

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA
ÁTE ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK
(2020. JANUÁR 20-23.)

PARAZITOLÓGIA
ÁLLATTAN
HALKÓRTAN

2019. évi 46. füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kolleganók és Kollegák!

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és az Állatorvostudományi Egyetem Állatorvostudományi Doktori Iskolája 2020. január 20-23. között tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló **Akadémiai Beszámoló**k ülésorozatot, amelyre idén 46. 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. A beszámoló füzetek anyaga az MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézet honlapján (http://aoti.agrar.mta.hu/mta_beszamolok) 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 Bizottság titkárához (magyar.tibor@agrar.mta.hu) egy-egy rövid, közérthető formában megírt, a szekció 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.

Gálfi Péter
MTA ÁTB elnöke

Sótonyi Péter
Rektor, TDK elnök

Vörös Károly
ÁODI elnöke

Magyar Tibor
MTA ÁTB titkára

MTA Állatorvos-tudományi Bizottság és az ÁTE Állatorvostudományi DI akadémiai beszámolóinak programja és szekcióbizottságai
(2020. január 20-23.)

A szekció megnevezése	A szekcióülés ideje	A szekcióülés helye	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
Élettan és biokémia Patológia Gyógyszertan és toxikológia Morfológia	I. 20. hétfő 8:30-	Tormay Béla előadóterem	Bartha Tibor Jerzsele Ákos Neogrády Zsuzsanna Sótonyi Péter	Farkas Orsolya Mátis Gábor	Csikó György Halasy Katalin Kutas Ferenc Rác Bence Zsarnovszky Attila
Élelmiszer-higiénia Állategészségügyi Igazgatás	I. 20. hétfő 8:30-	Marek József előadóterem	Laczay Péter Ózsvári László	Darnay Livia	Józwiak Ákos Kovács Sándor Lehel József, Szita Géza
Bakteriológia	I. 21. kedd 8:30-	Tormay Béla előadóterem	Fodor László Magyar Tibor	Kreizinger Zsuzsa	Hajtós István, Bernáth Sándor Gyuranecz Miklós Makrai László, Tenk Miklós, Tóth István
Viroológia Immunológia	I. 21. kedd 14:30-		Harrach Balázs Hornyák Ákos	Kaján Győző	Benkő Mária, Dán Ádám Pénzes Zoltán, Rusvai Miklós Soós Tibor, Zádori Zoltán
Állathigiénia Állattenyésztés Genetika Takarmányozástan	I. 22. szerda 14:00-	Tormay Béla előadóterem	Könyves László Szabó József	Bersényi András	Brydl Endre, Cseh Sándor Fekete Sándor, Gáspárdy András Jakab László Rafai Pál, Zöldág László
Parazitológia Állattan Halkórtan	I. 22. szerda 8:30-	Hetzel Henrik előadóterem	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	I. 23. csütörtök 8:30-	Tormay Béla előadóterem	Bodó Gábor Cseh Sándor Németh Tibor Vörös Károly	Bakos Zoltán Becker Zsolt Szelényi Zoltán	Biksi Imre, Gál János Szenci Ottó Vajdovich Péter

TARTALOMJEGYZÉK

Parazitológia

1. ÚJONNAN MEGJELENT HUMÁN ALVEOLÁRIS ECHINOCOCCOSIS MAGYARORSZÁGON (2003-2018): MULTICENTRIKUS, RETROSPEKTÍV ESETSOROZAT ELEMZÉS
Dezsényi Balázs, Dubóczki Zsolt, Strausz Tamás, Csulak Eszter, Czoma Veronika, Káposztás Zsolt, Fehérvári Mária, Somorácz Áron, Csilek András, Oláh Attila, Almási Kálmán, Patonai Attila, Görög Dénes, Széll Zoltán, Tolnai Zoltán, Sréter Tamás, Danka József, Herbert Auer, Beate Grüner, Thomas F.E. Barth, Adriano Casulli
2. GIARDIA ÉS CRYPTOSPORIDIUM A KELET-EURÓPAI RÉGIÓBAN – AZ „EGY EGÉSZSÉG” MEGKÖZELÍTÉS
Plutzer Judit
3. EGYÜTT TARTOTT SZAMÁR- ÉS LÓ-ÁLLOMÁNYOK BELSŐ ÉLŐSKÖDŐINEK NYOMON KÖVETÉSE ALKALMANKÉNTI IVERMEKTIN KEZELÉS MELLETT
Skultéti Enikő Mónika, Juhász Alexandra, Majoros Gábor
4. ÁLLATOK ÉS EMBEREK ÁLTAL LÁTOGATOTT HELYEKEN GYŰJTÖTT *IXODES RICINUS* METAGENOM-VIZSGÁLATA
Solymosi Norbert, Krikó Eszter, Gyurkovszky Mónika, Farkas Róbert
5. A GÓCOS TÜDŐFÉRGESSÉGET OKOZÓ PARAZITÁK SZEZONÁLIS DINAMIKÁJÁNAK TANULMÁNYOZÁSA A NYULAK PROTOSTRONGYLIDA FÉRGEIN, MINT MODELLEN
Szabó Dóra, Juhász Alexandra, Majoros Gábor
6. A VADON ÉLŐ VÖRÖS RÓKÁK ÜRÜLÉKÉBEN TALÁLHATÓ PARAZITÁK - KÜLÖNÖS TEKINTETTEL A ZOONÓZIST OKOZÓ FAJOKRA
Udvari Lilla, Juhász Alexandra, Majoros Gábor

Halkórtan

1. HALÉLŐSKÖDŐ NYÁLKASPÓRÁSOK (MYXOZOA, CNIDARIA) SZERIN PROTEÁZ INHIBITORAINAK GENETIKAI DIVERZITÁSA
Sipos Dóra, Kaján Győző, Szegő Dóra, Astrid S. Holzer, Pavla Bartošová-Sojtková, Eszterbauer Edit
2. DUNAI PONTYFÉLÉKBŐL IZOLÁLT *METAGONIMUS* METACERKÁRIÁK MORFOLÓGIAI ÉS MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATA
Sándor Diána, Molnár Kálmán, Varga Ádám, Székely Csaba, Cech Gábor
3. DESCRIPTION OF A NEW AND A KNOWN MYXOSPOREANS INFECTING *NOTOPTERUS NOTOPTERUS* IN THE SOUTH ASIAN REGION
Muhammad Hafiz Borkhanuddin, Urvashi Goswami, Gábor Cech, Kálmán Molnár, Csaba Székely

4. HAZAI TERMÉSZETES VÍZI HALAINKON ÉLŐSKÖDŐ TISZAI INGOLA INTENZÍV FERTŐZÖTTSEGE EGY *DERMOCYSTIDIUM* FAJVAL
Sellyei Boglárka, Cech Gábor, Varga Ádám, Molnár Kálmán, Székely Csaba, Somogyi Dóra, Nyeste Krisztián, Antal László
5. MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR STUDIES ON *THELOHANELLUS* SPP. INFECTING CYPRINID FISHES IN HUNGARY
Urvashi Goswami, Cech Gábor, Molnár Kálmán, Székely Csaba

Állattan

1. SZÉNCINEGE FIOKÁK IVARFÜGGŐ MORTALITÁSÁNAK VIZSGÁLATA KÜLÖNBÖZŐ TÍPUSÚ ÉLŐHELYEKEN
Dalvári Henriett Anna, Czikkelyné Ágh Nóra, Pipoly Ivett, Szabó Krisztián, Liker András
2. MÉHCSALÁDOK KOMPLEX EGÉSZSÉGÜGYI VIZSGÁLATA
Városi Dominika, Békési László, Farkas Róbert, Solymosi Norbert
3. MÉZELŐ MÉHEK BÉL-MIKROBIOMJÁNAK FELMÉRŐ VIZSGÁLATA HAZAI MÉHÉSZETEKBE
Krikó Eszter, Békési László, Farkas Róbert, Makrai László, Gyurkovszky Mónika, Solymosi Norbert
4. REPRODUKTÍV SZINKRÓNIA MÉRÉSE ROVARPOPULÁCIÓKBAN: ÚJ INDEXEK DEFINIÁLÁSA ÉS TESZTELÉSE VALÓS ÉS SZIMULÁLT JELÖLÉS- VISSZAFOGÁSOS ADATOKON
Váczy-Földi Máté, Kis János, Körösi Ádám, Kövér Szilvia
5. KIS APOLLÓ-LEPKÉK NEKTÁRFORRÁS-VÁLASZTÁSA
Vajna Flóra, Szigeti Viktor, Harnos Andrea, Kis János
6. A TESTMÉRET KAPCSOLATA A TÚLÉLÉSEL KIS APOLLÓ-LEPKÉNÉL
Zorkóczy Orsolya Krisztina, Körösi Ádám, Vajna Flóra, Szigeti Viktor, Kis János
7. ROKONELKERÜLÉS VIZSGÁLATA PARLAGI SASNÁL
Zsinka Bernadett, Kövér Szilvia, Vili Nóra

*dezsényi.balazs@dpckorhaz.hu

Országos Onkológiai Intézet, Budapest^{2,3}

Somogy Megyei Kaposi Mór Oktató Kórház, ^{4,5}

Jósa András Oktató Kórház, IV. Belgyógyászati Osztály, Nyíregyháza⁶

Semmelweis Egyetem, II. Patológiai Intézet, Budapest⁷

Borsod-Abaúj-Zemplén Megyei Központi Kórház és Egyetemi Oktató Kórház, Infektológia Osztály, Miskolc⁸

Petz Aladár Megyei Oktató Kórház, Győr ^{9,10}

Semmelweis Egyetem, Transzplantációs és Sebészeti Klinika, Budapest¹¹

NÉBIH, Parazitológiai, Hal- és Méhbetegségek Laboratóriuma, Budapest¹²

NNK, Parazitás betegségek Nemzeti Referencia Laboratóriuma¹³

Medical University Vienna, SPTM, Department of Medical Parasitology, Center of Pathophysiology, Infectiology and Immunology, Vienna, Austria¹⁴

University Clinics Ulm, Section of Clinical Immunology and Infectiology, Ulm, Germany¹⁵

Ulm University, Department of Pathology, Ulm, Germany¹⁶

WHO Collaborating Centre for the epidemiology, detection and control of cystic and alveolar echinococcosis (in animals and humans), Department of Infectious Diseases, Instituto Superiore di Sanita, Rome, Italy¹⁷

European Reference Laboratory for Parasites, Department of Infectious Diseases, Instituto Superiore di Sanita, Rome, Italy¹⁸

ÚJONNAN MEGJELENT HUMÁN ALVEOLÁRIS ECHINOCOCCOSIS MAGYARORSZÁGON (2003-2018): MULTICENTRIKUS, RETROSPEKTÍV ESETSOROZAT ELEMZÉS

Dezsényi Balázs^{1*}, Dubóczki Zsolt², Strausz Tamás³, Csulak Eszter⁴, Czoma Veronika⁵, Káposztás Zsolt⁴, Fehérvári Mária⁶, Somorác Áron⁷, Csilek András⁸, Oláh Attila⁹, Almási Kálmán¹⁰, Patonai Attila¹¹, Görög Dénes¹¹, Széll Zoltán¹², Tolnai Zoltán¹², Sréter Tamás¹², Danka József¹³, Herbert Auer¹⁴, Beate Grüner¹⁵, Thomas F.E. Barth¹⁶, Adriano Casulli^{17,18}

Cél: Az *Echinococcus multilocularis* (Em) galandféreg által okozott alveoláris echinococcosis (AE) a legmagasabb letalitású helminthosis Európa sarkvidéki és mérsékelt égövi területein. Em fertőzött vörös rókák, mint végső gazdák előfordulása Magyarországon 2002 óta ismert. Az első autochton humán AE esetet 2016-ban közölték. A humán AE gyakran alulbecsült, félrediagnosztizált és félrekezelt infekció Magyarországon, elsősorban ritka előfordulása és a magyar orvoskollégák ebből eredő tapasztalatlansága miatt. Vizsgálatunk célja a magyarországi humán AE esetek epidemiológiai és klinikai jellegzetességeinek leírása.

Módszerek: 2003 és 2018 között, AE betegekre vonatkozó epidemiológiai és klinikai adatokat gyűjtöttünk a Nemzeti Népegészségügyi Központ informatikai adatbázisából valamint 7 klinikai központ számítógépes archívumából, Magyarország különböző régióiból, ahol AE betegeket kezeltek. A rizikófaktorokra vonatkozó adatokat prospektíven gyűjtöttük betegektől megválaszolt kérdőív segítségével. A diagnózis és kezelés klinikai értékelésében a WHO- Informal Working Group on Echinococcosis (WHO-IWGE) nemzetközi konszenzuson alapuló irányelvét vettük alapul.

Eredmények: Retrospektív esetsorozatunkban összesen 16 AE beteget vizsgáltunk, ebből 6 *valószínű* és 10 *igazol*t esetet. 4 esetben radikális májresectiót és adjuváns albendazol (ABZ) kezelést követően nem észleltünk relapsust. 5 irrezekábilis esetben ABZ kezeléssel a léziók stabilizálódását érték el. 6 esetben az AE propagációja a vizsgálati időszak alatt dokumentálható volt. 3 AE-vel összefüggő halálozást észleltünk (letalitás ebben a vizsgálati mintában: 18,75%). Következtetések: Az alveoláris echinococcosis egy újonnan megjelent és potenciálisan halálos fertőző betegség Magyarországon. Alacsony incidenciája miatt az AE differenciáldiagnosztikája és helyes kezelése új kihívást jelent a hazai klinikai gyakorlatban.

GIARDIA ÉS CRYPTOSPORIDIUM A KELET-EURÓPAI RÉGIÓBAN – AZ „EGY EGÉSZSÉG” MEGKÖZELÍTÉS

Plutzer Judit

Az „Egy egészség” szemléletmód lényege a multiszektorális, transzdiszciplináris megközelítés, melynek alapja, hogy az emberek, állatok, növények és környezetük szorosan összekapcsolódnak. A helyi, regionális, nemzeti valamint globális szinten történő, szakterületek közötti együttműködés célja az optimális egészségügyi körülmények elérése.

Az „Egy egészség” szemléletmód alapján áttekintettük a *Cryptosporidium* spp. és *Giardia* spp. emberekben, állatokban és a környezetben való megjelenését, előfordulását a kelet-európai régió 10 országában (Bosznia & Hercegovina, Horvátország, Csehország, Észtország, Magyarország, Lettország, Lengyelország, Románia, Szerbia és Szlovénia).

A nemzetközi és helyi publikált tudományos cikkeket és konferencia-előadásokat, a nemzeti egészségügyi szolgálatok hivatalos jelentéseit, a nemzeti adatbázisokat és helyi nyelven írt doktori munkákat dolgoztuk fel, hogy átfogó képet kaphassunk e kórokozók epidemiológiájáról, diagnosztikájáról, kutatásáról, hogy megtaláljuk azokat a hiányos fehér foltokat, melyekre a jövőben nagyobb hangsúlyt kell fektetni és kijelölhessük a kutatás további területeit, célpontjait.

Az átfogó munka eredményeképpen megállapíthatjuk, hogy a *Cryptosporidium* spp. és *Giardia* spp. a kelet-európai régióban gyakran előforduló kórokozók, bár a különféle országok eredményeit nagyon nehéz összehasonlítani az eltérő jelentési gyakorlatok és a kimutatási, vizsgálati módszerek jelentős különbözősége miatt.

A diagnosztikai, kimutatási eljárások frissítése és egységesebbé tétele az egész régióban javasolt. A közegészségügyi hatóságoknak aktívan törekedniük kell a jelentéstétel fokozására és a jelentéstételi gyakorlatok egységesítésére, mivel ezek a bejelentett adatok reprezentatívak és pontosak kell, hogy legyenek, hiszen szükségesek a megfelelő vizsgálati, kutatási és ellenőrzési tervek elkészítéséhez.

EGYÜTT TARTOTT SZAMÁR- ÉS LÓ-ÁLLOMÁNYOK BELSŐ ÉLŐSKÖDŐINEK NYOMON KÖVETÉSE ALKALMANKÉNTI IVERMEKTIN KEZELÉS MELLETT

Skultéti Enikő Mónika, Juhász Alexandra*, Majoros Gábor

Közös legelőn tartott lovak és szamarak bélféreg-fertőzöttségét vizsgáltuk abból a célból, hogy mutat-e olyan különbséget a két gazdafaj között, amit a rutinszerű bélsárvizsgálattal észlelni lehet. Ennek a vizsgálatnak az a jelentősége, hogy a szamarak közhelyként hangoztatott igénytelensége miatt kevesebb figyelemben részesítik ezeket az állatokat, mint a lovakat, és ennek megfelelően a féregellenes beavatkozásokat sem olyan gondossággal szokták alkalmazni, mint amilyen alaposan a lovakat féregtelenítik. Ugyanakkor az összes élősködő, amely a lovat fertőzi, a szamárban is megtalálható, és ha a két állatfajt együtt vagy egymás mellett tartják, az élősködőkkel szemben toleránsabb szamár parazitákkal fertőzheti a fertőzés következményeire érzékenyebb lovat. Mivel a tartási körülményeket pusztán tudományos célból megváltoztatni nem lehet, ilyen vizsgálatot ideális kísérleti körülmények között elvégezni lehetetlen. Ezért egy olyan állattartó telepen végeztük a vizsgálatokat, ahol átmenetileg együtt tartottak lovakat és szamarakat, továbbá a szamarak több helyről származtak, és karanténozás nélkül kerültek be a telepre.

A vizsgált állatok tartása, takarmányozása és alkalmankénti gyógykezelése korábban semmilyen összefüggésben nem volt az állatok tényleges féreg-fertőzöttségével, hanem csak a tulajdonos elhatározása szerint történt. Ennek megfelelően az anthelmintikus kezelések részben a szokás alapján, bizonyos időszakokban vagy alkalmakkor történtek, részben pedig akkor, ha olyan tüneteket láttak az állatokon, amelyek bélférgesség gyanúját keltik fel (például hasmenés, lesóványodás). Az állattartó telepre érkező állatokat féregtelenítették, illetve negyedévente, rutinszerűen alkalmaztak féregtelenítő kezelést. Felnőtt állatok esetében ivermektin hatóanyag-tartalmú készítményt használtak szájon át adagolva, a fél éves életkornál fiatalabb csikóknál pedig fenbendazol tartalmú szert. Az általunk vizsgált telepen lévő állatok létszáma és összetétele folyamatosan változott, ezért bár igyekeztük mindig azonos állatoktól mintát venni, amelyeket első alkalommal kiválasztottunk, az összehasonlítás kedvéért mindig mintát vettünk a telepre kerülő, új lovaktól, az ellés előtt álló kancáktól, és a rosszabb általános állapotú szamaraktól is.

A vizsgálatok során főleg strongylida petéket találtunk illetve néhány esetben orsóféreg (*Parascaris equorum*) és hegyesfarkú féreg (*Oxyuris equi*) petéket is. A szamarak már a féreghajtás után egy-két hónappal ismét strongylida-petéket ürítettek, ugyanakkor a lovak bélsarával már a vizsgálat kezdetekor is kevesebb pete ürült, és a féreghajtást követően, egyes egyedek bélsara akár 10 hónapig is mentes volt a petéktől. Mind az ivermektin, mind a fenbendazol hatására ürültek férgek az állatokból, de a fenbendazol kezelést követően a strongylida-típusú peték ürülése továbbra is folytatódott, ami ennek a hatóanyagnak a csökkenő hatékonyságát látszik alátámasztani a lovakban és a szamarakban is.

A strongylidákat tekintve, a szamarak tehát több férget hordozhatnak, mint a lovak. Mivel a lovakat és a szamarakat egyforma módon tartották, a két állatfaj fertőzöttségének mértékében tapasztalt különbség feltehetően a köztük lévő viselkedési, táplálkozási különbségből és talán eltérő toleranciájukból adódik. A bélsárvizsgálattal ellenőrzött gyógykezelés gyakorisága a vaktában történő gyógykezelések gyakoriságához képest lényegesen mérsékelhető, amivel csökkenthetjük a parazitaellenes szerekekkel szembeni rezisztencia kialakulását.

ÁLLATOK ÉS EMBEREK ÁLTAL LÁTOGATOTT HELYEKEN GYŰJTÖTT *IXODES RICINUS* METAGENOM-VIZSGÁLATA

Solymosi Norbert¹, Krikó Eszter^{1,2*}, Gyurkovszky Mónika², Farkas Róbert²

Az új generációs szekvenálás (Next Generation Sequencing, NGS) egyre szélesebb körű elterjedése és költségeinek csökkenése lehetővé teszi a mikrobiális ökoszisztéma alaposabb megismerését. Az ízeltlábú vektorok, köztük a kullancsok mikrobiótájának leírásáról is egyre több tudományos eredmény jelenik meg a szakirodalomban.

A megkezdett vizsgálatok célja, hogy az országszerte előforduló, köz- és állategészségügyi jelentőségű *Ixodes ricinus* kullancsfaj mikrobiótáiról ismereteket szerezzünk. A különböző földrajzi mintavételi helyeken gyűjtött nimfák és nőtények szimbióta mikrobióta-beli változatosságának leírása mellett a mintákban előforduló kórokozó baktériumok és egysejtűek jelenlétének vizsgálatára is hangsúlyt helyezünk.

Talajról, növényzetről, ún. dragging és flagging módszerrel kullancsokat gyűjtöttünk kiránduló, szabadidős területeken, parkokban, illetve temetőben, ahol az állatok és az emberek gyakran megfordulnak. Gyűjtési helyenként a poolozott nimfák és nőtények mikrobiomját a DNS-kivonás után végzett szekvenálással generált short read-ek bioinformatikai elemzésével írtuk le. Az egyes mintákból nagyon eltérő mennyiségű DNS-t nyertünk, ezért kétféle szekvenálás történt. Azokból a mintákból, amelyekből elegendő mennyiségű DNS-t lehetett kivonni, shotgun-, a többiből csak 16S rRNS-t kódoló DNS-t felhasználó szekvenálás történt. A bioinformatikai elemzés során a read-ek minőségi ellenőrzés és szűrés után elvégzett duplikátumszűrésen és kiméramentesítésen (16S rRNS) estek át. Az így megtisztított read-ek taxon-klasszifikációját Karken2-szoftverrel, az NCBI nt (nem redundáns nukleotid) adatbázisán végeztük. Minden további elemzést és vizualizációt R-környezetben, Bioconductor csomagok felhasználásával végeztünk.

Az eddig végzett vizsgálatokban a szimbióták mellett több, állat- és/vagy közegészségügyileg fontos baktériumot és egysejtűt is azonosítottunk a mintákban. Amellett, hogy betekintést kaptunk a nőtények és nimfák mikrobiótáinak az összetételébe, tapasztalatot szereztünk a kullancsmetagenom-vizsgálatok módszerével kapcsolatban is. Ezek ismeretében kerül sor országos reprezentatív mintagyűjtésre és vizsgálatokra, figyelembe véve a gyűjtési helyek klimatikus adatait és felszínborítottságát, amelyek befolyásolják a kullancsok életterét és aktivitását.

Köszönetnyilvánítás: Köszönetet mondunk az ÁTE kutatócsoporti pénzügyi támogatásáért.

A GÓCOS TÜDŐFÉRGESSÉGET OKOZÓ PARAZITÁK SZEZONÁLIS DINAMIKÁJÁNAK TANULMÁNYOZÁSA A NYULAK PROTOSTRONGYLIDA FÉRGEIN, MINT MODELLEN

Szabó Dóra, Juhász Alexandra*, Majoros Gábor

A nyulak tüdőfégességét okozó protostrongylidák lárvái a szárazföldi csigákban érik el a harmadik stádiumukat. Ez a lárvastádium képes fertőzni a nyulat. Magyarországon leggyakrabban a közönséges kórócsiga, a *Xerolenta obvia* hordoz protostrongylida lárvákat, köztük a nyulak tüdőférgeinek lárváit is. Az viszonylag könnyen érthető, és kísérletileg igazolható, hogy a csiga milyen úton fertőződik a nyúl ürülékében lévő lárvákkal, de azt még senki sem állapította meg, hogy a nyúlba miképpen kerülnek bele a fertőzőképes lárvák.

A mai napig nem ismert, hogy az alapvetően növényevő nyúl megeszi-e a csigákat, vagy a lárvák kimásznak a csigából a fűre, és ilyen módon kerülnek az állat szájába. Ennek a kérdésnek gyakorlati jelentősége van, mert más egyéb, csigákat rendszeresen nem fogyasztó állat, például a kutyák és a macskák, továbbá az ember is fertőződik olyan tüdőfereg-lárvákkal, amelyek szárazföldi csigákban fejlődnek. Ezért adatokat kívántunk gyűjteni a lárvák és a csigák kapcsolatáról. Megvizsgáltuk, hogy a Tétényi-fennsík egyik réjtjén van-e összefüggés a csigák fejlettsége és lárvatartalma között, illetve mutat-e valamilyen szezonalitást a lárvák gyakorisága?

Tavasztól ősz végéig, kétheti időközzel összesen 1701 *X. obvia* csigát gyűjtöttünk és minden példányban meghatároztuk a lárvák számát. A csigák fejlettségét a héjuk mérete alapján becsültük meg. A csigák gyűjtésével egyidejűleg megvizsgáltuk a talajon heverő nyúlbélsár lárvatartalmát, és két alkalommal kb. 200-200 liter térfogatú fűmintát is gyűjtöttünk azokról a helyekről, ahol a *Xerolenta* csigák jelen voltak a növényeken. Mikroszkópos vizsgálattal meghatároztuk a lárvák fejlettségének mértékét is.

Megállapítottuk, hogy a csigahéjak mérete nem befolyásolta szignifikánsan a csigában megtelepedett lárvák számát, de mivel a nyári hónapokban és az ősz elején gyűjtött csigákban volt a legtöbb lárva, a fertőzés gyakorisága valamilyen szezonálisra enged következtetni. A csigákkal egyidejűleg gyűjtött nyúl ürülék is főként ugyanebben az időszakban tartalmazott lárvákat, a téli hónapok alatt viszont egyáltalán nem. A nyulakat fertőzni képes, harmadik stádiumú lárvát a lágyszárú növényekről sem a nyári, sem a téli hónapokban nem sikerült izolálni.

Feltételezzük, hogy a csigák nyári aktivitása alatt egyre több lárva kerül beléjük, de minden életkorú csigába képes behatolni a féreglárva. Ezért arra az időszakra, amikor a csigák már tömegesen fordulnak elő a fűszálakon, a kisebb és a nagyobb csigák is fertőzöttek lesznek. Mivel télen, a talajfelszínen nincsenek csigák, és a kifejlett csigák nem vészeli át a telet, a lárvák őszi kulminációja a csigákban valószínűleg összefügg a nyulak fertőződésének módjával, ami ezek szerint időszakos jelenség. Lehet, hogy a gócos tüdőfégességet okozó paraziták fertőzőképes lárvái ugyanolyan szezonális megjelenésűek a legelőn, mint a májmétely lárvái, amelyek szintén egy nyáron át fejlődnek a csigákban, és fertőzőképes alakjaik ugyancsak a nyár végén kulminálnak a végleges gazdák élőhelyén.

Munkánkat az Európai Unió, Európai Szociális Alap (ESZA) finanszírozásával létrejött EFOP-3.6.2-VEKOP-16-2017-00005 azonosítószámú projekt hallgatói ösztöndíj pályázata támogatta.

A VADON ÉLŐ VÖRÖS RÓKÁK ÜRÜLÉKÉBEN TALÁLHATÓ PARAZITÁK - KÜLÖNÖS TEKINTETTEL A ZOONÓZIST OKOZÓ FAJOKRA

Udvari Lilla, Juhász Alexandra*, Majoros Gábor

A vadon élő állatfajok többsége sokféle élősködővel fertőzött, amelyek között zoonótikus jelentőségű paraziták is vannak. Európában az ember számára legveszélyesebb élősködőnek az *Echinococcus multilocularis* galandférgyet tartják, aminek a kontinensen a végleges gazdája a vörös róka. Jelenleg a rókák egyedszáma a veszettség felszámolása miatt növekszik, és egyre több példány keresi fel az emberlakta helyeket. A rókákban élő paraziták vizsgálata az emberek illetve a kedvtelésből tartott állatok és a haszonállatok fertőződésének elkerülése érdekében is fontos. A rókák férgének vizsgálata azonban nem olyan egyszerűen kivitelezhető, mint az ember környezetében élő állatoké, vagy az emberi fogyasztásra alkalmas vadé. A lőtt rókák tetemeinek boncolása csak erre a célra alkalmas laboratóriumokban lehetséges. Egyszerűbbnek tűnik az állatok által elhullatott bélsár parazitológiai vizsgálata, azonban kérdéses, hogy az abban található paraziták milyen mértékben tükrözik az állatok tényleges fertőzöttségét.

Munkánk során 198 vörös róka ürüléket vizsgáltunk meg flotációs módszerrel 2016 és 2019 között. A minták többsége a Bükk-hegységből származott, illetve elemeztünk a Pilisből, Budai-hegységből, Gemencről, Ócsáról és Szabolcs-Szatmár-Bereg megyéből származó ürülékeket is. Megfigyelésinket kiegészítettük 27 Szeged és Sopron közelében kilőtt rókatetem kórbonctani és koprológiai vizsgálatával is.

A legnagyobb mennyiségben a *Capillaria*-fajok petéit sikerült kimutatnunk, emellett számottevő volt még az *Alaria alata* mótely, a *Toxocara canis* és *Toxascaris leonina* orsóférges, valamint az *Ancylostoma caninum* és *Uncinaria stenocephala* petéinek előfordulási gyakorisága. Többféle ritkább élősködő is előfordult a bélsármintákban, és több esetben az elfogyasztott préda parazitáit is megtaláltuk bennük. Az emberre veszélyt jelentő galandférgesekre jellemző, *Taenia*-típusú petéket csak egészen kevés esetben, a bélsárminták mindössze 8%-ában tudtunk detektálni. A flotációs módszerrel az *Angiostrongylus* és *Crenosoma* tüdőférgesek lárváit is ki tudtuk mutatni, noha nem ez a vizsgálati eljárás a leggyakrabban alkalmazott módszer a féreglárvák kimutatására.

A felboncolt rókákban viszont a fenti paraziták mellett *Mesocestoides* galandférgeseket is találtunk, amelyeket soha nem tudtunk a bélsárvizsgálattal kimutatni. *Echinococcus* férgeseket egy egységéből sem tudtunk kimutatni.

Az eredményekből az derül ki, hogy a rókák ürülekéből a legtöbb, bélsárral ürülő parazita az egyszerű felszínűsítési módszerrel is kimutatható, de a boncolás még több élősködő kimutatását teszi lehetővé. Az adott lehetőségek figyelembe vételével a parazitológiai monitorozásra mindkét eljárás alkalmas. A földről gyűjtött hulladék vizsgálata olcsóbb és nagy területek monitorozását teszi lehetővé, de a boncolás a ritkább, vagy bélsárral nem ürülő paraziták kimutatását teszi lehetővé.

Köszönettel tartozunk a szegedi és soproni vadásztársaságoknak, illetve az Állatorvostudományi Egyetem Patológiai Tanszékének. Munkánkat az EFOP-3.6.2-16-2017-00008 azonosítószámú projekt hallgatói ösztöndíjpályázata támogatta.

HALÉLŐSKÖDŐ NYÁLKASPÓRÁSOK (MYXOZOA, CNIDARIA) SZERIN PROTEÁZ INHIBITORAINAK GENETIKAI DIVERZITÁSA

Sipos Dóra¹, Kaján Győző¹, Szegő Dóra¹, Astrid S. Holzer², Pavla Bartošová-Sojková², Eszterbauer Edit^{1,*}

A csalánozók törzsébe tartozó, világszerte elterjedt nyálkaspórák (Myxozoa, Cnidaria) összetett, kétgazdás fejlődésmenettel rendelkező obligát élősködők, melyek gerinceseket (főként halakat) és gerincteleneket (gyakran gyűrűsférgeket) fertőznek. Kártételük mind a tenyésztett, mind a vadon élő halak körében számottevő. Gazdasági jelentőségük ellenére jelenleg nem ismert hatékony védekezési mód ellenük.

A szerin proteáz inhibitorok (serpinek) a proteáz inhibitorok nagy és elterjedt szupercsaládjába tartoznak. Korábbi kutatások igazolták, hogy egyes vizsgált paraziták (pl. *Plasmodium*, *Trypanosoma*) serpinjei közül többnek fontos szerepe van a gazdába való bejutás során, valamint az immunreakció elkerülésében. Mivel ezek a proteáz inhibitorok genetikailag, szerkezeti és biokémiai tulajdonságaikban is eltérnek a gazda gén-ortológjaitól, a parazita serpinek ígéretes célpontjai lehetnek egy élősködőellenes terápia kifejlesztésének.

A kutatás során első lépésként a nyálkaspórák paraziták genomjában található serpin gének azonosítását tűztük ki célul. Majd elvégeztük az édesvízi és tengeri nyálkaspórák fajok serpinjeinek genetikai összehasonlítását. A szekvenciák nyilvános genom- és transzkriptóm adatbázisokból származtak (pl. az alábbi fajok részleges genomja és transzkriptómja: *Myxobolus cerebralis*, *Thelohanellus kitauei*, *Kudoa iwatai*, *Enteromyxum leei* részleges genomja, illetve a *Myxobolus pendula* transzkriptómja. Továbbá a keresést kiterjesztettük nyálkaspórák még nem publikált genom- és transzkriptóm adatbázisaira (pl. *Myxidium lieberkuehni*, *Myxobolus pseudodispar* és *Sphaerospora molnari*). A maximum-likelihood módszerrel végzett filogenetikai elemzés során az egysejtűektől a gerincesekig terjedő 71 taxon 323 serpin génjének rokonsági viszonyait térképeztük fel.

Az azonosított serpin szekvenciák nagyfokú genetikai diverzitást mutattak mind fajok között, mind a fajokon belül. Az aminosav-szekvenciák közötti egyezés igen alacsony, átlagosan 25-30% volt. A serpin szekvenciák inkább fajok, mint serpin típusok szerint csoportosultak a filogenetikai fán. A nyálkaspórák serpinjeiben a szabadon élő csalánozóktól, gerinces és gerinctelen taxonoktól eltérő, egyedi motívumokat és funkcionális alcsoportokat sikerült azonosítanunk. A meglévő szekvenciák filogenetikai analízise alapján a nyálkaspórák serpinek egyértelműen elkülönültek a többi csoporttól, ami felveti annak lehetőségét, hogy ezen fehérjék új, eddig nem ismert funkcióval rendelkeznek.

Köszönetnyilvánítás: A kutatást az NKFIH NN124220 és a cseh Ministerstvo školství, mládeže a tělovýchovy LTAUSA17201 számú pályázata támogatta.

DUNAI PONTYFÉLEKBŐL IZOLÁLT *METAGONIMUS* METACERKÁRIÁK MORFOLÓGIAI ÉS MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATA

Sándor Diána*, Molnár Kálmán, Varga Ádám, Székely Csaba, Cech Gábor

A *Metagonimus* Katsurada, 1912 (Digenea: Heterophyidae) genusba tartozó mótely fajok világszerte ismert zoonótikus paraziták, melyek halfogyasztó vízi madarak és emlősök béltraktusában érik el ivarérett állapotukat, továbbá humán megbetegedéseket is okozhatnak. Tíz *Metagonimus* fajt különböztetünk meg: *M. yokogawai* Katsurada, 1912, *M. ovatus* Yokogawa, 1913, *M. hakubaensis* Shimazu, 1999, *M. katsuradai* Izumi, 1935, *M. otsurui* Saito and Shimizu, 1968, *M. takahashii* Suzuki, 1930, *M. miyatai* Saito, Chai, Kim, Lee and Rim, 1997, *M. minutus* Katsuta, 1932, *M. suifunensis* Shumenko, Tatonova and Besprozvannykh, 2017, *M. pusillus* Tatonova, Shumenko and Besprozvannykh, 2018, melyek legfőképp Kelet- és Dél-Ázsiában őshonosak. Egyetlen fajt, az *M. yokogawai*-t detektálták európai országokban (Szerbia, Bulgária, Csehország, Spanyolország, Magyarország stb.) is, ugyanakkor a fajmeghatározások csak morfológiai bélyegek alapján történtek.

Kutatásunk során, összesen 117 dunai pontyfőle: 9 karikakeszeg (*Blicca bjoerkna*), 26 dévérkeszeg (*Abramis brama*), 42 kűsz (*Alburnus alburnus*), 4 jászkeszeg (*Leuciscus idus*), 31 paduc (*Chondrostoma nasus*) és 5 fejcs domolykó (*Squalius cephalus*) *Metagonimus* fertőzöttségét vizsgáltuk. A fertőzött pikkelyek pepszines emésztését követően, mikroszkópos felvételeket készítettünk az izolált metacerkáriákról. Napos csibe fertőzési kísérleteket alkalmaztunk az ivarérett egyedek kinevelésére, melyek morfológiai ismerete elengedhetetlen a molekuláris adatok mellett a faji identifikációhoz. Szíriai aranyhörcsögöket fertőztünk szájon át metacerkáriákat tartalmazó pikkelyekkel, a Magyarországon előforduló *Metagonimus* faj esetleges zoonótikus képességének megállapításának céljából. A vizsgált metacerkáriák morfológiai adatait rögzítettük illetve 10 példány 28S rDNS régiójának szekvenálását végeztük el.

Pozitív eredménnyel zárult mind a csibe-, mint a hörcsögfertőzési kísérlet, melyek eredményeként tanulmányozhattuk a hazai *Metagonimus* faj ivarérett fejlődési stádiumát, továbbá dokumentálhattuk emlősben való kifejlődési képességét is. A molekuláris vizsgálatok alátámasztották morfológiai megfigyeléseken alapuló feltevéseinket, miszerint a dunai halakról gyűjtött, *M. yokogawai*-ként ismert mótely faj feltehetően a Ciurea (1915) által leírt *M. romanicus*-sal azonos.

Támogatás: MAHOP-2.1.1-2016-2017-00002 (RESEARCHFISH) azonosítójú, „A horgászati- és halgazdálkodás szempontból jelentős halfajok tenyésztését és termelését támogató technológia-, tudástranszfer és innovációs infrastruktúra fejlesztése” című projekt.

DESCRIPTION OF A NEW AND A KNOWN MYXOSPOREANS INFECTING
NOTOPTERUS NOTOPTERUS IN THE SOUTH ASIAN REGION

Muhammad Hafiz Borkhanuddin^{1,2}, Urvashi Goswami¹, Gábor Cech¹, Kálmán Molnár¹, Csaba Székely¹

This work was performed within a trilateral cooperation among Malaysian, Indian and Hungarian partners for developing myxosporean research of *Notopterus notopterus*, Pallas, 1769. The bronze featherback, (*N. notopterus*) belongs to the group of knife fishes under the family Osteoglossiformes. Knife-fishes are widely distributed fishes in Africa, South and Southeast Asia and they have been categorized as an important commercial fish and a favourite food fish in the South Asian region. Fish hosts were collected in Lake Kenyir, Malaysia and in the River Ganga, Hastinapur, Uttar Pradesh, India respectively. Spores and plasmodia from the gallbladder and from the gills were collected and were scientifically processed and evaluated in Hungary. 18S rDNA sequences of spores were studied by molecular methods. Two myxosporeans, a new *Myxidium* species (Myxidiidae) to be described as *Myxidium malayense* n. sp and a known species, *Henneguya ganapatiae* (Quadri, 1970) (Myxobolidae) were found. In Malaysia free spores of *Myxidium* species designated as *M. malayense* n.sp. were found in the gallbladder of the host. Morphology of spores differed from spores of other described *Myxidium* spp. In India a known species, *Henneguya ganapatiae* (Quadri, 1970) (Myxobolidae) were found in the gills of this fish, which corresponded to *Henneguya ganapatiae* (Quadri, 1970) (Myxobolidae). Besides redescription, authors gave new data on site selection of plasmodia in gill filaments. Molecular sequences of both *M. malayense* n. sp and *H. ganapatiae* significantly differed from species deposited in GenBank. Data received help selecting valid species in the South Asian region and finding their pathological importance.

Acknowledgements: 2017-2.3.7-TÉT-IN-2017-00003. Indo-Hungarian bilateral project and TEMPUS scholarship for HB.

HAZAI TERMÉSZETES VÍZI HALAINKON ÉLŐSKÖDŐ TISZAI INGOLA INTENZÍV FERTŐZÖTTTSÉGE EGY *DERMOCYSTIDIUM* FAJVAL

Sellyei Boglárka^{1*}, Cech Gábor¹, Varga Ádám¹, Molnár Kálmán¹, Székely Csaba¹, Somogyi Dóra², Nyeste Krisztián², Antal László²

A tiszai ingola (*Eudontomyzon danfordi* Regan, 1911) az állkapocs nélküli gerinces állatok közé tartozó körszájú élőlény, amely a halakkal csak távoli rokonságban áll. Fejlődésük során jelentős átalakuláson esnek át. Míg a lárvák négy-öt évig férgekhez hasonló módon élnek az iszapban szerves törmelékkal táplálkozva, a kifejlett példányok élősködő életmódot folytatnak. Főként a gazdaállat vérével és szövetnedveivel táplálkoznak, de bőr- és izomdarabkákat is kimarhatnak belőlük.

Több, a Kemence-patakban (48°25'45.5"N 21°26'50.6"E) fogott felnőtt egyed vizsgálata során, a testfelületen jelentős méretű, vékonyfalú ciszták voltak megfigyelhetők, melyeket apró, átlag 8 µm méretű gömbök töltöttek ki. A kórokozót egy eddig ismeretlen *Dermocystidium* faj egyedeiként azonosítottuk. A dermocystidiumok a halak és egyéb vízi élőlények kevésbé tanulmányozott, és rendszertanilag bizonytalan helyzetű élősködői, melyeket Dyková és Lom (1992) még a gombaszerű organizmusok közé soroltak, míg Mark és munkatársai (1996) az állatok és gombák közötti lényeknek tekintettek.

Munkánk célja e kevésbé ismert faj a szakirodalom számára eddig még ismeretlen kórokozójának a tanulmányozása, amely során morfológiai, szövettani és molekuláris biológiai vizsgálatokat végeztünk.

Morfológiai vizsgálataink a cisztákból kiszabadított spórák nagyfokú hasonlóságát mutattak a már Magyarországon jobban ismert sügér, ponty, kárász és angolna dermocystidiosist okozó spóráihoz, bár az ingolából izolált spórákon a gyűrű-szerű szerkezete nem volt megfigyelhető. Szövettani vizsgálataink arra utaltak, hogy az élősködő cisztái a bőralatti kötőszövetben indulnak fejlődésnek, azokat a külvilágtól egy vékony cisztafal, valamint a bőr elvékonyodott rétege választja el. A cisztán belül a spórák egymástól elkülönülve helyezkednek el.

18S rDNS-en alapuló molekuláris vizsgálataink egyértelműen igazolták, hogy az általunk kimutatott kórokozó a már ismert dermocystidiumokkal rokonítható, azonban filogenetikailag távol áll a pisztrángban, lazacban és sügérben leírt fajoktól.

Az ingola parazitáit kevésbé ismerjük, a kifejlett egyedekből csak néhány féreg-élősködőt írtak le mindeddig. A dermocystidiumok kimutatása tudományos érdekesség, amely szélesíti e parazitacsoport eddig ismert gazdakörét.

A tiszai ingola önmagában ugyan nem bír gazdasági jelentőséggel, de az azonos élettérben élő, természetvédelmi és horgászati szempontból fontos pataki halfajok, így a domolykó parazitája is lehet.

Magyarországon az ingola fajok fokozottan védettek, fogásukat – kivéve kutatási célokra, korlátozott számban – természetvédelmi jogszabály tiltja.

Köszönetnyilvánítás: Munkánkat a MAHOP-2.1.1-2016-2017-00002 (RESEARCHFISH) azonosítójú, „A horgászati- és halgazdálkodás szempontból jelentős halfajok tenyésztését és termelését támogató technológia-, tudástranszfer és innovációs infrastruktúra fejlesztése” című projekt támogatta. A tanulmány alapjául szolgáló kutatást az Innovációs és Technológiai Minisztérium által meghirdetett Felsőoktatási Intézményi Kiválósági Program NKFIH-1150-6/2019 számon támogatta, a Debreceni Egyetem 4. tématerületi programja keretében.

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR STUDIES ON *THELOHANELLUS* SPP.
INFECTING CYPRINID FISHES IN HUNGARY

Urvashi Goswami*, Cech Gábor, Molnár Kálmán, Székely Csaba

Members of the genus *Thelohanellus* are among the most commonly occurring Myxozoans which infect mostly freshwater fishes. Inside the genus, species infecting fishes of *Cyprinus* and *Carassius* genera are well studied. Little is known about *Thelohahellus* spp, infecting other cyprinid species. *Thelohanellus* species found in more than 20 different cyprinids were usually identified as *T. fuhrmanni*, *T. pyriformis* or *T. oculileucisci* spp.

During our regular survey on fish parasites two *Thelohanellus* spp. have been found, namely *T. pyriformis* which infected the filamental arteries of the gill on the type host tench (*Tinca tinca*) from Lake Balaton and *T. cf. fuhrmanni* forming plasmodia on the snout of the nase (*Chondrostoma nasus*) from the River Danube.

In order to identify the two species precisely, morphological, histological and molecular biological studies were performed on the isolated spores.

Morphological data and site preference of *T. pyriformis* corresponded to the original description from tench, but differed from the data presented from other cyprinids. Spores of the species provisionally identified as *T. fuhrmanni* found in nase were smaller in size than spores known from the original host, the roach (*Rutilus rutilus*). *Thelohanellus* spp. in general are strictly host specific organisms, therefore it is supposed that the *Thelohanellus* sample found in common nase might be identified later as a new species. Although we have sequences from both *Thelohanellus* species which clearly differ from species deposited in the GenBank, because of the lack of similar sequences from leuciscinae cyprinids, the species from the nase cannot be described yet as a new one, therefore we identify it temporarily as *Thelohanellus cf. fuhrmanni* until further results will confirm its identity.

Acknowledgment: This work was performed during the program: 2017-2.3.7-TÉT-IN - Hungarian-Indian Research Grant and by the MAHOP-2.1.1-2016-2017-00002 (RESEARCHFISH) project, called „Development of technology and knowledge transfer as well as innovation infrastructure for the support of breeding and production of fish species for recreational fishing and aquaculture.

SZÉNCINEGE FÍÓKÁK IVARFÜGGŐ MORTALITÁSÁNAK VIZSGÁLATA KÜLÖNBÖZŐ TÍPUSÚ ÉLŐHELYEKEN

Dalvári Henriett Anna^{1*}, Czikkelyné Ágh Nóra², Pipoly Ivett², Szabó Krisztián¹, Liker András²

A legtöbb madárfajnál megfigyelhetjük, hogy a fészekaljban az utód ivararány közel egyenlő, ritkán figyelhetünk meg hím- vagy tojó eltolt arányokat. Ezzel ellentétben, a fiókakori mortalitásnál már láthatunk ivari különbségeket, amelyek több különböző okra vezethetők vissza. A tesztoszteron immunszuppresszív hatása, az eltérő testméretből adódó energiaigény különbségek és környezeti érzékenység vagy az ivari kromoszómákhoz köthető mutációk több faj esetén is kimutatható különbséget okoznak az ivarok fiatalkori mortalitásában. Egy populáció fennmaradását nagyban befolyásolja a mortalitás, valamint a populációk fontos demográfiai jellemzője a populáció ivararánya, mely számos más ökológiai és populációdinamikai tulajdonságra hatással van. Ennél fogva érdemes vizsgálni, hogy a mortalitás ivari különbségei különböző életkorokban hogyan járulhatnak hozzá az ivararányok alakulásához.

A jelen munka célja megvizsgálni, hogy megfigyelhető-e ivarspecifikus mortalitás a széncinege (*Parus major*) fiókáknál, továbbá, hogy az ivarok mortalitása eltér-e a fejlődés két különböző szakaszában és különbözik-e az eltérő élőhelytípusokon.

A vizsgálat érdekében két városi és két erdei fészkelőhelyről 2013 és 2018 között szövetmintákat gyűjtöttünk széncinege fészekaljából. Minden fiókát a kikelést követő 14-16. napon meggyűrűztünk és vért vettünk tőlük. Amelyik fióka ezt megelőzően elpusztult (240 db), attól lábujj mintát vettünk, a kirepülés utáni fészekellenőrzéskor pedig feljegyeztük, hogy melyik gyűrűs fióka pusztult el (102 db). Az ivarhatározás DNS-alapú molekuláris módszerekkel történt, a CHD1 i16 és p2p8 primerek alkalmazásával, majd az eredmények statisztikai elemzéséhez binomiális próbát és lineáris kevert modellt használtunk.

A vizsgálat során 202 hím (59,06%) és 138 (40,35%) tojót azonosítottunk. A két fejlődési szakaszt nézve, gyűrűzés előtt (60,83%) és után (54,90%) is több hím pusztult el. Összehasonlítva a városi és erdei populációkat, gyűrűzés előtt a városi (61,58%) és erdei (58,73%) élőhelyeken is több hím pusztult el, azonban gyűrűzés után több hím pusztult el a városi (56,18%), míg több tojó pusztult el az erdei élőhelyeken (53,84%), de utóbbi esetben alacsony volt a mintaszám (n=13). Az elemzések során összességében nagyobb fiatalkori hím pusztulást találtunk a széncinege fiókáknál, viszont a korcsoportok közötti és élőhelyek közötti különbségek bizonytalan eredménnyel jártak.

Az eddigi eredmények alapján feltételezhetjük, hogy a valamennyivel nagyobb testméretű hímek érzékenyebbek lehetnek a fejlődés során. A vizsgálatunk azt is kihangsúlyozza, hogy az ivarfüggő mortalitás környezettől való függésének jobb megértéséhez még további vizsgálatokra lenne szükség.

A kutatás finanszírozását a K 132490 sz. NKFIH pályázat tette lehetővé.

MÉHCSALÁDOK KOMPLEX EGÉSZSÉGÜGYI VIZSGÁLATA

Városi Dominika^{1*}, Békési László¹, Farkas Róbert¹, Solymosi Norbert²

A 2018. év nyarán az ország több körzetében észleltek méhpusztulást, ill. a méhcsaládok hirtelen elnéptelenedését. Bár évek óta folynak különböző vizsgálatok (pl. OMME monitoring), a probléma valódi okára máig nincs egyértelmű válasz. A bajok legfőbb okozójaként a *Varroa destructor* atka volt évekig a középpontban, de az újonnan behurcolt bélélősködő egysejtű (gomba-) faj, a *Nosema ceranae* is sokszor került gyanúba. Ismertté vált az is, hogy a méhvírusok általánosan elterjedtek a hazai méhállományokban, ahol 2-3, esetenként akár 4 méhvírust is ki lehet mutatni. A varroa, a nosema és a méhvírusok kimutatása nem jelent gondot a diagnosztikában, ám általános elterjedtségük miatt legtöbbször nem hozhatók közvetlen összefüggésbe a méhpusztulással. Annak ellenére, hogy az EU, és hazánk is egyre többet tesz a méhekre veszélyes toxikus anyagok használatának szabályozására, ezen anyagok ún. szubletális hatása folyamatosan fölvetődik. (Méreganyagok vizsgálatára pénzügyi okok miatt nem került sor ebben a munkában.)

A kutatásom a Fulmer Kft. három Baranya megyei telephelyén, két-két méhcsalád Nosema- és RNS-méhvírus-fertőzöttségét vizsgálta, valamint a méhekre ható éghajlati tényezők (a külső levegő hőmérséklete, a levegő relatív páratartalma, és harmatpont) műszeres összehasonlításával foglalkozik (2018-2019). Ezen túl, a pogányi telephely 2-2 erős és gyenge méhcsaládjának méhei metagenomikai vizsgálatra is kerültek. A méhmetagenom-vizsgálathoz a kiboncolt bélcatornából a SeqOmics Kft. *shotgun* DNS-szekvenálást végzett.

Az eredményeket összefoglalva: kutatásom két éve alatt kisebb-nagyobb mértékű nosema-fertőzöttség minden vizsgált méhcsaládban előfordult, viszont 2019-ben, ismeretlen okból, súlyosabb formában jelentkezett. Az RNS-vírusfertőzöttséget tekintve az itthon ismert öt méhvírus közül heveny méhbénulás vírus, fekete anyabölcső vírus, deformált szárny vírus, költéstömlősödés vírus gyakran volt kimutatható, de a krónikus méhbénulás vírus nem fordult elő egy méhcsaládban sem. A méh-metagenom vizsgálattal kimutattuk az *Apis mellifera filamentous virus-t* (új DNS-vírus), amelynek előfordulásáról van már hazai információ, de jelentősége egyelőre nem ismert. Találtunk számos tejsavbaktériumot (*Lactobacillus*, *Bifidobacterium* spp. stb.), és a méh bélflórájára jellemző baktérium-együttes előfordulását is igazoltuk (*Galliamella*, *Snodgrassella* spp. stb.), de emlősök bélcatornájára jellemző baktériumok is előfordultak. Méhmetagenom-vizsgálatra eddig itthon még nem került sor, és metodikai szempontból is jó alapot nyújthat szélesebb körű kutatómunkákhoz.

Az erős és a gyenge családok által mutatott változatos termelési eredményekre sem a kórokozók, sem a meteorológiai viszonyok, sem a mikrobiom összetételében tapasztalt eltérések egyelőre nem adtak kellő magyarázatot.

A méhpusztulások problematikája rendkívül fontos, és megoldást sürgető feladat, így további, egyszerre több tényezőre kiterjedő komplex kutatás elindítását, ill. folytatását teszi szükségessé.

Köszönetnyilvánítás: Kutatásunkat a Fulmer Kft, az Aranynektár Kft és az ÁTE kutatócsoporti pénzügyi támogatása tette lehetővé.

MÉZELŐ MÉHEK BÉL-MIKROBIOMJÁNAK FELMÉRŐ VIZSGÁLATA HAZAI MÉHÉSZETEK BEN

Krikó Eszter^{1,2*}, Békési László², Farkas Róbert², Makrai László³, Gyurkovszky Mónika², Solymosi Norbert¹

A mézelő méhek szerepe a növények beporzásában és a méztermelésben nemzetgazdasági szempontból kiemelkedő jelentőségű. Az utóbbi évek hazánkat is érintő nagymértékű méhpusztulásainak hátterében feltehetően az ízeltlábúakra mérgező hatású növényvédő szerek álltak. A legfrissebb méhegészségügyi szakirodalomban azonban megjelentek olyan adatok, amelyek azt jelzik, hogy az ízeltlábúak testi sejtjeit egyébként nem károsító méreganyagok a méhek egészséges bakteriótájának megváltoztatásával okozzák a méhcsaládok legyengülését, pusztulását. Az ilyen szubletális dózisú mérgezések állategészségügyi vizsgálata meglehetősen nehéz. Azonban a mikrobióta változásának követése segítséget nyújthat ezeknek a mérgezéseknek korai felismerésében és a kártételek csökkentésében. Jelenleg egyetlen olyan metagenomikai tanulmány ismert, amely a mézelő méhek mikrobiótájának leírását célozta, természetes környezetből származó minták alapján. Az Egyesült Királyságban végzett felmérés egyetlen időszakban, a méhek teljes testének metagenomját vizsgálta.

Munkánk célja az volt, hogy – Magyarországra vonatkozó reprezentatív minták alapján – megismerjük a hazai mézelő méhek bél-mikrobiótájának összetételét és természetes variabilitását.

Klimatikus paraméterek alapján osztályoztuk az ország járásait. A járasok közül rétegzett, véletlenszerű mintavétellel jelöltünk ki húszat. Minden kijelölt járásból egy méhészetet vontunk be a vizsgálatba. Március és május végén egy-egy héten belül mindegyik állományból mintát vettünk. Méhészetenként három-három családból, húsz-húsz dolgozót gyűjtöttünk. Mindkét mintagyűjtési időszakban ugyanazokat a családokat mintáztuk. A mintavétel után a méheket azonnal lefagyasztottuk, és boncolásukig -80 °C-on tároltuk. A mintafeldolgozás során minden családból tíz-tíz méh bélcsatornáját eltávolítottuk, amelyeket méhészetenként, mintavételként pooloztunk. Az így létrehozott biológiai minták mikrobiomját a DNS-kivonás után végzett shotgun-szekvenálással generált short read-ek bioinformatikai elemzésével írtuk le.

A mikrobiótát alkotó nemzetségek, fajok relatív abundanciájának klimatikus és szezonális eltéréseit írtuk le. Ez nem csak hazai eredményként új, de nemzetközileg sem közöltek ilyen adatokat. Emellett a *Nosema ceranae*, *Paenibacillus larvae* fertőzöttségről is országos képet kaptunk, illetve ezek méhészetenkénti, szezonális változásáról is újabb ismeretekhez jutottunk. Több méhészetből is kimutattuk a fonalas vírus (*Apis mellifera filamentous virus*, AmFV) jelenlétét, egyes családokból származó mintákból pedig a vírus genomjának jelentős részét is össze tudtuk állítani.

A egészséges mézelő méhek bélmikrobiom-összetételének, illetve annak változatosságának megismerése az első lépés a toxikus és egyéb tényezők bélmikrobiótára gyakorolt hatásának vizsgálatában. Olyan nemzetség- és fajsintű abundancia-tartományokat határoztunk meg, amelyek segítségével kisebb mikrobióta-eltérések is detektálhatók.

Köszönetet mondunk az OMME szakmai támogatásáért és a méhészetek tulajdonosainak segítőkész együttműködésükért, valamint az ÁTE kutatócsoporti pénzügyi támogatásáért.

REPRODUKTÍV SZINKRÓNIA MÉRÉSE ROVARPOPULÁCIÓKBAN: ÚJ INDEXEK DEFINIÁLÁSA ÉS TESZTELÉSE VALÓS ÉS SZIMULÁLT JELÖLÉS-VISSZAFOGÁSOS ADATOKON

Váczy-Földi Máté^{1*}, Kis János¹, Körösi Ádám^{2,3}, Kövér Szilvia¹

Egy rovarpopuláció azonos generációba tartozó egyedei nagyjából szinkronban töltik imágó életüket, ám a kikelés napjának időzítése, valamint az imágók (kifejlett egyedek) élettartam-varianciája miatt e szinkron nem tökéletes. Ehhez adódik a hímek nőstényeknél korábbi megjelenése a szaporodási időszak során (protandria). Az ivarok közötti aszinkronia csökkenti a párosodási lehetőségek számát, míg az ivaron belüli aszinkronia csökkenti a párosodásért folytatott versengés mértékét.

Célunk a szaporodási lehetőségekre és a versengés mértékére jellemző egyedi és populációs szintű szinkronia mérőszámok kidolgozása.

Definiáltunk egy rovar imágók szaporodási lehetőségeit egyedi szinten jellemző reprodukció szinkronia indexet (RS_i), melyet az i -edik egyed összes lehetséges ellentétes ivarú egyeddel vett párosításával számoltuk a páronként vett egyedi imágó-életek átfedésének és a lehetséges maximális átfedésnek hányadosával. A lehetséges maximális átfedés akkor következne be, ha azonos napon keltek volna ki az egyedek. Ehhez hasonlóan definiáltuk az egyedi kompetitív szinkronia indexet (CS_i), az ivaron belüli, az i -edik egyed tapasztalta párosodásért folytatott versengést mérendő. Végül definiáltuk az egész populáció ivarok közötti szinkroniáját (RS_p), ami megmutatja, hogy a populáció egyedei mennyire használják ki a párosodási lehetőségeket. Az egész populáció ivaron belüli szinkroniája (CS_p) pedig a szaporodásért folytatott versengés erősségének mérőszáma. A fenti szinkronia indexek az egész szaporodási időszakot lefedő jelölés-visszafogásos adatsorokból számíthatók. Az indexeket a Kis-Apolló lepke (*Parnassius mnemosyne*) szimulált és valós jelölés-visszafogásos adatsorain vizsgáltuk.

RS_i és CS_i értéke csökkent a párosodási időszak előrehaladtával, nőtt az élettartam növekedésével. RS_i mintázatában különbséget találtunk az ivarok között, míg CS_i mintázata hasonló volt. RS_i növekedésével CS_i is nőtt.

A felnőtt ivararány, valamint a hatékony ivararányal szemben az RS_i és CS_i indexek hangsúlyozzák az egyedi eltéréseket a párosodási lehetőségekben és versengésben. RS_p és CS_p felhasználható arra, hogy összehasonlítsuk különböző szaporodási időszakok, populációk, illetve fajok szinkroniáját. Az RS_i mintázatok ivari különbségét a protandriával magyarázhatjuk.

Kutatási finanszírozás: Vajna Flóra NKB kerete (kötelezettségvállalás száma: KEDH106320)

KIS APOLLÓ-LEPKÉK NEKTÁRFORRÁS-VÁLASZTÁSA

Vajna Flóra^{1*}, Szigeti Viktor², Harnos Andrea³, Kis János¹

Az állatok táplálékszükségleteiknek megfelelően és lehetőségeikhez mérten válogatnak a rendelkezésükre álló táplálékforrások között, ennek tanulmányozására a lepkék jó modell-állatok. A kifejlett lepkék válogatnak a nektárforrás-kínálatból, képesek alkalmazkodni dinamikusán változó forrásaikhoz, ugyanakkor gyakran ugyanazon a nektárnövény-fajon táplálkoznak időben egymást követően.

Célunk volt felmérni, hogy milyen nektárnövény-fajokat látogatnak a kis Apolló-lepkék, és megérteni, milyen virágtulajdonságok határozzák meg választásukat.

A lepkék viráglátogatásáról jelölés-visszalátás módszerrel gyűjtöttünk adatot 5+2 év alatt két egymáshoz közeli kis réten a Visegrádi-hegységben. A virággyakoriságot három naponta becsültük. A beporzó rovarok szempontjából fontos virágtulajdonságokat (szín, szerkezet, rovarbeporzás szerepe megtermékenyülésben, nektár- és pollenjuttatás mennyisége) adatbázisból gyűjtöttük. Annak megállapítására, hogy mely tényezők játszanak fontos szerepet a nektárforrás választásban, véletlen erdők módszerét és döntési fákat használtunk.

A repülési időszakonkénti viráglátogatási arány változott növényfajok között. Nagy változatosságot találtunk a látogatott növényfajok tulajdonságaiban és a két rét közötti virágkínálatban. A lepkék választását a virágok gyakorisága, színe és típusa befolyásolta az egyik réten, míg a másikon főleg a virággyakoriság és kisebb mértékben szín volt meghatározó, a véletlen erdők módszere szerint. A döntési fákból azt látjuk, hogy az egyik helyen a leggyakrabban látogatottak viszonylag gyakori előfordulású növények, kékek, lilák vagy pirosak és mély csövű korong alakú, illetve pillangós virággal rendelkeznek. A másik réten a leggyakrabban látogatott virágokra jellemző, hogy gyakori vagy közepesen gyakori virágok, színük pedig kék, lila vagy piros.

A választást befolyásoló egyes tényezők (pl. virágtulajdonságok) egymástól nem függetlenek, pl. a kék, lila és piros virágú fajok többsége hosszú pártájú is egyben, ami a szerkezet hatását elfedheti. A viráglátogatási mintázat mindkét élőhelyen erős válogatásra utal, és a két rét közötti különbség azt sugallja, hogy a válogatás mértéke környezetfüggő. Valószínű, hogy energiabefektetés-arányosan kinyerhető legtöbb és/vagy legjobb nektárt nyújtó fajokat látogatták a leggyakrabban. A kis Apollók által gyakran látogatott nektárnövény gyakran fordul elő az élőhelyükön; színe kék, lila vagy piros. Ahhoz, hogy egy élőhely megfelelő legyen egy adott lepkefaj számára, elsődleges szempont a lárvális tápnövény jelenléte, ám a felnőtt lepkék táplálékát biztosító nektárnövények jelenléte és milyensége valószínűleg szintén meghatározó.

Kutatási finanszírozás: Vajna Flóra NKB kerete (kötelezettségvállalás száma: KEDH106320), és PhD kerete (kötelezettségvállalás száma: KEHD16310)

A TESTMÉRET KAPCSOLATA A TÚLÉLÉSSEL KIS APOLLÓ-LEPKÉNÉL

Zorkóczy Orsolya Krisztina*, Kőrösi Ádám, Vajna Flóra, Szigeti Viktor, Kis János

Egy élőlény fitnessének ismerete kulcsfontosságú lehet egy faj vagy egy populáció megőrzésének szempontjából. Különösen igaz ez veszélyeztetett fajok esetében. Számos faj esetében a fitness közvetlenül nem mérhető, ezért más, azzal szoros kapcsolatban lévő változókon keresztül kell becsülnünk egy egyed potenciális szaporodási sikerét. Ilyen változók például a túlélés és a testméret. Rovarok esetében a nagyobb testű, nagyobb tömegű egyedek általában termékenyebbek és hosszabb ideig élnek, a hosszú élet pedig lehetőséget ad nagyobb mennyiségű tojás lerakására.

Vizsgálatunk során arra voltunk kíváncsiak, hogyan változik időben a testtömeg és a torszélesség, valamint a túlélés milyen kapcsolatban áll morfológiai változókkal, mint a szárny- és nyelv hossz, a torszélesség, illetve a testtömeg kis Apolló-lepkénél (*Parnassius mnemosyne*). Hasonló kérdéseket mindeddig csak labor körülmények között vizsgáltak, természetes lepkepopulációkban nem.

Méréseinket 2016–2019-ig a Visegrádi-hegységben található Hegyesden végeztük. Jelölés visszalátás adatokat gyűjtöttünk. Lemértük az egyedek torszélességét, testtömegét, szárny- és nyelv hosszát, a torszélességet és a tömeget 3–4 naponta visszamértük. Ezután elvégeztük a túlélésbecsléseket, valamint elemeztük a torszélesség- és testtömegváltozás adatokat.

Mind a nőstények, mind a hímek testtömege és torszélessége csökkent a korrallal, és a túlélés alacsonyabb volt gyorsabb ütemű csökkenésnél. A csak az első befogás során mért változók közül a szárnyhosszal nőtt a túlélés, és bizonyult a legjobb túlélésbecslő változónak, habár nőstényeknél 2018-ban nem volt szignifikáns kapcsolat. A többi változó hatása a túlélésre évenként és ivaronként változó volt.

A testtömeg és torszélesség csökkenése úgy tűnik, jó mutatói az öregedésnek. Az évek közötti változás a túlélés és testméret kapcsolatában erős környezeti hatást sejtet. Ezek közül a nyelv hossz hatásában jelentkező variancia oka talán megérthető. Habár a hosszabb nyelvű egyedek tovább éltek a legtöbb évben, 2018-ban a hímeknél a kapcsolat fordított volt. Ez évben a hosszú pártacsövű fő nektárforrás gyakorisága csökkent a meleg tavaszi időjárás miatt, így a lepkék kénytelenek voltak rövidebb pártacsövű virágokat látogatni. A viszkózusabb nektárforrás felszívása sekélyebb kelyhekből több erőfeszítést kíván hosszabb pödörnyelven keresztül, így a rövidebb nyelv effektívebb lehet mikor a hosszú pártacsövű növények ritkák.

Eredményeink azt sugallják, hogy a testméret túlélésre gyakorolt hatása sok más környezeti tényezővel együttesen határozza meg a túlélést, és ezáltal – egymás hatását gyengítve vagy erősítve – a lepkék szaporodási sikerét.

Kutatási finanszírozás: Vajna Flóra NKB kerete (kötelezettségvállalás száma: KEDH106320)

ROKONELKERÜLÉS VIZSGÁLATA PARLAGI SASNÁL

Zsinka Bernadett*, Kövér Szilvia, Vili Nóra

A beltenyésztés az egyedek csökkent fitnesséhez vezethet, így az evolúció során kialakultak különböző mechanizmusok a rokonokkal történő párosodás elkerülésére. A rokonelkerülés meglétére utal, ha a tényleges párok átlagos rokonsága szignifikánsan kisebb, mint a véletlenszerűen párba állított egyedek átlagos rokonsága. A rokonságbecslések megbízhatóságát nagyban meghatározza a használt markerkészlet és az alkalmazott rokonságbecslő módszer.

Kutatásunk célja a rokonelkerülés meglétének vizsgálata a fokozottan védett parlagi sas hazai populációjában. A sok közel rokont eredményező monogámia és kismértékű diszperzió miatt feltételeztük a rokonelkerülés meglétét ennél a fajnál.

A DNS-profilokat 9 mikroszatellita lokuszt használva készítettük el, a költő egyedek esetében a fészkek alól gyűjtött vedlett tollakból, a fiókák esetében a gyűrűzésekori tépett hónalj tollból. 87 költő tojót, 70 költő hímét és 31 fiókát vizsgáltunk a 2011–2018-as időszakból. A rokonságbecslő módszerek (Lynch-Ritland, Queller-Goodnight, Wang) tesztelését biztosan ismert rokonsági fokú (szülő-utód, édestestvér, féltestvér, nem rokon) valós, és a populációs allélgyakoriságok alapján előállított virtuális egyedpárokon végeztük. A rokonelkerülést permutációs teszttel vizsgáltuk: a valós költőpárok átlagos rokonságát véletlenszerűen összesorsolt hím-tojót párok átlagos rokonságának eloszlásával vetettük össze. Utóbbi eloszlást a költő egyedek random párba állításának és rokonságbecslésének 10 000-szeres ismétlésével kaptuk meg.

Az ismert rokonsági fokú egyedpárokon végzett tesztek során mindhárom módszer az elméleti értékhez közelinek becsülte a virtuális populáció egyedpárjainak rokonságát, azonban a véletlenszerűen párba állított valós költőkhöz készített virtuális utódok esetében az édestestvérek rokonságát az elméleti értéknél nagyobbak, a tényleges párt alkotó valós költők és valós utódaik esetében pedig mind a szülő-utód párok, mind az édestestvérek rokonságát az elméleti értéknél kisebbnek becsülték a módszerek. A legmegbízhatóbbnak ítélt Lynch-Ritland módszerrel becsülve a tényleges költőpárok átlagos rokonsága $-0,016$ -nak adódott, amely nem tér el szignifikánsan a véletlenszerűen összesorsolt hím-tojót párok átlagos rokonságától.

Eddigi eredményeink alapján nem találtunk bizonyítékot a rokonelkerülés meglétére a parlagi sas esetében, hasonlóan a faj egy másik populációján végzett korábbi kutatás eredményéhez. A tesztek során az édestestvér és szülő-utód egyedpárok rokonságának elméleti értéktől való eltérése utalhat a valós költő egyedek beltenyésztettségére. A továbbiakban a megbízhatóbb rokonságbecslés érdekében további lokuszokkal fogjuk bővíteni markerkészletünket, és egy újabb rokonságbecslő módszer tesztelését is elvégezzük.

Kiemelt köszönettel tartozunk a Konzerváció-genetikai Kutatócsoport és az MME munkatársainak. A kutatás európai uniós LIFE-projektek (Helicon LIFE10NAT/HU/019, PannonEagle LIFE15 NAT/HU000902) keretében valósulhatott meg.