

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA
ÁTE ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK
(2024. JANUÁR 29-31.)

PARAZITOLÓGIA
ÁLLATTAN
HALKÓRTAN

2023. évi 50. füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kollegánók és Kollegák!

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és az Állatorvostudományi Egyetem Állatorvostudományi Doktori Iskolája 2024. január 29. és 31-én között tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló **Akadémiai Beszámolók** ülésorozatot, amelyre idén 50. alkalommal kerül sor az Állatorvostudományi Egyetemen.

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 találkozására.

Az előadások összefoglalóit – szekciófüzetekbe csoportosítva – elektronikus úton adjuk közre.

Az Akadémiai Beszámolókat több év után ismét személyes részvétel formájában tartjuk az Állatorvostudományi Egyetem Tolnay Sándor termében. Az egyes szekcióülések közvetlenül követik egymást. Az előadások időtartama legfeljebb 10 perc, további 5 percet számoltunk a kérdésekre és hozzászólásokra. 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.

Kérjük az egyes szekcióbizottságok elnökeit, titkárait és tagjait, hogy az akadémiai beszámolón aktívan vegyenek részt, kérdéseikkel, hozzászólásaikkal biztosítva a rendezvény magas színvonalát.

A szekciók titkárait arra is kérjük, hogy a szekcióülésről február végéig készítsenek és juttassanak el az Állatorvos-tudományi Bizottság titkárához (fodor.laszlo@univet.hu) egy-egy rövid, közérthető formában megírt, a szekcióelnökökkel egyeztetett tájékoztatót a Magyar Állatorvosok Lapjában való közlés céljából, amely tartalmazza az előadások legfontosabb megállapításait.

Kérjük az intézetek vezetőit, hogy az elektronikus úton megküldött anyagot szíveskedjenek munkatársaik és érdeklődő nyugdíjasaik számára is továbbítani.

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

Szeretettel várunk minden érdeklődőt, az előadóknak pedig sikeres előadást kívánunk.

Solti László
MTA ÁTB elnöke

Sótonyi Péter
Rektor, TDK elnök

Bartha Tibor
ÁODI elnöke

Fodor László
MTA ÁTB titkára

MTA Állatorvos-tudományi Bizottság és az ÁTE DI akadémiai beszámolóinak PROGRAMJA és szekcióbizottságai
2024. január 29-31.

A szekció megnevezése	A szekcióülés ideje	A szekcióülés helye	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
Élettan és biokémia Kórtan Gyógyszertan és toxikológia Morfológia	2024. január 29. hétfő 8.15-15.00	Tolnay Sándor terem	Bartha Tibor Jerzsele Ákos Sótonyi Péter	Farkas Orsolya Mátis Gábor	Csikó György, Halasy Katalin, Rác Bence, Zsarnovszky Attila
Élelmiszerhigiénia Állategészségügyi Igazgatás	2024. január 31. szerda 8.15-12.30	Tolnay Sándor terem	Ózsvári László Nagy Attila Süth Miklós	Darnay Livia	Józwiak Ákos, Kovács Sándor, Lehel József, Szita Géza
Viroológia Immunológia Bakteriológia	2024. január 30. kedd 8.15-15.00	Tolnay Sándor terem	Dénes Béla Harrach Balázs Fodor László Magyar Tibor	Kaján Győző Sváb Domonkos	Benkő Mária, Dán Ádám, Péntes Zoltán, Soós Tibor, Zádori Zoltán Bernáth Sándor, Jánosi Szilárd, Gyuranecz Miklós, Makrai László, Szmolka Ama, Tenk Miklós
Parazitológia Állattan Halkórtan	2024. január 31. szerda 13.00-15.45	Tolnay Sándor terem	Baska Ferenc Farkas Róbert	Eszterbauer Edit Hornung Erzsébet Sréter Tamás	Békési László, Csaba György Hornok Sándor, Kassai Tibor Molnár Kálmán, Majoros Gábor, Varga István
Klinikumok	2024. január 30. kedd 15.30-16.30	Tolnay Sándor terem	Bakos Zoltán Bodó Gábor Cseh Sándor Németh Tibor Manczur Ferenc	Becker Zsolt Szelényi Zoltán	Biksi Imre, Gál János, Sterczler Ágnes, Szenci Ottó, Vajdovich Péter
Állathigiénia Állattenyésztés Genetika Takarmányozástan	2024.január 29. hétfő 15.30-17.30	Tolnay Sándor terem	Könyves László Szabó József	Bersényi András	Brydl Endre, Cseh Sándor, Fekete Sándor, Gáspárdy András, Jakab László, Rafai Pál, Zöldág László

Tartalomjegyzék

Parazitológia

1. MADÁRKULLANCSLEGYEK (ORNITHOMYINAE) VIZSGÁLATA ÉS EGY AFRIKAI FAJUK (*ORNITHOCTONA LATICORNIS*) ELSŐ EURÓPAI MEGJELENÉSE
Keve Gergő, Csörgő Tibor, Kováts Dávid, Benke Anikó, Bende Attila, Ágoston Hunor, Mórocz Attila, Németh Ákos, Tamás Enikő Anna, Huber Attila, Gyurácz József, Keve Gábor, Kontschán Jenő, Németh Anna, Hornok Sándor
2. BAROMFI KÓROKOZÓK MONITOROZÁSA BAROMFITELEPEKRŐL GYŰJTÖTT ALOMBOGÁR (*ALPHITOBIUS DIAPERINUS*) ÉS MADÁRTETŰATKA (*DERMANYSSUS GALLINAE*) MINTÁKBÓL: ELŐZETES EREDMÉNYEK
Kovács Dorottya, Kaján Győző, Buni Dominika, Ursu Krisztina, Kovács László, Körösi László, Szmolka Ama, Eszterbauer Edit
3. MADARAK KULLANCSFERTŐZÖTTségÉNEK VIZSGÁLATA
Pitó Andor, Bukor Boglárka, Győrig Előd, Vojtěch Brlík, Kontschán Jenő, Keve Gergő, Takács Nóra, Hornok Sándor
4. DENEVÉRSPECIFIKUS KULLANCSOK TÁPLÁLÉKSPEKTRUMÁNAK ÉS KÓROKOZÓ DIVERZITÁSÁNAK FELTÁRÁSA MOLEKULÁRIS MÓDSZEREKKEL
Szentiványi Tamara, Takács Nóra, Sándor Attila D., Péter Áron, Boldogh Sándor A., Kováts Dávid, Foster Jeffrey T., Estók Péter, Hornok Sándor
5. KUTYÁK ÉS MACSKÁK TRICHOMONADIDAE FAJAINAK MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATA
Tuska-Szalay Barbara, Julia Gilbert, Takács Nóra, Boldogh Sándor András, Fáy József, Sterczer Ágnes, Psáder Roland, Kontschán Jenő, Izsó Ádám, Hornok Sándor

Állattan

6. A HŐTŰRÉS ÉS AZ IVARVÁLTÁS POPULÁCIÓS KÜLÖNBSÉGEI
Balogh Emese, Ujszegi János, Ujhegyi Nikolett, Mikó Zsanett, Kásler Andrea, Szederkényi Márk, Örkényi Zoltán, Hettyey Attila, Bókony Veronika
7. PÁPUA ÚJ GUINEA UGRÓPÓKJAI
Takács-Vágó Hunor, Szűts Tamás

Halkórtan

8. MORPHOLOGY AND PHYLOGENY OF TWO CLOSELY RELATED MYXOZOAN PARASITE SPECIES: *MYXOBOLUS TIHANYENSIS* N. SP. AND *MYXOBOLUS SANDRAE* REUSS, 1906
Graciela Colunga-Ramírez, Nadhirah Syafiqah Suhaimi, Gábor Cech, Kálmán Molnár, Csaba Székely, Boglárka Selleyi

9. HALPATOGÉN ÉS IKRAKÁROSÍTÓ VÍZI PENÉSZEK (OOMYCOTA) FAJI DIVERZITÁSÁNAK, PATOGENITÁSÁNAK VIZSGÁLATÁT ÉS AZ ELLENÜK VALÓ VÉDEKEZÉS KIDOLGOZÁSÁT CÉLZÓ KUTATÁS EDDIGI EREDMÉNYEI
Eszterbauer Edit, Hardy Tímea, Erdei Noémi, Sipos Dóra, Verebélyi Viktória, Kovács Antónia, Renkó Evelin, Kaján Győző, Zsigmond Gergely, Rigler Eszter
10. AFRIKAI HARCSA (*CLARIAS GARIEPINUS*) ELHULLÁSA RECIRKULÁCIÓS AKVAKULTÚRÁBAN (ESETTANULMÁNY)
Matuz Vanessza, Keszöcze Anikó, Sugatagi Andrea, Lőrincz Anna, Jánosi Szilárd, Kosztolányi Orsolya, Dobó Zoltán
11. EXPLORATION OF ACTINOSPORES AND MYXOSPORES (MYXOZOA) IN THE FRESHWATER ECOSYSTEMS OF TERENGGANU, MALAYSIA: A PRELIMINARY STUDY
Nadhirah Syafiqah Suhaimi, Muhammad Hafiz Borkhanuddin, Boglárka Sellyei, Gábor Cech, Csaba Székely

ÁTE, Parazitológiai és Állattani Tanszék¹

Parazitológia

HUN-REN-ÁTE Klímaváltozás: Új Vérszívó Paraziták és *Vector-borne* Kórokozók

Kutatócsoport²

Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület³

Együttműködő Intézmények

*keve.gergo@univet.hu

MADÁRKULLANCSLEGYEK (ORNITHOMYINAE) VIZSGÁLATA ÉS EGY AFRIKAI FAJUK (*ORNITHOCTONA LATICORNIS*) ELSŐ EURÓPAI MEGJELENÉSE

Keve Gergő^{1,2*}, Csörgő Tibor³, Kováts Dávid³, Benke Anikó³, Bende Attila, Ágoston Hunor, Mórocz Attila³, Németh Ákos³, Tamás Enikő Anna³, Huber Attila³, Gyurácz József³, Keve Gábor, Kontschán Jenő, Németh Anna¹, Hornok Sándor^{1,2}

A kullancslegyek (Insecta: Hippoboscidae) egy vérszívó parazitákból álló család, melynek tagjai főként madarakon és emlősökön táplálkoznak. Állatorvosi szerepük jelentős, elvégre fájdalmas csípésük, zavaró jelenlétük mellett számos kórokozót hordozhatnak, például *Trypanosoma*- és *Babesia*-fajokat, vagy akár a Nyugat-nílusi láz vírusát. A madarakon táplálkozó külső élősködők vizsgálata kiemelt jelentőségű, mivel a madarak kontinenseket átívelő vándorlása miatt ezek a paraziták Európában akár Afrika irányából is megjelenhetnek.

A vizsgálat célja a 2015 és 2022 között Ócsán, illetve a 2022-ben Fenékpusztán, Dávodon, Tömördön, Szalonnán, a Kolon-tavon és a Lajta-Hanságon madarokról gyűjtött kullancslegyek morfológiai és molekuláris azonosítása, illetve a parazita-gazda kapcsolatok közötti esetleges trendek felismerése volt.

A mintagyűjtést a Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület tagjai, illetve vadászok is segítették. A mintákat morfológiai határozókulcsok segítségével, valamint molekulárisan is azonosítottuk.

A vizsgálat során összesen 237 db kullancslegyet távolítottak el madarokról, illetve a gyűrűzőhelyek környezetéből. Ezek a paraziták hat különböző fajba tartoztak: *Ornithomya avicularia* (n=168), *Ornithomya biloba* (n=23), *Ornithomya fringillina* (n=17), *Ornithomya chloropus* (n=3), *Ornithoica turdi* (n=24) és *Ornithoictona laticornis* (n=1). Az utóbbi példányt egy kék cinegéről távolították el, 2016 októberében. Statisztikai vizsgálataink bizonyították, hogy az *O. avicularia*, *O. fringillina* és az *O. turdi* esetében a gazdaválasztást befolyásolja annak vonulási szokása, élőhelye, valamint a táplálkozási helye is. Jelentős eltérést találtunk az egyes fajok temporális eloszlásában is, a legnagyobb számban jelenlévő *O. avicularia* volt az egyetlen faj, amely tavasszal és nyár elején is táplálkozott az általunk befogott madarakon. Eredményeink szerint az Ornithomyinae alcsalád filogenetikailag nem egységes, taxonómiai revízióra szorul.

A legjobb tudomásunk szerint, ez az első alkalom, amikor az afrikai előfordulású *O. laticornis* fajt Európában bárki azonosította. Ellenére annak, hogy a rendelkezésünkre álló eddigi információk nem alkalmasak messzemenő következtetések levonására, a tény, hogy az általunk talált példány egy rezidens madáron (kék cinege) táplálkozott, valószínűsíti, hogy egy vonuló madáron érkezett az országba, majd gazdaváltás történt. Ez egyben bizonyíték arra is, hogy ez a faj képes túlélni az európai viszonyokat nem csak nyáron, de ősszel is.

Kutatásunkat a TKI 1500107 sz. Kutatócsoport támogatta.

HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet, Budapest¹

Parazitológia, Halkórtan, Állattan

NÉBIH ÁDI Virologiai Laboratórium²

Állatorvostudományi Egyetem, Budapest³

Poultry-Care Kft., Újszász⁴

AgriAL Bt⁵

*kovacs.dorottya@vmri.hun-ren.hu

BAROMFI KÓROKOZÓK MONITOROZÁSA BAROMFITELEPEKRŐL GYŰJTÖTT ALOMBOGÁR (*ALPHITOBIUS DIAPERINUS*) ÉS MADÁRTETŰATKA (*DERMANYSSUS GALLINAE*) MINTÁKBÓL: ELŐZETES EREDMÉNYEK

Kovács Dorottya¹ *, Kaján Győző¹, Buni Dominika¹, Ursu Krisztina², Kovács László^{3,4}, Körösi László⁵, Szmolka Ama¹, Eszterbauer Edit¹

Az alombogár (*Alphitobius diaperinus*) a baromfitelepek egyik legelterjedtebb kártevője. A madarak a rovart gyakran fogyasztják, ezért is fontos vektor szerepük vizsgálata. A madártetűatka (*Dermanyssus gallinae*) világszerte elterjedt obligát vérszívó parazita, súlyos fertőzöttsége esetén akár elhullást is okozhat a baromfiállományokban. Szerepet játszhat különböző kórokozók terjesztésében, valamint zoonotikus szerepe sem elhanyagolható. A fenti kártevők hozzájárulhatnak vírusok (fertőző bronchitis vírus – IBV, madárinfluenza), baktériumok (*Salmonella enterica*, *Staphylococcus* spp., *Pasteurella multocida*) és egysejtű kórokozók (*Plasmodium*, *Haemoproteus*, *Eimeria* spp.) terjesztéséhez. Ezek ismeretében kutatásunk célja az alombogár és a madártetűatka feltételezett vektor szerepének vizsgálata volt a hazai nagyüzemi baromfityezésben.

Munkánk során magyarországi, elsősorban nagyüzemi tartású baromfitelepekről gyűjtött mintákkal dolgoztunk. Madártetűatkák gyűjtését saját fejlesztésű csapdával végeztük, amelyeket az istállók több pontjára a telepek munkatársai segítségével helyeztünk ki, és átlagosan egy hét elteltével gyűjtöttünk be. Az alombogár mintákat többségében a turnusváltást követő istállótakarítás alkalmával gyűjtöttük. A begyűjtött mintákat a molekuláris vizsgálatok elvégzéséig -20°C-on tároltuk. A madártetűatka-csapdák tartalmát egyben kezeltük, míg az alombogár mintákból 4 db-os pool-okat készítettünk. Nukleinsav feltáráshoz a mintákat PBS pufferben homogenizáltuk és a felülúszót használtunk IndiSpin Pathogen kittel történő nukleinsav kivonáshoz. Ezt követően az egyes baromfipatógén vírusok (adeno-, circovírus, IBV és madárinfluenza), baktériumok (*Salmonella* spp., *Mycoplasma synoviae* és *M. gallisepticum*) és parazita (*Histomonas meleagridis*) jelenlétét kórokozó-specifikus PCR rendszerekkel vizsgáltuk. A pozitív PCR eredményeket Sanger DNS szekvenálással igazoltuk.

Az eddig vizsgált alombogár mintákban egy tyúk aviadenovírus C fajba sorolható törzset és a pulyka adenovírus 3 örökítőanyagát azonosítottuk. Madártetűatka mintákból a madártetűatka-asszociált cyclovírus 1 típusát, míg alombogár mintákból kacsasszociált cyclovírus 1 típust mutattunk ki több esetben. Az IBV kis számban, de mind madártetűatka és mind alombogár mintákban előfordult. Az általunk fejlesztett *Salmonella enterica*-specifikus, semi-nested PCR rendszerrel a *S. enterica* subsp. *enterica* két szerovárja volt kimutatható több alombogár és madártetűatka mintában. Figyelemfelkeltő és további megerősítést igényel, hogy több madártetűatka mintában *Histomonas meleagridis*, a fertőző vakbél- és májgyulladást okozó egysejtű parazita jelenlétét mutattuk ki. Emellett minden eddig vizsgált minta negatívnak bizonyult madárinfluenza vírusra, továbbá *M. synoviae* és *M. gallisepticum* baktériumok jelenléte sem volt kimutatható. Az előzetes eredmények azt mutatják, hogy az alombogár és a madártetűatka több baromfipatógén örökítőanyagát is hordozhatja, ezért járványtani szerepük mélyrehatóbb vizsgálata szükséges. A felmérés további baromfi kórokozók vizsgálatával, újabb minták bevonásával folytatódik. A kutatás a TKP2021-EGA-01 projekt támogatásával valósult meg.

ÁTE Állatorvostudományi Egyetem, Parazitológiai és Állattani Tanszék¹ Parazitológia
Pannon Egyetem, HUN-REN-PE Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport²
Pannon Egyetem, Természettudományi Központ, Viselkedésökológia Kutatócsoport³
BirdLife Magyarország⁴
Prágai Károly Egyetem, Ökológiai Tanszék⁵
Budapest, Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet⁶
Széchenyi István Egyetem Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar, Növénytudományi
Tanszék⁷
HUN-REN-ÁTE „Klímaváltozás: Új Vérszívó Paraziták és Vector-borne Kórokozók
Kutatócsoport⁸

MADARAK KULLANCSFERTŐZÖTTségÉNEK VIZSGÁLATA

Pitó Andor^{1,4}, Bukor Boglárka^{2,3}, Győrig Előd⁴, Vojtěch Brlík⁵, Kontschán Jenő^{6,7}, Keve Gergő^{1,8}, Takács Nóra^{1,8}, Hornok Sándor^{1,8}

A madarak kullancsfertőzöttségének vizsgálata hazánkban több évtizedes múltra tekint vissza. Célunk az újabb felméréssel az volt, hogy az ország eddig kevésbé vizsgált területeiről, főleg az Északnyugat-Dunántúlról is nyerjünk adatokat, új kullancs-gazda kapcsolatokat tárjunk fel, és eddig kevésbé ismert tényezőket vizsgáljunk (például a vízi és ragadozó madarak jelentősége vagy a kullancsok predilekciós helyének összefüggései).

Ehhez a kullancsokat madárgyűrés során távolítottuk el. A madarakat fajtól függően függőnyhálával, varsával vagy kézzel fogtuk be hazánk 19 helyén, de cseh kollégánk révén Európa öt további országából is kaptunk mintákat. A kullancsok faji meghatározását standard kulcsok szerint morfológiai alapon végeztük, de két esetben molekuláris adatokra is szükség volt ehhez. Utóbbi esetben DNS kivonást követően a citokróm c oxidáz I-es alegységet kódoló (cox1) génszakasz, továbbá a 16S rRNS gén szekvenciáit hasonlítottuk össze génbanki adatokkal.

Összesen 126 madárfaj, 11 919 egyedét vizsgáltuk meg 2021. március és 2023. augusztusa között. Negyven madárfaj 353 egyedéből 905 kullancsot gyűjtöttünk ebben az időszakban. Magyarországra 17 új kullancs-gazda kapcsolatot állapítottunk meg, de ezek egy része Európára nézve is új volt. Az egyik, a hansági Fehér-tó közelében gyűjtött kullancs, amely madarakon nagyon ritkán fordul elő, a molekuláris vizsgálatokkal is *Dermacentor reticulatus*-nak bizonyult, mivel a 16S rRNS 100%-os egyezést mutatott spanyolországi és lengyelországi génbanki szekvenciákkal. Egy Litvániában gyűjtött kullancsot *Ixodes apronophorus*-nak határoztunk, majd a PCR vizsgálat is azonos eredményt hozott. A cox1 gén szekvenciája egy nyugat-szibériai mintával mutatott 100%-os egyezést, míg a 16S rRNS gén három, ugyanonnan származó mintával egyezett 100%-ban. Összefüggést találtunk a kullancsgazda madárfajokra jellemző élőhely és az őket fertőző kullancsok faji összetétele között, továbbá elsőként mutattuk ki, hogy a madarak élőhelye szerint eltérő lehet a rajtuk élősködő kullancsok predilekciós helye.

A vizsgálat során ismét igazolást nyert, hogy a madarak nem csak az észak-déli irányú vonulásukkal tudják a kullancsokat és az általuk közvetített kórokozókat terjeszteni, de a kelet-nyugati vonulás miatti génáramlásnak is óriási jelentősége van. Ennek igazolása további kelet-nyugati irányú vonulást folytató fajok vizsgálatát teszi szükségessé a jövőben.

Kutatásunkat a TKI 1500107 sz. Kutatócsoport támogatta.

DENEVÉRSPECIFIKUS KULLANCSOK TÁPLÁLÉKSPEKTRUMÁNAK ÉS KÓROKOZÓ DIVERZITÁSÁNAK FELTÁRÁSA MOLEKULÁRIS MÓDSZEREKKEL

Szentiványi Tamara^{1*}, Takács Nóra, Sándor Attila D., Péter Áron, Boldogh Sándor A., Kovács Dávid, Foster Jeffrey T., Estók Péter, Hornok Sándor

Számos potenciálisan zoonotikus kórokozó jelenléte ismert denevérspecifikus kullancsokból, mint például *Bartonella* spp., *Rickettsia* spp., és *Borrelia* spp. A kullancsok vektoriális szerepe, valamint más gazdacsoportokon való táplálkozásuk gyakorisága azonban kevésbé ismert. Egyre több tanulmány mutatja, hogy a denevérspecifikus kullancsok időnként más gazdákon is táplálkozhatnak, akár emberen is.

Az alábbi munka során, célunk az volt, hogy feltárjuk a denevérspecifikus kullancsok táplálkozási mintázatait, illetve a bennük található kórokozók spektrumát.

Molekuláris vérminta elemzést alkalmaztunk kullancsokban található gazda DNS detektálására, ideértve az *Ixodes ariadnae* (n = 11), *I. simplex* (n = 9) és *I. vespertilionis* (n = 141) fajokat, melyeket barlangokban és bányákban gyűjtöttünk Magyarországon és Romániában. Összesen 87 nőstény kullancsot, kilenc nimfát, egy lárvét és 64 hímét teszteltünk.

A minták 78%-ában észleltük gerinces gazdák DNS-ének jelenlétét. Az *I. ariadnae* egyedekben a horgasszőrű denevér (*Myotis nattereri*) és a hegyesorrú denevér (*My. blythii*) DNS-e volt jelen; az *I. simplex*-ben a hosszúszárnyú denevért (*Miniopterus schreibersii*) találtuk, míg az *I. vespertilionis*-ban számos gazdafaj DNS-ét detektáltuk, beleértve a nagy patkósdenevért (*Rhinolophus ferrumequinum*), közönséges denevért (*My. myotis*), és a hosszúszárnyú denevért. Továbbá egyéb vadon élő és házasított emlősfajok DNS-ének jelenlétét is kimutattuk *I. vespertilionis*-ban, többek között nagy pele (*Glis glis*) és kutya (*Canis lupus familiaris*) DNS-ét. Mindkét ivarban észlelhető volt egyes gazdák DNS jelenléte. A bakteriális kórokozó-szűrés a *Rickettsia* spp. és az Anaplasmataceae jelenlétét mutatta ki, míg minden minta negatív volt a *Borrelia burgdorferi* s.l. fajokra nézve.

Eredményeink arra utalnak, hogy a denevérspecifikus kullancsok szélesebb gazda spektrummal rendelkezhetnek, mint azt korábban gondoltuk, és különféle számos bakteriális kórokozót is hordozhatnak. Kórokozó terjesztő szerepük jelentős lehet denevérgazdákon kívül is, ezért állat- és közegészségügyi szempontból is újra kell értékelni fontosságukat.

Kutatásunkat az EWDA (European Wildlife Disease Association), a SNF (Swiss National Foundation, P500PB_206888, TS) és a TKI 1500107 sz. Kutatócsoport támogatta. PÁ az „OTKA” Posztdoktori kiválósági program támogatásában részesül (PD 143382).

ÁTE, Parazitológiai és Állattani Tanszék¹ Parazitológia
HUN-REN-ÁTE Klímaváltozás: Új Vérszívó Paraziták és *Vector-borne* Kórokozók
Kutatócsoport²
ANP, Természetmegőrzési Osztály³
Petcity Állatorvosi Rendelő⁴
ÁTE, Belgyógyászati Tanszék és Klinika⁵
HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont Növényvédelmi Intézet⁶
ANP, Természetvédelmi Őrszolgálati Csoport⁷
[*tuska-szalay.barbara@univet.hu](mailto:tuska-szalay.barbara@univet.hu)

KUTYÁK ÉS MACSKÁK TRICHOMONADIDAE FAJAINAK MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATA

Tuska-Szalay Barbara^{1*}, Julia Gilbert¹, Takács Nóra^{1,2}, Boldogh Sándor András³ Fáy József⁴, Sterczer Ágnes⁵, Psáder Roland⁵, Kontschán Jenő⁶, Izsó Ádám⁷, Hornok Sándor^{1,2}

A társállatok számos klinikailag és kórtanilag jelentős parazitával fertőződhetnek, melyek közül a *Trichomonas*-fajok a szájüreg és a gyomor-bélrendszer nyálkahártyáján élő ostoros egysejtűek. Macskákban a trichomonózis az egyik leggyakoribb és egyben legaggasztóbb bélrendszeri parazitás fertőzés. Ennek kórokozója leggyakrabban a *Tritrichomonas foetus*. A fertőzöttség lehet tünetmentes, azonban enyhébb hasmenésen át akár súlyos bélrendszeri tüneteket is okozhat. Gyógykezelés hiányában a fertőzöttség akár évekig fennállhat, folyamatos testsúlycsökkenést okozva. Mind kutyák, mind macskák a *T. foetus* mellett *Pentatrichomonas hominis* fajjal is megfertőződhetnek, melyre eredetileg a gyomor-bélrendszer kommenzalistájaként tekintettek. Később potenciálisan zoonotikus parazitaként azonosították, mivel az emberekben szintén hasmenéses tüneteket tud okozni.

Hazai adatok hiányában kutatásunk célja a kutyákban és macskákban előforduló *Trichomonas*-fajok meghatározása volt Magyarország területén. Ennek érdekében 24 kutyától és 99 macskától gyűjtöttünk szájtampon-, végbéltampon-, és/vagy friss bélsármintákat. Ezen felül, öt vadmacskát is megvizsgáltunk. A DNS kivonást követően, a mintákat a 18S RNS gént és az ITS gént célzó PCR vizsgálatnak vetettük alá.

A levett minták alapján a vadmacskákban nem volt igazolható a *Trichomonas*-fajok jelenléte, azonban négy kutya és 13 házimacska (13,2%) pozitív volt *T. foetus*-ra, valamint kettő macska (1,6%) *Pentatrichomonas hominis*-ra. Az egyik házimacska végbéltampon mintájában egy genetikailag eltérő *Tritrichomonas*-fajt is találtunk, amely valószínűleg tudományra új fajt képvisel. A fertőzött állatok közül 12 (60%) mutatott klinikai tüneteket, mint például hasmenést, azonban eltérő fajú protozoonok együttes előfordulása egyik mintában sem volt igazolható. A vizsgálataink alapján elmondható, hogy a pozitív PCR mintákat tekintve nem volt különbség a mintavételi módszerek között.

Kutatásunk révén molekulárisan igazolni tudtuk a *T. foetus* és a zoonotikus potenciállal rendelkező *P. hominis* jelenlétét hazai kutya- és macskapopulációkban, valamint feltételezhetően egy rágcsáló eredetű új *Tritrichomonas* faj előfordulását is.

Kutatásunkat a TKI 1500107 sz. Kutatócsoport támogatta

A HŐTŰRÉS ÉS AZ IVARVÁLTÁS POPULÁCIÓS KÜLÖNBSÉGEI

Balogh Emese^{1*}, Ujszegi János², Ujhegyi Nikolett², Mikó Zsanett², Kásler Andrea², Szederkényi Márk², Örkényi Zoltán¹, Hettyey Attila², Bókony Veronika²

A természetes élőhelyek átalakítása világszerte a biológiai sokféleség csökkenésével jár együtt. A klímaváltozás miatt egyre gyakoribbá váló hőhullámok felerősödhetnek a városi hősziget effektus miatt, amely a városokat még melegebbé teszi, mint a nem városi élőhelyeket, és az okozott hőstressz akár letális is lehet. Továbbá, az egyedfejlődés kezdetén elszenvedett hőstressz számos ektoterm gerinces faj egyedeiben ivarváltást okozhat (pl. genetikailag nőstény egyedek fenotípusos hímekké fejlődnek). Ez kiegyensúlyozatlan ivararányt és a genetikai variabilitás csökkenését okozhatja, amely hosszú távon a populáció, vagy akár a faj fennmaradását is veszélyeztetheti. Ezek a klimatikus környezeti változások tehát olyan kihívások elé állítják a vadon élő állatokat, amelyek gyors fenotípusos és genetikai alkalmazkodást igényelnek. A városokban élő populációk fenotípusos plaszticitás vagy mikroevolúciós változások révén nagyobb hőtűrésre tehetnek szert. Az ilyen adaptációk elterjedtsége és kialakulásuk mechanizmusai azonban alig ismertek az ektoterm gerincesekben.

Kísérleteinkben azt vizsgáltuk, hogy a városi élőhelyeken élő erdei béka (*Rana dalmatina*) populációkban genetikailag rögzült módon megváltozott-e az ebihalak hőtűrése a magas vízhőmérséklet letális, illetve ivarváltást okozó hatásával szemben. Ehhez 3 meleg, városi és 3 hűvös, erdei tóból gyűjtöttünk be frissen lerakott petéket, és laboratóriumi körülmények között neveltük fel az állatokat. A hőtűrést 3 hetes ebihalakon becsültük a CT_{max} („critical thermal maximum”) mérésével, ami azt a maximális hőmérsékletet jelenti, amelyen az állatok képtelenné válnak motoros funkcióik koordinálására. Ezt a mérést elvégeztük a szabadban nevelkedett ebihalakon is. Az ivarváltásra való hajlam mérésére a laborban nevelt ebihalakat az ivarmeghatározás legérzékenyebb periódusában 6 napon keresztül 28 °C-os vízhőmérsékletnek tettük ki, míg a kontroll csoportot 19 °C-on tartottuk. Az átalakulás után 2 hónappal az ivarmirigyek morfológiája alapján megállapítottuk a fenotípusos ivart, a genetikai ivar detektálásához pedig DNS mintát vettünk.

Eredményeink szerint a városi tavakban szabadon fejlődő ebihalak CT_{max} értéke magasabb volt, mint az erdei tavakban élő társaiké, ez azonban a laboratóriumban felnevelt állatok esetében nem volt így. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy az ebihalak a városi hősziget hatásra fokozott hőség-tűréssel reagálhatnak, aminek az egyedi fenotípusos plaszticitás lehet a fő mechanizmusa. Az ivarváltásra való hajlam vizsgálata során azt találtuk, hogy a lárvakori hőhullám hatására a kisbékák között szignifikánsan magasabb volt a fenotípusos hímelek aránya függetlenül a származási élőhely típusától. Annak kiderítésére, hogy ez ivarváltás vagy ivarfüggő mortalitás révén következett-e be, a DNS izolálás befejezése után az ivarváltott egyedeket molekuláris módszerekkel fogjuk azonosítani.

A kutatás az NKFIH K-135016, a Normatív Kutatásfinanszírozási Bizottság és az ÚNKP-22-3-1 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Program szakmai támogatásával valósult meg.

PÁPUA ÚJ GUINEA UGRÓPÓKJAI

* Takács-Vágó Hunor¹, Szűts Tamás¹

Az eltűnő biodiverzitás kutatói krízissel egészült ki az elmúlt évtizedekben. Nemcsak a biológiai sokféleség tűnik el, de az azt tanulmányozó taxonómusok száma is jelentősen lecsökkent. A taxonómus-krízisnek (taxonomic impediment) hívott jelenség hatalmas, leküzdhetetlennek tűnő akadályt képez Földünk élővilágának megismerésében. A különböző taxonok további megismerése, eleve számos probléma elé állítja a szakembereket, és a klasszikus, trópusokon jól vizsgálható ökológiai, biogeográfiai és evolúciós kutatások egyre nehezebben kivitelezhetőek az ilyen tanulmányok hiánya miatt. Talán az egyik legutolsó megmaradt vadon, ahol a habitatvesztés még kevésbé érezteti a hatását, tehát számos felfedezni valót kínál az Új Guinea szigete. A gerinces endemizmusok nagy számát csak az ízeltlábúaké múlja felül. Mivel a pókok csoportja a negyedik legnagyobb fajszerű szárazföldi taxon, ezen belül a legfajgazdagabb pókcsalád, az ugrópókoké több, mint 6000 fajt számlál, jó kutatási témának ígérkezik. A szigeten mintegy 400 fajról tud a tudomány, de a család kutatásának időszerűségét jelzi, hogy ebből mintegy 100-t csak az elmúlt évtizedben írtak le. A sziget kutatásának több magyar vonatkozása is van Bíró Lajos (XIX sz. vége), Szombathy Kálmán, mellett Balogh János és Balogh Péter, majd Szűts Tamás foglalkozott pápuai új-guineai póktaxonómiával. Kutatásom célja, Új-Guinea ökológiai, evolúciós kutatásainak lehetővé tevő taxonómiai alapok megteremtése, valamint olyan taxonómiai problémák megoldása, amelyek más kutatások pontos lefolytatását akadályozzák. Az egyik ilyen probléma saját MSc diplomamunkám, ahol különböző *Bathippus* és *Canama* fajok szexuális csáprágódimorfizmusát kutattam. Eredményeim elemzése során többféleképpen értelmezhettem azokat attól függően, mely egyedeket tekintettem egy fajba tartozónak.

A különböző gyűjtésekből származó, alkoholban tartósított példányokat a Magyar Természettudományi Múzeum a rendelkezésünkre bocsájtotta, ezen kívül érkeztek hozzánk példányok külföldi múzeumokból is. A taxonómiai munkához ugyanis elengedhetetlen a fajok típuspéldányainak vizsgálata. A konzervált egyedekről sztereomikroszkóp-fényképezőgép rendszerek segítségével jó minőségű, multifokális képeket készítünk, majd ezekről a képekről ImageJ program segítségével elvégezzük a szükséges, taxonómiában is alkalmazott méréseket. Ezek alapján pedig elkészítjük a fajleírásokat, amelyeket publikálunk. Eddig nagyjából 20 tudományra új fajt sikerült felfedeznünk több különböző nemzetségből, Új Guinea szigetéről. Ezek folyamatos feldolgozása jelenleg is zajlik.

Az eredmények alapján nyilvánvaló, hogy a kezdeti fajszerű jelentős alábecslés eredménye. Az eddig 1 fajnak gondolt taxonok bizonyíthatóan több reprodukciós izoláció eredményei.

Köszönettel tartozunk a Magyar Természettudományi Múzeumnak és Lazányi Eszternek (Talajtani gyűjtemény, MTTM) a példányok kölcsönzéséért, az Állatorvostudományi Egyetem Zoológiai Tanszékének, a munkahely biztosításáért, az Állatorvostudományi Egyetem Doktori Iskolának, a kutatási keret biztosításáért. Köszönet jár továbbá mindenkinek, aki támogat a munkánkban.

MORPHOLOGY AND PHYLOGENY OF TWO CLOSELY RELATED MYXOZOAN PARASITE SPECIES: *MYXOBOLUS TIHANYENSIS* N. SP. AND *MYXOBOLUS SANDRAE* REUSS, 1906

Graciela Colunga-Ramírez^{1,2*}, Nadhirah Syafiqah Suhaimi^{1,2}, Gábor Cech¹, Kálmán Molnár¹, Csaba Székely¹, Boglárka Sellyei¹

The phylum Myxozoan harbours the genus *Myxobolus* Bütschli, 1882, one of the most species-rich genera in the group of metazoan parasites, infecting a wide variety of fishes. *Myxobolus* species have traditionally been classified based on morphological characteristics, mainly of spores and plasmodia, as well as the host and organ and/or tissue specificity. Although spore morphology is crucial for classification and identification, morphological convergences are not uncommon. The first morphological description of *M. sandrae* Reuss, 1906 was reported in the muscles of pikeperch, *Sander lucioperca*, without any apparent damage in the fish. Later, this species was found to be pathogen causing severe damage to the caudal nerves and abnormal curvature of the vertebral column of the European perch, *Perca fluviatilis*.

In the Laboratory of Fish Pathology and Parasitology at the Veterinary Medical Research Institute (HUN-REN VMRI), during the routine parasitological examination of European perch collected in Lake Balaton, we detected plasmodia in the musculature near the base of fin rays, as well as in the vicinity of the vertebral column and the buccal cavity. Based on morphology and tissue specificity, the myxospores were remarkably similar to those of *M. sandrae* but differed at the molecular level. Therefore, to clarify the contradictions and establish the validity of a new *Myxobolus* species (*M. tihanyensis* n. sp.), taxonomic and molecular data were collected and compared with the existing descriptions of *M. sandrae*. The investigation also incorporated samples from infected muscles of *S. lucioperca* and *S. volgensis* collected in Lake Balaton in 1996 and 2005. In the European perch, plasmodia were found mainly in the muscles adjacent to the fins and vertebrae. According to previous descriptions in the literature, the morphological data of collected myxospores overlapped with those of *M. sandrae*. and the new taxonomic data described here. However, the phylogenetic analysis separated *M. sandrae* as a sister clade of the *Myxobolus* species from European perch, with a significant percentage of genetic divergence. Despite the morphological similarity, it supports that the latter is a novel species, *M. tihanyensis* n. sp.

Acknowledgements: This project has received funding from the Stipendium Hungaricum Program. The authors thank Gergely Zöldi for fish collection and maintenance and Györgyi Pataki and Gregory Arjona for the histological slides.

¹HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet, Budapest Parazitológia, Állattan, Halkórtan

²Eötvös Lóránd Tudományegyetem, Budapest

³Állatorvostudományi Egyetem, Budapest

*eszterbauer.edit@vmri.hun-ren.hu

HALPATOGEN ÉS IKRAKÁROSÍTÓ VÍZI PENÉSZEK (OOMYCOTA) FAJI DIVERZITÁSÁNAK, PATOGENITÁSÁNAK VIZSGÁLATÁT ÉS AZ ELLENÜK VALÓ VÉDEKEZÉS KIDOLGOZÁSÁT CÉLZÓ KUTATÁS EDDIGI EREDMÉNYEI

Eszterbauer Edit^{1,*}, Hardy Tímea¹, Erdei Noémi¹, Sipos Dóra¹, Verebélyi Viktória¹, Kovács Antónia², Renkó Evelin³, Kaján Győző¹, Zsigmond Gergely¹, Rigler Eszter¹

A petespórás gombák (Oomycota) közé tartozó halpenészek világszerte szinte minden édesvízi élőhelyen jelen vannak. A patogén *Saprolegnia* fajok számottevő veszteséget okoznak a halgazdaságokban a halikrák és halak károsításával. Korábban a saprolegniosis-t sikeresen kezelték malachitzöld-oxaláttal, azonban ennek étkezési célra szánt halakon történő használatát a fejlett országok nagyrészt már betiltották. A halpenészekkel kapcsolatos vizsgálatok aktualitását főként a környezetbarát kezelési eljárás kidolgozásának szükségessége adja. Emellett a hazánkban előforduló halpenész fajok elterjedéséről és járványtanilag releváns tulajdonságairól sem voltak adatok; a halpenész fajokkal kapcsolatos vizsgálatról utoljára több mint 40 éve jelent meg hazai tanulmány (Oláh és Farkas, 1979). Mindezek indukálták a jelenleg is zajló alapkutatási projektünket, amelynek elsődleges célja, hogy átfogó képet kapjunk a *Saprolegnia* fajok diverzitásáról, patogenitásuk természetéről és a különféle fajok környezeti preferenciáiról.

A munka során tucatnyi hazai halgazdaságban eddig több mint 250 *Saprolegnia* törzset izoláltunk hal- és ikrámintákból, valamint vízből és keltetőedények biofilm bevonatáról. Az azonosított nyolc *Saprolegnia* és két közelrokon *Leptolegnia* faj diverzitását, genetikai variabilitását és rokonsági viszonyait az ITS régiók DNS szekvenciái alapján vizsgáltuk. Felmérő vizsgálatunk során egy, a tudomány számára új *Saprolegnia* fajt is izoláltunk és jellemeztünk, aminek leírása már az utolsó fázisban van. Az izolált *Saprolegnia* törzsek folyamatos átoltás okozta fenotípusos és patogenitásbeli változásainak kiküszöbölése érdekében kidolgoztunk egy ultrafagyasztásos archiválási módszert, amely lehetővé tette törzsgyűjtemény létrehozását is. A legismertebb halpatogén faj, a *Saprolegnia parasitica* morfológiai változékonyságát és különböző mértékű patogenitását *in vitro* és *in vivo* kísérletekben vizsgáltuk. Az *S. parasitica* három morfotípusát különböztettük meg a zoosporangiumok és gemmák száma, a gemma-láncok kialakulása és a zoospóra termelés alapján. Ezenkívül kidolgoztunk egy módszert a zoospórák *in vitro* dúsítására. Ezt az eredményt felhasználva vált lehetővé a halpenészek patogenitásának *in vivo* vizsgálata, amelynek során aranypisztráng ikrákat fertőztünk különféle *S. parasitica* törzsek zoospóráival. Eredményeink rávilágítottak arra, hogy akár a teljesen azonos ITS–rDNS-szekvenciájú *S. parasitica* törzsek is jelentősen különbözhetnek virulencia tekintetében.

A kutatás a saprolegniosis elleni biológiai védekezés lehetőségeinek vizsgálatával folytatódik. Eddig hét olyan környezeti baktérium faj közel 30 törzsét azonosítottuk, amelyek *in vitro* körülmények között hatékonyan gátolják a vízi penész hifák növekedését. Gátlási aktivitásuk jellemzése mellett patogenitás-vizsgálatuk is folyamatban van.

Anyagi támogatás: Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal K141889 sz. pályázata.

NÉBIH ÉLI, Parazitológiai, Hal- és Méhbetegségek NRO¹
NÉBIH ÉLI, NDNRL Vízélettani és Ökotoxikológiai Részleg²
NÉBIH ÉLI, Analitikai Nemzeti Referencia Laboratórium³
NÉBIH ÁDI, Bakteriológiai Osztály⁴
Pelso-Vet Bt.⁵
[*matuzv@nebih.gov.hu](mailto:matuzv@nebih.gov.hu)

Halkórtan

AFRIKAI HARCSA (*CLARIAS GARIEPINUS*) ELHULLÁSA RECIRKULÁCIÓS AKVAKULTÚRÁBAN (ESETTANULMÁNY)

Matuz Vanessa^{1*}, Keszöcze Anikó¹, Sugatagi Andrea², Lőrincz Anna³, Jánosi Szilárd⁴, Kosztolányi Orsolya⁵, Dobó Zoltán²

Bejelentés és minta érkezett laboratóriumaink felé egy recirkulációs rendszerű akvakultúrában történt nagyarányú afrikai harcsa elhullásról. Az eset előtt nem sokkal takarmányváltás történt az érintett telepen. Az afrikai harcsa népszerű és elterjedt faj a hazai akvakultúrákban. Melegvízi hal, alapvetően jól tűri az alacsony oxigénszintet és a rossz vízminőséget, köszönhetően járulékos légzőszervének, amellyel a levegőből is képes oxigént felvenni.

Vizsgálataink célja volt az elhullás okának feltárása. Ennek érdekében végeztünk az elhullott halak tetemeiből halegészségügyi vizsgálatokat, bakteriológiát, parazitológiát és molekuláris biológiai módszerekkel víruskimutatást is belefoglalva. Mivel az elhullások nemcsak kórokozók, hanem a vízminőség vagy a takarmány is okozhatja, ezért ezen tényezők is vizsgálat alá kerültek.

A halegészségügyi vizsgálatok közül a bakteriológia Nahar és mtsai (2016) módszere alapján készült. A vírusok kimutatása real-time PCR-rel történt, az EHNK esetén OIE Manual of Diagnostic Tests for Aquatic Animals (2022). Chapter 2.3.2. alapján, a herpesvírus vizsgálata során VanDevanter és mtsai (1996) módszere alapján készült. A táp összetételének vizsgálata különféle toxinok szűrésére a MSZ EN ISO 6498:2012; 152/2009/EK III. melléklet A.; MSZ EN 17194:2020; EPA Method 6010C:2007 és MSZ EN 15550:2017 módszerek alapján történt. A vízparaméterek vizsgálata MSZ EN ISO 5814:2013*; MSZ EN 27888:1998*; MSZ 1484-22:2009*; MSZ 448-11:1986 5. fejezet*; MSZ 448-21:1986 3. fejezet*; NANOCOLOR® Sulphide 918.88*; MSZ ISO 7150-1:1992*; NANOCOLOR® Nitrit 918.67*; NANOCOLOR® Nitrat 918.65*; NANOCOLOR® o-Phosphate 918.77* és MSZ 12750-21:1971* módszerek protokollja alapján készült.

A takarmány vizsgálata során határérték feletti toxin nem volt kimutatható. Halkórtani vizsgálatok közül a PCR negatív eredményre vezetett, a bakteriológia *Aeromonas spp.* baktériumot mutatott ki a halak veséjéből. A vízparaméter vizsgálatok halakra már erősen ártalmas értékeket mértek. A nitrit-, nitrát-, foszfát-ion tartalom jóval meghaladta a megengedett felső határértéket, míg az oldott oxigén sokkal az alsó határérték alatt volt. Valószínűleg a baktérium és vízkémiai jellemzők együttesen okozták az elhullást, miután a víz rossz minősége által okozott stressz legyengítette a halak immunrendszerét is.

Jelen eset jól mutatja, hogy még a szívós halfajok is áldozatául eshetnek a vízminőség leromlásának. Recirkulációs rendszerekben könnyen felboríthatja a víz kémiai egyensúlyát az el nem fogyasztott feloldódó takarmány.

EXPLORATION OF ACTINOSPORES AND MYXOSPORES (MYXOZOA) IN THE FRESHWATER ECOSYSTEMS OF TERENGGANU, MALAYSIA: A PRELIMINARY STUDY

*Nadhirah Syafiqah Suhaimi, Muhammad Hafiz Borkhanuddin, Boglárka Sellyei, Gábor Cech, Csaba Székely

Myxozoans are microscopic parasites belonging to the phylum Cnidaria, have been the subject of limited documentation in Malaysia with only 28 species identified in Malaysian fishes. The exploration of actinospores stages and their oligochaete hosts remains an undiscovered topic. This study presents preliminary data on the diversity of myxozoan fauna in the freshwater habitat of Terengganu, Malaysia.

In July 2023, sediment containing oligochaetes was collected near the vegetation along Tasik Telabak and transported to the Marine Science Biodiversity laboratory, University Malaysia Terengganu. Oligochaetes were isolated in 48 cell-well plates filled with dechlorinated water, and inspected daily for actinospores using an inverted microscope. For the study of myxospores, live specimens from Sungai Tong, Setiu, and Sungai Kuala Berang, Hulu Terengganu, Terengganu were procured fortnightly from the local fish market between July and August 2023. Tissues and organs from these specimens underwent examination under dissecting and light microscopes. Detected actinospores and myxospores were further examined using a compound microscope and preserved in 90% ethanol. Infected worms and fish tissues were preserved in 10% formalin for subsequent histological analysis.

Out of 1312 examined oligochaetes, only 7% (9/1312) were found to be infected. Five actinospore types were identified from 3 collective groups namely triactinomyxon, raabeia and aurantiactinomyxon. Myxospore infection was discovered in 12 out of 14 fish species (n=47). Gill infections caused by *Myxobolus* spp., *Henneguya* spp., and *Thelohanellus* spp. were observed in 8 species, while muscular infections of *Myxobolus* spp. and *Henneguya* spp were recorded in 7 species. *Zschokkella* spp., and *Ceratomyxa* sp. were found in the gallbladder of 7 fish species, with *Thelohanellus* sp. detected in the caudal fin ray of a single fish species. Known myxozoans such as *Myxobolus dykova*, *Myxobolus leptobarbi*, *Thelohanellus zahrahae* and *Henneguya shaharini* were also identified.

These findings reveal a diverse range of myxozoan species in Malaysia indicating there are more of yet-to-be-described species. Future investigations will involve continued morphological, molecular, and histological analyses to identify species and diagnose diseases.

Acknowledgements: This project has received funding from the Stipendium Hungaricum Program. The authors express their gratitude to Hazim Sajiri and Muhammad Iqbal for their help in collection of oligochaetes. Additionally, the authors extend their thanks to the staff members of the Marine Science Biodiversity Laboratory at the Faculty of Science and Marine Environment, Universiti Malaysia Terengganu, for their assistance during the investigation.