Mónika, Szekeres Sándor, Földvári Gábor

Bevezetés: A keleti sün (*Erinaceus roumanicus*) Magyarországon őshonos kisemlős, amely jól alkalmazkodik a városi életmódhoz. Korábbi kutatások alapján felmerült a sünök szerepe a Lyme borreliosis járványtanában, hiszen gyakori kullancsgazdák, és fertőzöttek lehetnek a *Borrelia burgdorferi* sensu lato spirochaeta baktériumokkal.

Cél: Vizsgálataink célja az volt, hogy kísérletesen igazoljuk a keleti sün rezervoár szerepét a *B. burgdorferi* s.l. baktériumok fenntartásában.

Módszer: Ahhoz, hogy ezt a kérdést megválaszoljuk, az erre leginkább alkalmas módszert, a xenodiagnózist alkalmaztuk. Nyolc menhelyi sün fülbiopsziás szövetmintáit vizsgáltuk molekuláris módszerekkel a *B. burgdorferi* s.l. fertőzöttségre. A fertőzött egyedek közül kettőt választottunk ki a xenodiagnosztikai kísérletekhez. Ezekben polimeráz láncreakcióval (PCR) és szekvenálással azonosítottuk a *Borrelia afzelii* fertőzést. A kísérlet során specifikusan patogénmentes tenyészetből származó (SPF) *Ixodes ricinus* lárvákat helyeztünk el a fertőzött sünökre, majd a vérszívás után összegyűjtve azokat megvártuk, hogy megtörténjen a vedlés, és nimfává alakuljanak. A kórokozó kimutatására PCR-t alkalmaztunk.

Eredmény: A kísérlet során az egyik fertőzött sünről 40, a másiktól pedig 64 vérrel teleszívott kullancs lárvát gyűjtöttünk össze. Ezeket megfelelő páratartalmú termosztátba helyeztünk, és az átvedlett nimfákból alkalikus hidrolízissel egyenként DNS-kivonást végeztünk. Az ezt követő PCR vizsgálat egyik esetben sem mutatott ki *B. burgdorferi* s.l. fertőzést a kullancsokban.

Következtetés: Előkísérletünk során nem tudtuk bizonyítani a keleti sün rezervoár szerepét a *B. burgdorferi* s.l. baktériumok járványtanában, így a jövőben további kutatások szükségesek a jelenség vizsgálatára, és a kísérlet módszereinek tökéletesítésére. Megkezdjük az elütött sünök gyűjtését, amelynek segítségével teljesebb képet kaphatunk a városi sünök természetes fertőzöttségéről.

Köszönetnyilvánítás: Munkánkat a SZIE-ÁOTK NKB (15953), SZIE-ÁOTK Kutatókari (15268) és a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj (FG) támogatta. Kutatásainkat a MÁB (6/2014) és Pest Megyei Kormányhivatal Élelmiszerlánc-biztonsági és Állategészségügyi Igazgatóság engedélyével (PEI/001/725-4/2014) végeztük.

A FELSZÍNDÚSÍTÁS SORÁN IDENTIFIKÁLT PETÉK DNS KIVONÁSHOZ TÖRTÉNŐ KONCENTRÁLÁSA

Juhász Alexandra, Majoros Gábor

Bevezetés: A szarvasok *Schistosoma turkestanica* okozta vérmételykórjának vizsgálatához szükséges, hogy az állatok hullatékából és a belső szervekből petéket tudjunk kimutatni. A peték a leghatékonyabban a koprológiai vizsgálatok során gyakran alkalmazott felszindúsítási technikával mutathatók ki a bélsárból és a mechanikai úton szuszpendált szövetekből is.

Cél: A *Schistosoma* peték csak nagyon kis mennyiségben jelennek meg a bélsárban, mert a bélfal szövetein keresztül, folyamatosan jutnak a béltartalomba. A májban is előfordulnak ezek a vérmételyek és peték is megtalálhatók a szerv parenchymájában, de szintén csak kis sűrűségben. Mivel a szarvasokból csak májakat és béltartalmat tudunk szerezni a vizsgálatokhoz, ezekben a vizsgálati anyagokban igen kis mennyiségben előforduló petét kell megtalálni és DNS kivonásra alkalmas állapotban konzerválni.

Módszer: A szarvashullatékot vízzel elkeverjük és egy 0,5 mm átmérőjű nyílásokkal ellátott szűrőn átmoszuk. Ezt követően a mintát állni hagyjuk pár percig és többször dekantáljuk. Végül a feltisztult vizet az üledékről leöntjük. Utána a megmaradt üledéket centrifugacsövekbe töltjük és 2-3 perces centrifugálás után a vizet leöntjük róla. A centrifugacsövekben maradt üledéket kevés dúsító-oldattal alaposan összerázzuk, majd a csöveket háromnegyed részig feltöltjük a dúsítóval. Újabb 2-3 perces centrifugálás során a peték a folyadékoszlop tetejére emelkednek. A felülúszó réteg ekkor mikroszkópos vizsgálatra alkalmas, de a sótartalom a DNS kivonást zavarná. Ezért a felülúszót egy desztillált-víz tartalmú ülepitő-pohárba öntjük. Ekkor a só karbonátok formájában kicsapódik. Ezt követően híg szerves savat adunk az oldathoz. A sav feloldja az oldatba került sókat, a vizsgálni kívánt kis mennyiségben előforduló peték, pedig tisztán kinyerhetők pipettával az ülepitő-pohár aljáról.

A májszövetet háztartási turmixgépben elszuszpendáljuk, különböző lyukméretű szitákon keresztül átszűrjük. A sejtszuspenziót a bélsárhoz hasonlóan dolgozzuk fel.

Eredmény: 512 szarvas hullaték minta és 61 máj feldolgozása során mindössze 10 mintában találtunk felismerhető *S. turkestanicum* petéket. A peték nehezen ismerhetők fel a felszindúsított anyagban. Ezzel szemben viszont a vizsgálati anyagból kigyűjtött peték, rendkívül kis mennyiségű idegen anyaggal keverten, viszonylag tisztán kinyerhetők voltak.

Következtetés: A jövőben a módszer érzékenységét fokozni kívánjuk. Ehhez ismert fertőzöttségű állatok vizsgálatára van szükség. Nagyon nehéz egy szarvasból egyszerre máj- és bélsármintát is szerezni, és az ilyen mintapárokból összesen csak hatban voltak vérmételyek.

Kaposvári Egyetem; Takarmányozástani Tanszék¹

Parazitológia

Kaposvári Egyetem; Biokémia Tanszék²

Somogy Megyei Kormányhivatal; Élelmiszerlánc-biztonsági és Állategészségügyi Igazgatóság³

Kaposvári Egyetem; Vadbiológiai és Etológiai Tanszék⁴

A BENZIMIDAZOL REZISZTENCIÁT OKOZÓ NUKLEOTID-POLIMORFIZMUS ELŐFORDULÁSA DÉL-DUNÁNTÚLI KÉRŐDZŐ ÁLLOMÁNYOKBAN

Nagy Gábor¹, Zsolnai Attila², Cshivincsik Ágnes³ és Sugár László⁴

Bevezetés: Napjainkban a gyomor- és bélférges elleni védekezés központi, és legtöbbször egyetlen eleme a széles spektrumú anthelmintikumok használata. Az intenzív és átgondolatlan gyógyszerhasználat több – elsősorban a *Trichostrongylidae* családba tartozó – fereg fajban a gyógyszer-rezisztencia megjelenését és gyors elterjedését eredményezte.

Cél és módszer: A 2013-ban kezdett vizsgálatainkban a *Haemonchus contortus* előfordulási viszonyait, illetve a benzimidazollal szembeni rezisztenciájának státuszát kívánjuk felmérni. Mivel leggyakrabban a β -tubulin gén 1. izotípusának 200. kodonján előforduló mutáció (nukleotid-polimorfizmus; SNP) hozható összefüggésbe a rezisztenciával, ezért kutatásunkban mi is ezt vizsgáltuk.

Eddigi eredmény:

genotípus [*]	juh (n=30) ^{**}	kerti gímszarvas (n=20)	öz (n=43)
SS	0 ^{***}	0	51,16
RS	30	40	27,91
RR	70	60	20,93

*SS = homozigóta érzékeny, RS = heterozigóta, RR = homozigóta rezisztens

**=megvizsgált férgek száma

***= genotípus előfordulási gyakorisága (%)

Következtetés: Eredményeink alapján elmondható, hogy *H. contortus*-ban kimutattuk a benzimidazol-rezisztenciával kapcsolt allélváltozatot. A megfigyelt genotípus arányok juhban és kerti gímszarvasban – feltételezéseink szerint – az átgondolatlan benzimidazol-használattal és a mikroszomális májenzimek egyes fajokban tapasztalható fokozott működésével magyarázhatók. Az öz pontos szerepének tisztázása további vizsgálatokat igényel.

A *MYXOBOLUS PSEUDODISPAR* NYÁLKASPÓRÁS HALPARAZITA GAZDAFAJLAGOSSÁGÁNAK KÍSÉRLETES VIZSGÁLATA

Forró Barbara, Eszterbauer Edit

A nyálkaspórák paraziták (Myxozoa) a csalánozók törzsébe tartozó kétgazdás belső élősködők. A nyálkaspórák legtöbb fajtát erősen gazdaspecifikusnak tekintik, amik egy halfajban képesek csak spórát képezni. Vannak azonban széles gazdaspektrummal rendelkező fajok is, mint például pisztrángfélék kergekórjáért felelős *Myxobolus cerebralis*, ami a lazacfélék rendjén belül négy halgenus számos fajtát képes megfertőzni. Eddigi tudásunk szerint a széles gazdaspektrumú fajok közé tartozik a pontyfélék vázizomzatában intracellulárisan fejlődő *M. pseudodispar* is, amit kimutattak bodorkából (*Rutilus rutilus*), kűszből (*Alburnus alburnus*), karikakeszezből (*Blicca bjoerkna*), dévérkeszezből (*Abramis brama*) és vörösszárnyú keszezből (*Scardinius erythrophthalmus*) is. A különböző halfajokból izolált *M. pseudodispar* myxospórák morfológiájukat és szöveti lokációjukat tekintve azonosak, azonban korábbi vizsgálatok igen jelentős, akár 5%-os különbséget is kimutattak az izolátumok 18S riboszomális RNS génjében. Felmerült hát a kérdés, hogy a különböző halfajokból származó *M. pseudodispar* izolátumok egyazon széles gazdaspektrumú fajhoz tartoznak, vagy pedig több, közel rokon, erősen gazdaspecifikus fajról van szó.

Munkánk célja annak vizsgálata volt, hogy a parazita eredeti gazdájából, a bodorkából származó *M. pseudodispar* vonal képes-e más fogékonyak tartott halfajt is megfertőzni. A kísérlethez használt parazita *in vivo* laboratóriumi rendszerekben fenntartott és molekuláris módszerekkel rendszeresen ellenőrzött tenyészetből származott. Az első kísérlet során laboratóriumi körülmények között nevelt, parazitamentes bodorkát, dévérkeszeget, vörösszárnyú keszeget, a második alkalommal pedig bodorkát és vörösszárnyú keszeget fertőztünk egyedenként. A halakat 3 hónapon keresztül azonos körülmények között tartottuk. Ezt követően egyedenként homogenizáltuk a kísérleti halakat, és mikroszkóposan számoltuk a homogenizátumokban található parazita myxospórákat. Az adatokat statisztikailag értékeltük.

A bodorkák fertőzöttségének prevalenciája igen magas (80-90%) volt mindkét kísérlet során. Dévérkeszegek esetében 25%-os prevalenciát tapasztaltunk, a fertőzöttség intenzitása viszont jelentősen elmaradt a bodorkáknál tapasztaltaktól. A vörösszárnyú keszegek egyáltalán nem fertőződtek a bodorkából nyert *M. pseudodispar*-ral. Kísérleti eredményeink azt mutatják, hogy a bodorkát fertőző *M. pseudodispar* genetikai vonalra a vörösszárnyú keszeg nem fogékony, ezért valószínűsíthető, hogy két halfajból származó parazita izolátumok faji szintű elkülönüléséről van szó, amit a korábbiakban kimutatott genetikai különbségek is feltételeztek. A dévérkeszeg, ami közelebbi rokonságban áll a bodorkával, mint a vörösszárnyú keszeg, fogékonyak mutatkozott ugyan a bodorkából származó parazita vonalra, de jóval kisebb mértékben, mint a parazita eredeti gazdája. Ez szintén megkérdőjelezi, hogy egy parazita fajról van szó, sokkal inkább a gazdaváltást követő fajképződés folyamatát jelzi.

A kutatást az OTKA K112301 sz. pályázat támogatásával végeztük.

NÉGY HALFAJ FOGÉKONYSÁGÁNAK KÍSÉRLETES VIZSGÁLATA A DARAKÓRT OKOZÓ *ICHTHYOPHTHIRIUS MULTIFILIIS* PARAZITÁRA

Guti Csaba Ferenc^{1,2}, Eszterbauer Edit¹

A darakórt okozó csillós egysejtű halparazita, az *Ichthyophthirius multifiliis* világszerte nagy gazdasági károkat okoz az akvakultúra ágazatban. Ennek a közvetlen fejlődésű parazitának különösen kedvez a zsúfolt tartásmód, így a darakór gyakran előfordul a halak telettetésekor, intenzív haltenyésztésben és díszállat kereskedésekben, ahol még a szállítási stressz is elősegíti a parazita kóros mértékű elszaporodását. A felhám alatti kötőszöveti rétegben a gazda sejtjeivel táplálkozik, majd a halat elhagyva osztódással szaporodik. Egy-egy trophontból akár több száz rajzó is keletkezhet, ezáltal a paraziták számára kedvező körülmények között számuk exponenciálisan növekszik és gyakran jelentős elhullást okoz a halállományban. Számtalan tudományos értekezés foglalkozik a darakór kezelésével, a parazita által kiváltott immunválasszal, azonban meglehetősen kevés irodalmi adat áll rendelkezésre a különböző halfajok fogékonyságát illetően. Egyetlen halfaj sem ismert, mely teljes immunitást mutatna a parazitával szemben, a fogékonyságban azonban kétségtelenül vannak különbségek. Kísérletesen bizonyított, hogy a növekedési hormont túltermelő transzgenikus ponty (*Cyprinus carpio*) ellenállóbb, mint a genetikailag nem módosított ponty, a csatornaharcsa (*Ictalurus punctatus*) pedig nagyságrendekkel érzékenyebb, mint a kék tilápia (*Oreochromis aureus*).

Munkánk során négy halfaj darakór iránti érzékenységét vizsgáltuk kontrollált fertőzési kísérletekben. A parazitát hazai halgazdaságokból, illetve akvarisztikai üzletekből szereztük be, majd pedig *in vivo* rendszerben szaporítottuk a kísérlethez szükséges parazitamennyiség eléréséhez. A fertőzéshez használt parazitaszámokat a halak testfelületének függvényében határoztuk meg. Pontyot megközelítőleg 8000 db, bodorkát (*Rutilus rutilus*) 3000 db, vörösszárnyú keszeget (*Scardinius erythrophthalmus*) 2500 db valamint zebraadániót (*Danio rerio*) 1000 db rajzó stádiumú *I. multifiliis*-szel fertőztünk. A fertőzés intenzitását mikroszkópos vizsgálattal határoztuk meg.

Kísérleteinkben a zebraadánió és a vörösszárnyú keszeg esetében egy alkalommal sem tapasztaltunk fertőzést. Sikeresen fertőztük a bodorkákat, ugyanakkor a fertőzés intenzitása elmaradt a pontyoknál tapasztalttól. Eredményeink azt mutatják, hogy a négy halfaj közül a ponty bizonyult a leginkább fogékonyaknak, ezáltal alkalmas lehet a parazita *in vivo* laboratóriumi fenntartására további vizsgálatainkhoz. A vörösszárnyú keszeg és a bodorka halgazdaságokban is előforduló halfajok, melyeket ragadozó halak tenyésztésekor táplálékállatként is használnak. Megfontolandó, hogy a ragadozóivadékok sikeresebb nevelése érdekében a darakórnak ellenállóbb fajt válasszunk. Különösen érdekes lehet ez a szürke harcsa (*Silurus glanis*) esetében, mely a halgazdasági tapasztalatok szerint különösen érzékeny az *I. multifiliis* fertőzésre. Ennek kísérletes igazolása további terveink között szerepel. Emellett tervezzük az ezúttal sikertelenül fertőzött halfajok vizsgálatát későbbi kísérletekben, magasabb parazitaszám mellett.

A kutatást a VKSZ_12-1-2013-0078 sz. pályázat támogatásával végeztük.

**PETASIGER ÉS PARYPHOSTOMUM METACERCARIA-K ELŐFORDULÁSA
PONTYFÉLÉK OLDALVONALSZERVÉBEN**

Cech Gábor, Molnár Kálmán, Székely Csaba

Bodorka és vörösszárnyú keszeg oldalvonal pikkelyeinek érzőszerveiből Echinostomatidae metacercaria-kat sikerült izolálnunk nagyszámban, melyeknek feji szívókája 27 tüskével van körülvéve. Tüskemosorújuk alapján a metacercaria-k a kormoránok belében élősködő *Petasiger*, illetve *Paryphostomum* mótelyek lárvastádiumaira hasonlítottak. A metacercaria-k között két típus volt megkülönböztethető. Az egyik típusnak 8 nagyobb oldaltüskéje és 19 kisebb, egyenlő méretű gallértüskéje volt, míg a másik típusnak a gallértüskéi között 3 nagyobb tüske volt található. A véletlenszerűen kiválasztott metacercaria-k molekuláris vizsgálata során a kapott szekvenciák megegyeztek a génbankban található *Petasiger phalacrocoracis* faj szekvenciáival.

A továbbiakban egyrészt a Balatonon, illetve a Hortobágyon lőtt kormoránok beléből adult mótelyeket is gyűjtöttünk, másrészt halakból további első és második típusú metacercaria-kat izoláltunk, majd az egyedeket tüskéik alapján elkülönítettük. Az adult példányok morfológiájuk szerint 3 féle típusba voltak sorolhatóak, ebből egyet *Paryphostomum* sp.-ként határoztunk meg, a másik kettőt pedig *Petasiger* sp.-ként. Méreteiket tekintve két *Petasiger* faj jól elkülönült egymástól. Közülük morfológiai jellemzőik alapján a kisebb faj a *P. phalacrocoracis*, a nagyobb faj a *P. exaeretus* fajjal volt azonosítható. A továbbiakban molekuláris módszerekkel vizsgáltuk a mintákat (7 db adult mótely és 6 metacercaria), a génbanki referenciaszekvenciák alapján az ITS régió szekvenálását végeztük el.

Az adult mótelyekből és metacercaria mintákból végzett molekuláris vizsgálataink azt mutatták, hogy az egyenlő gallértüskékkel rendelkező metacercaria-típus szekvenciái (3 db) azonosnak bizonyultak a *Petasiger phalacrocoracis* génbanki szekvenciájával, illetve egymással. Ezen felül megegyezést mutattak az általunk *Petasiger phalacrocoracis*-ként meghatározott 2 adult mótely szekvenciáival. Az egyik egyenlő gallértüskés metacercaria szekvenciája jelentős mértékben eltért az előbbi 3 mintától, ugyanakkor megegyezett 2 db adult *Petasiger exaeretus* mótely szekvenciájával. A *Paryphostomum*-ként azonosított adult mótelyek (3 db) az ITS szekvenciák alapján a *Paryphostomum radiatum* fajba tartoztak, viszont ebbe a fajba tartozó metacercaria-kat nem találtunk. Az eltérő gallértüskéjű metacercaria-típus szekvenciái (2 db) jól elkülöníthetők voltak az egyenlő gallértüskéjű típustól, valamint a génbanki referenciák között sem sikerült azonosat találni, valamint nem voltak rokoníthatók a kormoránból izolált *Petasiger exaeretus*, illetve *Paryphostomum radiatum* adult példányaival sem, pontos faji identifikációjuk egyelőre függőben van.

Köszönetnyilvánítás: PD 108813 sz. és KTIA-AIK-12-1-2013-017. pályázatok.

A KOPOLTYÚLEMEZEK TORZFEJLŐDÉSE *ECHINOCHASMUS* METACERKÁRIÁK MEGTELEPEDÉSE NYOMÁN VÁGÓDURBICSBAN

Molnár Kálmán¹, Majoros Gábor², Cech Gábor¹, Székely Csaba¹

Vizsgálataink során gyakran mutattunk ki hlevő madarakban, mint végleges gazdáiban, élősködő mótelyek metacerkáriáit halak különböző szerveiből. Közülük több halfaj kopoltyújáról is gyakran regisztráltunk egy viszonylag kisméretű Echinostomatida metacerkáriát, melyet egy közelebbről meg nem határozott *Echinochasmus*-faj metacerkáriájával azonosítottunk. Az élősködő közelebbi vizsgálata során megállapítottuk, hogy ez a faj a kopoltyúlemezekben mindig a porcban vagy ahhoz tapadva helyezkedik el. A megtelepedett metacerkáriát minden esetben egy vékony, porcszerű kollagén réteg és egy vastagabb tömött rostos kötőszöveti réteg vette körül. Balatonból származó vágódurbincokban, melyekben rendszerint intenzív fertőzés alakult ki, azt észleltük, hogy mintegy minden ötödik metacerkária megtelepedésének helyén a kopoltyúlemez két egyenlő lemezegységre vált szét. Az újonnan képződött lemezek szövettani szerkezete egyébként mindenben megegyezett az egészséges lemezek szerkezetével. Mivel eseteinkben a lemezek osztódása a középtájékon történt meg, ezért feltételezzük, hogy az osztódást generáló patogén hatás, azaz a cercáriák megtelepedése, vizsgálatainkat megelőzően ment végbe, s a különvált lemezdarabok folyamatosan növekedtek.

Hasonló teratogén hatást korábban kételtükben észlelték a *Ribeiroia ondatrae* nevű mótely metacerkáriáinak megtelepedése esetén. Ez utóbbiak az ujjak számának multiplikációját okozták.

Az elváltozásokat okozó *Echinochasmus*-faj meghatározásához adult példányok begyűjtésére lenne szükség. További munkáink a metacerkáriák molekuláris vizsgálatára és a kapott szekvenciáknak a hiányos génbanki adatokkal való összevetésére irányulnak, de szerepet kaphatnak abban kísérletes vizsgálatok is.

Köszönetnyilvánítás: OTKA K 100132. és KTIA-AIK-12-1-2013-0017. sz. pályázatok.

AZ ARANYSAKÁL SZEREPE, TERMÉSZETVÉDELMI ÉS VADGAZDÁLKODÁSI JELENTŐSÉGE

Ács Kornél¹, Kemenszky Péter², Sugár László¹

Az aranysakált (*Canis aureus* L.) a Kárpát-medencében őshonos fajnak tekintik. Eredeti előfordulási viszonyairól azonban kevés a megbízható adat, leírás. Elgondolkoztató azonban, hogy a XIX. században megjelent vadászati és zoológiai monográfiákban az emlősragadozók között egyedül a sakál nem szerepel! A kevés fellelhető információ alapján az sem kizárt, hogy valójában sosem volt honos a térségben, csak elvándorló, fiatal példányok fordultak elő olykor-olykor. Ezt a kérdést érdemes lenne elfogultság nélkül, tudományos alapon tisztázni (csontmaradványok vizsgálatával?). A XX. század közepére csak Bulgáriában maradt meg kis létszámban. A védetté nyilvánítását követően "feltámadt", szaporodni, terjeszkedni kezdett és így 50 év elteltével ismét megjelent hazánkban. A 90-es évek elején megtelepedett az Ormánságban, majd onnan (is) terjedt tovább a Dél-Dunántúlon és a Dél-Alföldön. A terítékadatok alapján a létszámnövekedése exponenciális képet mutat és diszperziója is rendkívüli ütemű. Elszaporodása folytán a rókaállomány drasztikusan csökken, ill. urbanizálódik, eközben átveszi a róka szerepét (zsákmányolás és paraziták tekintetében is)!

Egy dámszarvas kutatási (PhD) program keretében a lábodi vadászterületen - egyebek mellett - adatokat gyűjtünk az újszülött borjakról (születési időszak, élősúly, a fogazat és a csülkők állapota...). Eközben egyéb megfigyeléseket is végzünk: dámszarvas/csapat/ok jelenléte, összetétele, elpusztult borjak maradványai, stb.

Három idény alapján az *elpusztult borjak aránya jelentős*: 20 borjú, az összes talált példány (n = 63) 31,7%-a. Ezek nagyon különböző állapotban voltak: pl. csak "kizsigerelve", hátulsó testfél, egy elülső végtag, csak a lerágott fej-/állkapocs-részek, stb. Nyári megfigyeléseink során a sutavad-csapatokban júliusban 71,3 %-os (164/230), augusztusban pedig 50,4%-os (189/375) borjú/tehén arányt tapasztaltunk. Ennek alapján a sakálállománynak jelentős szerepe lehet a térségi dämavadállomány csökkenésében. A dämavadteríték az utóbbi 5 év folyamán az egyharmadára csökkent, miközben a sakálteríték a négyeszeresére emelkedett.

Az őzállomány drasztikus csökkenését a Dráva-menti térségben már korábban megfigyelték. Ezzel kapcsolatban fontos indirekt bizonyíték a sakál igen eredményes behívása a gidahang utánzásával (csalsíppal) a május-augusztusi időszakban.

Mint tudjuk, az aranysakál tipikus opportunistá ragadozó: a kistrágyacsálóktól, a földön fészkelő madarak tojásaitól/fiókáitól a nagyemlős újszülöttekig/ fiatalokig minden útjába esőt zsákmányol és elfogyaszt. Emellett az elpusztult tetemeiket, maradványokat sem veti meg. Ennek ismeretében gyors ütemű terjedése és elszaporodása a számára kedvező területeken/térségekben komoly veszélyforrást jelent. Ilyen szempontból veszélyeztetett az érintett területeken folyó extenzív juhtenyésztés, a mezei nyúl-, fácán-, őz-, dämavad- és vaddisznó-állomány, valamint az igen kritikus helyzetben lévő túzok és más földön fészkelő, védett madárfajok populációi/állományai. Mindezek alapján itt az ideje az aranysakál ökológiai szerepével kapcsolatos konszenzus kialakításának.

A RÉTISAS (*HALIAEETUS ALBICILLA*) EURÓPAI ÁLLOMÁNYAINAK GENETIKAI STRUKTÚRÁJA, KÜLÖNÖS TEKINTETTEL A KÁRPÁT-MEDENCÉRENemesházi Edina¹, Szabó Krisztián¹, Kövér Szilvia¹

Európa rétisas-populációi drasztikus egyedszám-csökkenésen estek át a 20. század során. Számos országból teljesen eltűnt a faj, vagy mindössze néhány tíz költőpár maradt. A természetvédelmi intézkedéseknek köszönhetően az egykori állományok mára ismét stabilnak tekinthetők.

Jelen kutatásban összesen 258 rétisas-mintát vizsgáltunk. A Kárpát-medence állományából 131 fióka, illetve feltehetően költő madaraktól származó vedlett tollmintát gyűjtöttek az illetékes nemzeti parkok gyűrző munkatársai (Magyarország, Horvátország, Szerbia). A többi felhasznált mintát eredetileg más, korábban már publikált vizsgálatokhoz gyűjtötték, országonként különböző módszerekkel (Cseh Köztársaság, Németország, Lengyelország, Finnország, Szlovákia, Ausztria, továbbá holtan talált illetve fogságban tartott litván és észt származású madarak).

Kutatásunk célja, hogy feltérképezze Európa több helyreállt rétisas-állománya közötti kapcsolatokat, illetve felderítse néhány az 1970-es években eltűnt, majd újrakolonizált állomány eredetét. Ennek érdekében 10 mikroszatellita marker segítségével hasonlítottuk össze Európa számos országában a mai költőállományok genetikai struktúráját.

Eredményeink alapján a vizsgált állományok három fő populációra oszthatók (északi, középső és déli), összhangban a fajra jellemző filopatrikus viselkedéssel. A vizsgálatunkból kimutatható genetikai mintázat azonban arra enged következtetni, hogy a madarak egy része ennek ellenére a származási helyétől messzebb kezd költésbe.

A Cseh Köztársaság rétisas-állományában talált genetikai struktúra alátámasztja azt a feltevést, hogy az 1970-es években szabadon engedett (fogságban nevelt) madarak nagymértékben befolyásolták a természetes úton kialakuló genetikai struktúrát.

DÉLKELET-ÁZSIAI DENEVÉREK SZISZTEMATIKAI REVÍZIÓJA ÉS KÉT ÚJ FAJ LEÍRÁSA

Görföl Tamás^{1,2} és Csorba Gábor²

A világon mintegy 1250 denevérfaj ismert, s mivel az egyetlen repülő életmódot folytató emlősök, igen fontos szerepük van az ökoszisztémákban. Mint a legtöbb állatcsoport esetében, a trópusi területek a denevérek tekintetében is a legfajgazdagabbak közé tartoznak. A délkelet-ázsiai országokból az utóbbi két évtizedben számos új faj került elő az új vizsgálati módszereknek (húrcsapda, ultrahangdetektor) és genetikai vizsgálatoknak köszönhetően.

Kutatásaink célja 2014-ben két, szisztematikai szempontból problémás nemzetség, a *Myotis* és a *Hypsugo* genuszok egyes fajcsoportjainak revíziója volt. Ennek során morfológiai vizsgálatokat, sokváltozós statisztikai elemzéseket, illetve filogenetikai rekonstrukciókat végeztünk, melyekhez összehasonlításként a legnagyobb gyűjtemények anyagait, köztük az új fajokhoz legközelebb álló taxonok típuspéldányait használtuk fel.

A *Myotis montivagus* fajba vizsgálataink megkezdése előtt négy alfajt soroltak, melyek elterjedési területe Indiától egészen Kínáig és Borneóig terjedt. Kutatásunk bebizonyította, hogy ez a négy alfaj külön fajnak tekintendő, s ezzel a viszonylag széles elterjedésének számító taxon, mely az IUCN Vörös Listáján a „nem veszélyeztetett” kategóriába tartozott, négy olyan fajra bomlott, melyből háromról alig van információnk. A *Myotis montivagus sensu stricto* a legerterjedtebb, megtalálták Kínában, Vietnámban, Laoszban, Burmában és északkelet Indiában is. A *Myotis peytoni* India három pontjáról ismeretes, a *Myotis borneoensis* csak Borneo szigetén, míg a *Myotis federatus* csak Malajziában fordul elő.

Ugyanehhez a fajcsoportához tartozó denevérek vietnámi és laoszi példányait küldték meg számunkra határozásra, melyek egy eddig még ismeretlen fajhoz tartozónak bizonyultak. A közepes termetű *Myotis indochinensis* valószínűleg nem csak e két országban, hanem az Indomaláj Régió más területein is előfordul.

Szintén vietnámi és laoszi példányok alapján írtunk le egy új *Hypsugo* fajt, melyet hatalmas szemfogairól – mely alapján egyértelműen elkülöníthető a többi *Hypsugo* fajtól – *Hypsugo dolichodon*-nak, azaz nagyfogú alpesidenevérenek neveztünk el. Vizsgálataink során egy másik, minden eddigi *Hypsugo* fajtól eltérő példányt is sikerült találnunk. Mivel csak egy példány ismert belőle és COI-szekvenciája a széles körben elterjedt *Hypsugo pulveratus* szekvenciájával egyezik meg, elképzelhető, hogy egy aberráns növekedésű egyedről van szó, ezért nem került leírásra. További hasonló példányok megkerülése esetén azonban különálló fajnak minősülhet.

Eredményeink felhívják a figyelmet, hogy milyen nagy része maradhatott még rejtve a délkelet-ázsiai trópusok diverzitásának, hogy egy taxonómiai revízió fontos konzervációbiológiai jelentőséggel bírhat, az új fajok leírása pedig számos veszélyeztetett trópusi élőhely védetté nyilvánításában és ezzel megmentésében játszhat szerepet.

Vizsgálatainkat az OTKA K112440 számú pályázata támogatja.

KIS APOLLÓ-LEPKÉK ÉLŐHELYHASZNÁLATA

Szigeti Viktor¹, Kőrösi Ádám², Harnos Andrea³ és Kis János¹

Bevezetés: A védett kis Apolló-lepke *Parnassius mnemosyne* egynemzedékes, áprilistól júliusig repül. Bár helyenként még nagy számban előfordul, a XX. század során csökkent állományainak száma és mérete, feltehetően a természetközeli gazdálkodás visszaszorulása, és a természetközeli élőhelyek területének csökkenése miatt. Éghajlati változások következtében élőhelyeinek további csökkenése várható. Előfordulását befolyásolja tápnövényének, az erdőben növekvő keltike fajok *Corydalis* spp., és a nektárnövény-fajokban gazdag nyílt területek jelenléte. Az imágók idejük jelentős részét táplálkozással töltik, ami feltételezhetően javítja szaporodási sikerüket. Tojásaikat a repülési időszakban gyakran már nem látható lárvális tápnövény lehetséges előfordulási helyén rakják.

Cél: Megtudni, hogy a kis Apolló-lepke területhasználatát a tápnövény-, a legkedveltebb nektárnövény előfordulása vagy a nyílt-zárt területek aránya határozza-e meg. Kérdésünk továbbá, hogy van-e az egyedek térhasználatban egyedszintű eltérés.

Módszer: Vizsgálatainkat a Visegrádi-hegységben egy 0,5 hektáros réten végeztük 2014-ben. A területet 10×10 méteres kvadrátokra osztottuk. Kvadrátonként becsültük a tápnövény gyakoriságot, feltérképeztük a fogyasztott nektárnövények virágborítását és a kvadrátok nyíltságát. A lepkéket egyedileg jelöltük, visszalátáskor feljegyeztük az előfordulásuk kvadrát azonosítóját. Az elemzés során térbeliséget figyelembe vevő Poisson GAM modelleket használtunk.

Eredmény: Vizsgálati területünk nektárforrások szempontjából heterogén, kis Apolló-lepkében gazdag. Változatos a kvadrátok keltike- és virágborítása és a lepkék előfordulása. A leggyakrabban (>70%) fogyasztott faj a magyar szegfű (*Dianthus giganteiformis pontederæ*). A kis Apollók élőhelyen belüli előfordulási gyakorisága nő a nektárnövények gyakoriságával és a nyílt területek arányával, de a lárvális tápnövény gyakorisága közvetlenül nem befolyásolja (míg az élőhelyválasztásban lehet szerepe). A rajzási időszak folyamán változik a lepkék térbeli előfordulása, ami a nektárnövény eloszlásának változásával áll kapcsolatban. Egyedszintű mintázatokat találtunk a lepkék térhasználatában.

Következtetés: A kis Apolló-lepke számára olyan mozaikos élőhelyek az ideálisak, ahol egymáshoz közel találhatóak nyílt gyepterületek (nektárforrás) és zárt erdőfoltok (tápnövény), ahol a nőtények repülési költsége minimális a táplálkozás és a tojásrakás között. Nektárforrások híján a nyílt területek ökológiai csapdák lehetnek, míg a nektárforrásokban gazdag rétek beerdősülése lokális kihaláshoz vezethet. Az egyedszintű élőhely használatot magyarázhatja a kedvelt nektárnövényfaj tér- és időbeli előfordulása.

Köszönetnyilvánítás: Támogató: NKB 4185/59/2012, 4533/53/2013, 4848/53/2014. Terepi munka: Szent István Egyetem Állatorvostudományi Kar Biológus MSc hallgatók.

NÁDIPOSZÁTA FAJOK ŐSZI VONULÁSÁNAK KOR- ÉS IVARFÜGGŐ MINTÁZATAI

Ágh Nóra^{1,4}, Kovács Szilvia^{2,4}, Harnos Andrea^{1,4}, Csörgő Tibor^{3,4}

A környezeti változások többféle módon hathatnak az egyes madárfajokra: változhat az egyedszámuk, módosulhat a költés, a vonulás, a vedlés időzítése. Egy-egy fajon belül a változások ivar és korcsoportonként is eltérhetnek, azonban az ivarok sok faj esetén külső bélyegek alapján nem különíthetők el a költési időszakon kívül. Emiatt ezen fajok ivarfüggő vonulási viselkedéséről nagyon kevés információ áll rendelkezésre, azonban ezek az adatok a klímaváltozás hatásainak pontosabb értelmezéséhez szükségesek lennének.

Bár az általunk vizsgált fajoknál a hímek átlagos szárnyhossza mindhárom faj esetében szignifikánsan nagyobb, mint a tojóké, ez egyedi elkülönítésre nem alkalmas. Korábbi vizsgálatainkban kimutattuk, hogy a foltos, az énekes és a cserregő nádiposzáta vonulásának időzítésében jelentős eltolódások történtek az elmúlt évtizedekben, amit az átvonuló állomány populációs összetételének változása, vagy a változásokra adott ivaronként eltérő válaszok is okozhattak. Ennek eldöntéséhez 2012-2013-ban az őszi vonulás során a három faj egyedeiből vérmintákat vettünk molekuláris ivarhatározáshoz. Az elemzéshez általános és általánosított (logisztikus regresszió) lineáris modelleket használtunk. A két módszerrel (külső ivari bélyegek és molekuláris vizsgálat) 511 foltos-, 461 cserregő- és 308 énekes nádiposzáta ivarát határoztuk meg.

Az eredmények szerint a cserregő és az énekes nádiposzáta öreg korcsoportja esetén a vonulás vége felé nagyobb arányban vannak jelen tojók a területen. Mindhárom faj esetén a tojók vonulása átlagosan elnyújtottabb, mint a hímeké. A visszafogási adatok elemzése szerint ennek oka nem a területen való tartózkodási idő hosszának eltérése, mivel ebben nem volt ivari különbség. Az arányok változását a vonulás ivaronként eltérő időzítése okozhatja. Mindhárom faj öreg korcsoportja esetén a helyi költő állomány átlagos szárnyhossza rövidebb, mint az átvonulóké, ugyanakkor ismert, hogy ugyanazon faj északabbi populációinak szárnyhossza átlagosan nagyobb, mint a délebbieké.

A korábbi, biometriai adatok szerinti időzítés eredményei az ivarok ismeretében pontosabban értelmezhetők. Az eddig megfigyelt mintázatok nem az egyik (összetétel változás) vagy a másik (ivari különbség) feltevésével magyarázhatók, hanem a kettő együtt érvényesül. Az északi eredetű madarak vonulnak át később, ugyanakkor mivel ezek szárnyhossza nagyobb, ez az átlagos értéket növekedéséhez vezet az ivari különbségektől függetlenül.

A kutatás finanszírozását az NKB (2012) és az OTKA 108571. pályázatok tették lehetővé.