

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA
SZENT ISTVÁN EGYETEM
ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK

PARAZITOLÓGIA, ÁLLATTAN, HALKÓRTAN

2008. évi 35. füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kolleganők és Kollegák !

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága a 2009. január 26-29 között tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló „akadémiai beszámoló” üléseket, melyeken a társrendező, Állatorvos-tudományi Doktori Iskola, kérésének megfelelően a PhD hallgatók szereplését külön is elvárjuk.

Az egyes szekciók üléseinek helyét és idejét a mellékelt beosztásban tüntettük fel.
Az előadások és azt követő megvitatás időtartama általában: 10 + 5 perc.

Az előadások összefoglalóit – ezen szekciófüzetekbe csoportosítva - elektronikus úton és nyomtatványként is közre adtuk. Kérjük, hogy az összefoglalók anyagát minden esetben - megvitatásra alkalmas formában – előadni szíveskedjenek.

Ami a vitát illeti, a résztvevőket, a bizottsági tagokat és az üléselnököket külön is kérjük arra, hogy, kérdéseikkel, hozzáfűzött megjegyzéseikkel szíveskedjenek az előadottak részletesebb megismerését, értékelését és a beszámoló csoportok további munkáját segíteni. Mivel sokan úgy véljük, hogy a tudományos előrehaladás és a fiatalok tudományos fórumokhoz való szoktatása szempontjából a vita majdnem olyan fontos mint maga az előadás, ezért a hasznos és előrevivő vitához szükséges „műhely légkör” kialakítását és fenntartását valamennyi résztvevőtől de különösen a bizottsági tagoktól és az elnököktől ez úton is tisztelettel kérjük.

Az egyes szekciók titkárait arra is kérem, hogy a szekcióülésről február végéig készítsenek és juttassanak el hozzám egy-egy rövid, közérthető formában megírt, s a szekció elnökkel(elnökökkel) egyeztetett tájékoztatót (a Magyar Állatorvosok Lapja részére), mely tartalmazza az elhangzott legfontosabb megállapításokat.

A szekció ülések anyagait az MGSZH Központ Állatgyógyászati Termékek Igazgatósága (Dr. Soós Tibor bizottsági titkár úr) irányítása alatt rendezte füzetekbe, nyomtatta ki és küldte meg az egyes intézeteknek, illetve személyeknek. Kérjük az intézetek vezetőit, hogy az elektronikus úton megküldött anyagból továbbítsanak ill. kellő példányszámban másoltassanak munkatársaik és érdeklődő nyugdíjasaik számára is. Kérjük, továbbá, hogy munkatársaikat segítsék az üléseken való aktív és sikeres részvételben.

Előre is köszönjük a szekció elnökök, a titkárok, a bizottsági tagok és valamennyi előadó munkáját, s külön is köszönjük az összefoglaló füzeteket előállító munkacsoport (Németh Veronika és dr. Vinczer Péterné) nélkülözhetetlen segítségét.

Budapest, 2009. január

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága nevében,
Sikeres, Boldog Új esztendőt kívánva,

Dr. Nagy Béla, elnök s.k.

Az akadémiai beszámolólok beosztása és szekcióbizottságai (2009. január 26.-29)

A szekció megnevezése	A szekcióülés ideje	A szekcióülés helye	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
Élettan, biokémia, kórélettan, morfológia	2009. I. 26. hétfő, 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Frenyó V. László Dr. Bartha Tibor Dr. Sótonyi Péter Dr. Veregyházi Tamás Dr. Husvéth Ferenc	Dr. Zsarnovszky Attila	Dr. Kutas Ferenc Dr. Halasy Katalin Dr. Vajdovich Péter
Élelmiszerhigiénia	2009. I. 26. hétfő, 13.00-tól	Továbbképzés tanterem	Dr. Laczay Péter Dr. Sas Barnabás Szeitzné dr. Szabó Mária	Dr. Székely Körmöczy Péter	Dr. Bíró Géza Dr. Lombai György Dr. Nagy Béla Dr. Szita Géza Dr. Kovács Sándor Dr. Búza László
Virologia, immunológia, Bakteriológia	2009. I. 27. kedd, 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Harrach Balázs Dr. Soós Tibor Dr. Nagy Béla Dr. Fodor László Dr. Bernáth Sándor Dr. Stipkovits László	Dr. Benkő Mária Dr. Jánosi Szilárd	Dr. Rusvai Miklós Dr. Pálfi Vilmos Dr. Drén Csaba Dr. Bakonyi Tamás Dr. Hajtós István Dr. Magyar Tibor Dr. Tóth István
Állathigiénia, állattenyésztés, genetica takarmányozásian	2009. I. 28. szerda, 8.30-tól	Továbbképzés tanterem	Dr. Szabó József Dr. Brydl Endre Dr. Kovács Melinda	Dr. Bersényi András	Dr. Fekete Sándor Dr. Rafai Pál Dr. Zöldág László Dr. Hullár István Dr. Fébel Hedvig
Parazitológia, állattan, halkórtan	2009. I. 28. szerda, 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Kassai Tibor Dr. Molnár Kálmán Dr. Hornung Erzsébet	Dr. Baska Ferenc	Dr. Békési László Dr. Csaba György Dr. Farkas Róbert Dr. Varga István
Klinikumok, gyógyszeratan, toxikológia	2009. I. 29. csütörtök 8.30-tól	Belgyógyászat tanterem	Dr. Gálfi Péter Dr. Vörös Károly Dr. Szenci Ottó	Dr. Sterczer Ágnes Dr. Németh Tibor	Dr. Sályi Gábor Dr. Sas Barnabás Dr. Várnagy László Dr. Zöldág László Dr. Turóczy Julianna Dr. Bajcsy Csaba Dr. Bodó Gábor

TARTALOMJEGYZÉK

1. A *MYXOBOLUS PSEUDODISPAR* FEJLŐDÉSÉNEK RÉSZLETES VIZSGÁLATA
Marton Szilvia PhD-hallgató, *Eszterbauer Edit* PhD
2. MIT MONDANAK A GÉNEK A NYÁLKASPÓRÁS HALPARAZITÁK EREDETÉRŐL?
Eszterbauer Edit PhD
3. NYÁLKASPÓRÁS FAJOK GAZDAFAJLAGOSSÁGA ÉS HISZTOTROPIZMUSA MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATOK ALAPJÁN
Cech Gábor PhD-hallgató, *Székely Csaba* PhD, *Molnár Kálmán* DSc
4. HALPARAZITA NYÁLKASPÓRÁSOK OLIGOCHAETA ALTERNATÍV GAZDÁKBAN VALÓ FEJLŐDÉSÉNEK VIZSGÁLATA A BALATONBAN
Kelemen Olga, *Ostoros Györgyi*, *Cech Gábor* PhD-hallgató, *Székely Csaba* PhD
5. EGY RÉGI-ÚJ *VECTOR-BORNE* KÓRKÉP: A JUHOK EPERYTHROZONOSISA MAGYARORSZÁGON
*Hornok Sándor*¹ PhD, *Marina Meli*² PhD, *Erdős András*³ *Hajtós István*³ PhD, *Hans Lutz*² PhD, *Regina Hofmann-Lehmann*² PhD
6. A RICKETTSIALES ÉS A MYCOPLASMATALES REND KÉPVISELŐINEK ELŐFORDULÁSA HAZAI KULLANCSOKBAN ÉS BOLHÁKBAN
*Hornok Sándor*¹ PhD, *Marina Meli*² PhD, *Andrea Perreten*², *Farkas Róbert*¹ PhD, *Barbara Willi*² PhD, *Hans Lutz*² PhD, *Regina Hofmann-Lehmann*² PhD
7. KUTYÁK *LEISHMANIA INFANTUM* OKOZTA FERTŐZÖTTségÉNEK MOLEKULÁRIS DIAGNOSZTIKÁJA
Tánczos Balázs, *Farkas Róbert* PhD
8. GYÍKFAJOK SZEREPE A KULLANCSOK ÉS AZ ÁLTALUK TERJESZTETT SPIROCHAETÁK FENNTARTÁSÁBAN
*Rigó Krisztina*¹, *Viktória Majláthová*² PhD, *Igor Majláth*³ PhD, *Farkas Róbert*¹ PhD, *Branislav Pet'ko*² PhD, *Földvári Gábor*¹ PhD
9. ÖZEKRŐL ÉS GÍMSZARVASOKRÓL GYŰJTÖTT *IXODES RICINUS* BARTONELLÁK OKOZTA FERTŐZÖTTségÉNEK
Biró Nóra, *Tánczos Balázs*, *Farkas Róbert* PhD
10. MACSKABOLHÁK *BARTONELLA HENSELAE* FERTŐZÖTTségÉNEK VIZSGÁLATA SEMI-NESTED PCR MÓDSZERREL
*Tánczos Balázs*¹, *Nina Cecilie Bugge*¹, *Henri-Jean Boulouis*², *Elizabeth Petit*², *Farkas Róbert*¹ PhD
11. A *DIROFILARIA IMMITIS* (LEIDY, 1856) AUTOCHTON ELŐFORDULÁSA KUTYÁBAN MAGYARORSZÁGON
*Jacsó Olga*¹ PhD-hallgató, *Mándoki Míra*², *Pétsch Márta*³ PhD-hallgató, *Majoros Gábor*¹ PhD, *Michele Mortarino*⁴, *Claudio Genchi*⁴, *Fok Éva*¹ PhD

12. ZSÚFOLTSÁGI ÉS KERESZT-ZSÚFOLTSÁGI INDEXEK A GAZDA-PARAZITA KAPCSOLAT LEÍRÁSÁBAN

Lang Zsolt¹, Reiczigel Jenő¹ PhD, Rózsa Lajos² DSc

13. BIOAKKUMULÁCIÓ FORENZIKUS JELENTŐSÉGE *Parasarcophaga argirostoma* (Diptera: Sarcophagidae) LÁRVÁKBAN

Bozó Csaba¹ PhD-hallgató, Farkas Róbert² PhD és Keller Éva¹ egyetemi tanár

14. ÚJABB ADATOK AZ ŐZ, A DÁM- ÉS A GÍMSZARVAS BŐRBAGÓCSOSSÁGÁHOZ

Sugár László¹ és Kovács András²

15. A KARÓRÁGÁS GÁTLÁSÁVAL CSÖKKENHET A LOVAK STRESSZEL SZEMBENI MEGKÜZDŐ KÉPESSÉGE

Nagy Krisztina^{1,2}, Bodó Gábor¹ PhD, Bárdoss György³ PhD, Harnos Andrea² PhD

16. A CSERREGŐ ÉS AZ ÉNEKES NÁDIPOSZÁTA (*ACROCEPHALUS SCIRPACEUS*, *A. PALUSTRIS*) VONULÁSFENOLÓGIÁJÁNAK VÁLTOZÁSA 1984–2007 KÖZÖTT

Nagy Krisztina^{1,2}, Csörgő Tibor Dr. Univ.³, Harnos Andrea PhD^{1,2}, Kovács Szilvia²

EBÉDSZÜNET

17. A SZOCIÁLPARAZITA *MACULINEA* BOGLÁRKALEPKÉK KÁRPÁT-MEDENCEI HANGYAGAZDÁI ÉS PARAZITOIDJAI

Tartally András PhD

18. AZ URBANIZÁCIÓ HATÁSA A TALAJFAUNÁRA: ÁSZKARÁK EGYÜTTESEK VIZSGÁLATA DEBRECENBEN

Vilisics Ferenc tud. smts.¹, Hornung Erzsébet CSc¹, Tóthmérész Béla DSc²

19. ARMADILLIDIUM (ISOPODA) FAJOK ÖKOLÓGIAI IGÉNYEI ÉS MORFOLÓGIAI SAJÁTOSSÁGAI

Csonka Diána¹ III. évf. biológia BSc, Halasy Katalin² DSc, Hornung Erzsébet¹ CSc

20. HÁROM ARMADILLIDIUM FAJ (CRUSTACEA: ISOPODA) ÖSSZEHASONLÍTÓ VIZSGÁLATA: TÁPLÁLÉK-VÁLASZTÁS, GENETIKAI POLIMORFIZMUSUK FELMÉRÉSE

Somoskői Bence III. évf. biológia BSc, Vili Nóra biológus, Hornung Erzsébet CSc

21. NICHE SZEGREGÁCIÓ VIZSGÁLATA SZÁRAZFÖLDI ÁSZKARÁK FAJOKON (*ISOPODA: CRUSTACEA*)

Végh Attila V. évf. alk. zoológus¹, Rok Kostansjek PhD², Hornung Erzsébet CSc¹

22. A MALAKOFAUNA LONGITUDINÁLIS ELOSZLÁSA EGY PATAK–FOLYAM KONTINUUM MENTÉN

Bódis Erika^{1,2} PhD-hallgató, Hornung Erzsébet² CSc

23. SZÁRAZFÖLDI CSIGÁK MIKROSKÁLÁN: KULCSÉLŐHELYEK ÉS GYŰJTÉSI MÓDSZEREK

Kemencei Zita PhD-hallgató, Sólymos Péter PhD, Vilisics Ferenc tud. smts, Hornung Erzsébet CSc

24. A KERTI POSZÁTA (*SYLVIA BORIN*) VONULÁSI STRATÉGIÁJA ÉS VONULÁSFENOLÓGIÁJÁNAK VÁLTOZÁSA 1984–2007 KÖZÖTT

Kovács Szilvia PhD-hallgató¹, *Csörgő Tibor* Dr. Univ.², *Harnos Andrea* Habil. PhD^{1,3}, *Nagy Krisztina*³, *Reiczigel Jenő* Habil. PhD^{1,3}

25. A DUNAI HALIVADÉK KÖZÖSSÉGEK VIZSGÁLATA, TEKINTETTEL EGYES TERMÉSZETES KÖRNYEZETI VÁLTOZÁSOK HATÁSAI

Gaebele Tibor^{1,2} II. évf. PhD-hallgató, *Hornung Erzsébet* CSc¹, *Guti Gábor* PhD²

Határidő után érkezett beszámoló

GYEPTERÜLETEK KASZÁLÁSÁNAK HATÁSA A KÉK VÉRCSÉK GERINCTELEN TÁPLÁLÉKÁNAK DENZITÁSÁRA ÉS A KÉK VÉRCSÉK VADÁSZATI HATÉKONYSÁGÁRA

Fehérvári Péter PhD hallgató^{1,4}, *Szövényi Gergely* tanársegéd⁶, *Solt Szabolcs*⁴, *Palatitz Péter*⁴, *Harnos Andrea* Habil. PhD^{1,2}

A *MYXOBOLUS PSEUDODISPAR* FEJLŐDÉSÉNEK RÉSZLETES VIZSGÁLATA

Marton Szilvia, Ph.D. hallgató, Eszterbauer Edit, Ph.D.

A *Myxobolus pseudodispar* (Myxozoa, Myxosporea) a pontyfélék gyakori nyálkaspórák parazitákja. Különlegességét az adja, hogy a legtöbb nyálkaspórák fajjal ellentétben széles gazdaspektrummal rendelkezik. A bodorka (*Rutilus rutilus*), a karika keszeg (*Blicca bjoerkna*), a dévérkeszeg (*Abramis brama*), a vörösszárnyú keszeg (*Scardinius erythrophthalmus*) és a szélhajtó kűsz (*Alburnus alburnus*) bizonyítottan szerepel az élősködő gazdái között. A halak izomzatában intracellulárisan fejlődve képez cisztákat. Intézetünk Halkórtani Témacsoportjának munkatársaival végzett korábbi kísérletes vizsgálatoknak köszönhetően tudjuk, hogy a többi nyálkaspórákhoz hasonlóan a *M. pseudodispar* fejlődési ciklusa is kétgazdás, a halból kiszabaduló myxospóra stádiumok a kevéssertéjű férgek (*Tubifex tubifex* és *Limnodilus hoffmeisteri*) fertőzik, majd a belőlük kiszabaduló aktinospórák fertőzik vissza a halakat. A *M. pseudodispar*-t a többi izomzatban fejlődő intracelluláris nyálkaspórák fajtól 18S rDNS szekvenciája és a spórák morfológiája alapján is el lehet különíteni. A morfológiai elkülönítést a myxospóra és az aktinospóra fejlődési stádiumokra jellemző különleges aszimmetrikus felépítés segíti.

A folyamatban lévő vizsgálatok során főleg a kevéssertéjű férgekben (Annelida, Oligochaeta) zajló fejlődésmentre koncentrálnak. A parazita Oligochaeta gazdaspektruma mellett azt vizsgáljuk, hogy a féregpopulációk fajösszetétele hogyan befolyásolja a fertőzés kimenetelét. Ezenkívül azt is szeretnénk megtudni, hol és hogyan jut be a parazita a gazdába, és mi a fejlődés útvonala. Ehhez mind kísérletes mind molekuláris módszereket alkalmazunk.

A *M. pseudodispar* gazda-fajlagosságának vizsgálatához fertőzési kísérleteket végzünk, valamint a felhasznált oligochaeta állományokat molekuláris és morfológiai alapon jellemezzük. Az egyik fogékony féregállományunkat részletesen vizsgálva eddigi eredményeink azt mutatják, hogy a fertőzött egyedek között a legnagyobb arányban a 2b és a 3a leszármazási vonalba (lineage) tartozó *Tubifex tubifex* egyedek találhatóak. Ha a fertőzöttség arányát is nézzük, akkor a 2b vonalba tartozó férgek körülbelül kétharmada, míg a 3a vonalba tartozóak nagyjából fele volt sikeresen fertőzhető *M. pseudodispar*-ral. Míg abban az állományban, ami nem volt fogékony a fertőzésre, más leszármazási vonalba tartozó férgek előfordulása volt jellemző. *Tubifex tubifex*-en kívül több *Limnodrilus* faj is előfordul az állományainkban, és ez utóbbiak egy része is fertőzhető volt.

A jelenleg is zajló vizsgálatokkal a *M. pseudodispar* fejlődésének eddig nem tisztázott részleteit kívánjuk felderíteni, amely magyarázatot adhat a parazita gyakori előfordulására és széles gazdaspektrumára. Első lépésként a fertőzésre fogékony és rezisztens Oligochaeta fajok elkülönítését végeztük el, mely kibővítette a parazita fejlődésével kapcsolatos eddigi ismereteinket és segítette a megfelelő fajösszetételű féregtenyésztés kiválasztását a további vizsgálatokhoz.

MIT MONDANAK A GÉNEK A NYÁLKASPÓRÁS HALPARAZITÁK EREDETÉRŐL?

Eszterbauer Edit, Ph.D.

Miután az első nyálkaspórási fajok (Myxozoa) 18S riboszomális DNS szekvenciái ismertté váltak az 1990-es évek elején, megkezdődött a csoport eredetének és rendszertani helyének molekuláris alapú vizsgálata. Több kutatócsoport is foglalkozott a kérdéssel eltérő következtetésekre jutva. Az egyik nézet a fonálférgesek (Nematoda) rokonaiként azonosította a nyálkaspórási fajokat. A morfológiai és molekuláris adatok felhasználásával készült későbbi elemzések arra az eredményre jutottak, hogy a myxozóák a csalánozókhöz (Cnidaria) tartoznak a halparazita *Polypodium hydriforme* legközelebbi rokonaként. Voltak azonban olyan, *Hox* géneken alapuló filogenetikai elemzések is, melyek a nyálkaspórási fajok egy jóval ősbibb triploblast-eredetét mutatták ki. 2003-ban cseh kutatók egy átfogó, de még mindig riboszomális géneken alapuló filogenetikai elemzést publikáltak. Ez ugyan megerősítette a csalánozókkal való közeli rokonságot, mivel azonban a nyálkaspórási fajok a csalánozóktól külön ágon helyeződtek, átmeneti csoportként azonosították őket a korai sugaras szimmetriájúak (Radiata) és a kétoldali szimmetriájúak (Bilateria) között. Áttörést jelentett angol kutatók 2007-ben közölt, a nyálkaspórási fajok egyik legkülönlegesebb faján, a *Buddenbrockia plumatellae*-n végzett genomikai és filogenetikai vizsgálata. Az 50 fehérjét kódoló gén alapján készült részletes elemzés kis bizonytalansággal ugyan, de megerősítette a nyálkaspórási fajok csalánozókhöz tartozását.

Ezen előzmények után kezdtem el a pisztrángok kergekórját okozó *Myxobolus cerebralis* faj nemrégiben azonosított fehérjéinek filogenetikai elemzését. A vizsgálatba vont 15 különböző fehérjét kódoló gén egyike sem volt azonos az eddig kimutatott *Buddenbrockia* génekkel. A aminosav-alapú homológia keresés (Blastp) során már látható volt, hogy az egyes fehérjék teljesen eltérő taxonok fehérjéivel mutatnak hasonlóságot. Meglepő módon, a vizsgált *M. cerebralis* fehérjék harmada az újszájúakhoz (Deuterostomia) tartozó tüskésbőrűek (Echinodermata), zsákállatok (Tunicata) és gerincesek (Vertebrata) fehérjéihez hasonlított leginkább. A távolsági paraméterrel végzett filogenetikai elemzés hasonló eredményhez vezetett azzal a különbséggel, hogy a csalánozók, gombák (Fungi) és egysejtűek (Protozoa) nagyobb százalékban voltak jelen a rokon taxonok között mint az újszájúak. Ezenkívül látványos volt az újszájúakhoz (Protostomia) tartozó fonálférgesek (Nematoda), puhatestűek (Mollusca) és ízeltlábúak (ezen belül a kétszárnyúak, Diptera) háttérbe szorulása a többi csoporthoz képest.

A vizsgált 15 fehérje alapján a nyálkaspórási fajokat reprezentáló *M. cerebralis* faj filogenetikai elemzése megerősíti a csalánozókkal való közeli rokonságot. Ezenkívül a fehérje-szintű hasonlóságok alapján elképzelhető, hogy a mai újszájúak (beleértve a gerinceseket) és a nyálkaspórási fajok (a rokon taxonokkal együtt) egy hasonló genetikai állományú közös őssel rendelkeztek, és számos fehérjét kódoló gént megőriztek genomjukban, amit a többi gerinctelen csoport (férgesek, puhatestűek, ízeltlábúak) elveszített az évmilliók során.

NYÁLKASPÓRÁS FAJOK GAZDAFAJLAGOSSÁGA ÉS HISZTOTRPIZMUSA
MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATOK ALAPJÁN

Cech Gábor PhD hallgató, Székely Csaba PhD, Molnár Kálmán az. tud. doktora

A nyálkaspórások a halak gyakori és fajokban gazdag élősködői. Gazdasági jelentőségükön kívül bonyolult fejlődési ciklusuk, és különleges, csupán az utóbbi időkben tisztázott rendszertani helyük indokolja az irántuk való különleges érdeklődést. A halak különböző szerveiből izolált morfológiailag el nem különíthető myxospórák 18S rDNS szekvenciái alapján próbálunk következtetni azok gazdafajlagosságára és hisztotropizmusára. Vizsgálataink során négy cyprinida halfaj, a kűsz, a bodorka, a karikakeszeg és a jászkeszeg *Myxobolus* fertőzöttségét tanulmányoztuk.

A karikakeszeg kopoltyújáról sikerült izolálni egy parazitát, amely a dévérkeszegen élősködő *M. macrocapsularis*-hoz hasonló. A gazdák, a bodorka és a dévérkeszeg közeli rokon halfajok, ezért megvizsgáltuk, hogy ugyanarról-, vagy két különböző parazitáról van szó. Ennek megválaszolására meghatároztuk az új parazita 18S rDNS szekvenciáját, ami 100 %-os azonosságot mutatott a dévérkeszegen található *M. macrocapsularis*-szal.

A kűsz és a bodorka kopoltyúlemezeinek porcos vázából egyaránt előkerült egy-egy parazita, amelyek morfológiájukban egymásra meglehetősen hasonlítottak. Ezekben a plazmódiumokban viszonylag kevés, legfeljebb 500 spóra fejlődött. A két halfajból izolált spórák morfológiailag egymáshoz hasonlítottak, és ugyancsak hasonló morfológiájúak voltak a kopoltyúlemezek artériáiban fejlődő *M. margitae* faj spóráira. A molekuláris vizsgálatok szerint azonban a két porcra izolált faj nem ugyanaz, egymással, a szekvenciák csak 97,2%-ban egyeztek, illetve a *M. margitae*-val is csak 97%-os hasonlóságot lehetett találni.

A jászkeszegtől négy olyan parazita került elő, amelyekhez morfológiájukban és szöveti lokációjukban nagyon hasonlót előzőleg már leírtak a domolykóról, így a kopoltyúredőkben fellelhető *M. intimus*, a kopoltyúlemezek hámszélén megtelepedő *M. dujardini*, a kopoltyúlemezek artériáiban fejlődő *M. muelleri* és a bélfalban növekvő *M. gayerae*. A két halfajról izolált paraziták között morfológiai különbség egyedül a *M. gayerae* esetében található, ahol is méretbeli eltérés fedezhető fel a két különböző halról izolált nyálkaspórás között. A szekvenciavizsgálatok azonban mindegyik parazita esetében jelentős különbségeket állapítottak meg a morfológiailag hasonló fajok között. Így a *M. intimus* 99, a *M. dujardini* 95,8, a *M. muelleri* 96,7, a *M. gayerae* pedig 92,5%-ban különbözött a jászkeszegen található hasonló fajtól.

Az eredmények értelmezéséhez érdemes figyelmet fordítanunk a gazdahalak jelenlegi rendszertanára is. A dévérkeszeg és a karikakeszeg egy alcsaládon belül egymáshoz nagyon közel helyezkedik el, ezért nem meglepő, hogy ugyanaz a *Myxobolus* faj képes megfertőzni mindkettejüket. A kűsz és a bodorkát két külön alcsaládba sorolják, egymástól viszonylag távol helyezkednek el, ez magyarázhatja, miért adott eltérő eredményt a szekvenciavizsgálat. A jászkeszeget és a domolykót régebben egy alcsaládba és egy genusba rendszerezték, azonban az újabb, részint molekuláris vizsgálatokon is alapuló osztályozások már két külön alcsaládba helyezik a két fajt. Ennek megfelelően a nyálkaspórás parazitáik is viszonylag nagy különbséget mutatnak a molekuláris vizsgálatokban.

Köszönetnyilvánítás: OTKA K 71837. sz. szerződés anyagi támogatásáért.

HALPARAZITA NYÁLKASPÓRÁSOK OLIGOCHAETA ALTERNATÍV GAZDÁKBAN VALÓ FEJLŐDÉSÉNEK VIZSGÁLATA A BALATONBAN

Kelemen Olga, Ostoros Györgyi, Cech Gábor, Székely Csaba

A nyálkaspórások a halak jelentős pathogenitással rendelkező fajspecifikus élősködői, melyek csaknem valamennyi halfajt fertőzni képesek, s a Balatonban is igen nagy fajgazdagsággal képviseltetik magukat. A nyálkaspórások fejlődésében egy alternatív féreggazda, legtöbb esetben kevésértéjű féreg is szerepet játszik. A férgekben egy u.n. actinospóra alakul ki, amely a halra nézve fertőzőképes. Az egyes fajok fejlődési szakaszainak reprodukálásával a kórtani folyamatok is tanulmányozhatóvá válnak.

Egy 2008-ban indult négy éves felmérés keretében, rendszeres mintavételezéssel különböző balatoni biotópokról (Keszthely, Tihany, Balatonszemes, Kis-Balaton) kevésértéjű férgeket gyűjtünk, amelyekből „cell-well plate” technika segítségével actinosporákat izolálunk. A kinyert actinosporák morfológiai jellemzését követően az adott actinospóra-típusok 18S rDNS gén szekvenciáit határozzuk meg. Az általunk nyert szekvenciákat a génbankban lévő, halmyxospóra szekvenciákkal összevetve szerencsés esetben meghatározhatjuk az egyes halparazita-nyálkaspórások férgekben fejlődő alakjait. Ezzel a módszerrel kiváltható a rendkívül munka- és időigényes, fejlődési ciklus kísérletek végzése.

A néhány hónapja tartó munka eredményeképpen eddig 13 morfológiailag különböző actinospóra típust (5 triactinomyxon, 3 echinactinomyxon, 5 aurantiactinomyxon) izoláltunk. Az actinospóra típusok morfológiai jellemzése és molekuláris biológiai módszerekkel történő meghatározása folyamatban van.

A már elkészült szekvencia eredmények alapján sikeresen azonosítottunk két, *Isochaetides michaelsoni* oligochaeta alternatív gazdában fejlődő, ez idáig még ismeretlen triactinospóra típust (TAM TB5 és TAM SZT3 típusok), amelyek teljes genetikai azonosságot mutattak a szélhajtó kűszben élősködő *Myxobolus shaharomae* (Génbanki szám: EU567312), és a vöröszárnyú keszegben fejlődő *Myxobolus erythrophthalmi* (Génbanki szám: EU567311) nyálkaspórás-fajokkal. Ezáltal két ismert halparazita nyálkaspórás faj oligochaeta gazdában fejlődő actinospóra stádiumát-, ill. teljes fejlődési ciklusát ismerhettük meg.

Köszönetnyilvánítás: A munka anyagi fedezetét az OTKA K 71837 szerződés biztosította

EGY RÉGI-ÚJ *VECTOR-BORNE* KÓRKÉP: A JUHOK EPERYTHROZONOSISA MAGYARORSZÁGON

Hornok Sándor¹, PhD, Marina Meli², PhD, Erdős András,³ Hajtós István³, az ao. tud.
kandidátusa, Hans Lutz², PhD, Regina Hofmann-Lehmann², PhD

A juhok eperythrozoonosisa általában bárányokban, ill. fiatalabb juhokban okoz tüneteket (romló súlygyarapodás, anaemia, áll alatti oedema) vagy akár mortalitást. Idősebb korú állatokban elhúzódó fertőzöttség alakulhat ki, amely azonban csak enyhe klinikai-kórtani következményekkel jár. Az *Eperythrozoon ovis* (Rickettsiales rend) valódi rendszertani hovatartozása (Mycoplasmatales rend) csak molekuláris biológiai vizsgálatok segítségével tisztázódott, és ezzel együtt szükségessé vált *Mycoplasma ovis*-ként való átnevezése is. A haemotropicus mycoplasmáknak egy, a 16S rRNS génben található deléció alapján megkülönböztethető két típusát (fajait) már többféle gazdában megtalálták (így macskában, kutyában, szarvasmarhában). E baktériumokat különféle vérszívó ízeltlábú vektorok terjeszthetik, amelyek közül a fenti kórokozó esetében a szúnyogok szerepét igazolták elsődlegesen.

Hazánkban a juhok eperythrozoonosisát eddig egyetlen alkalommal írták le (1998: Hajtós és mtsai, MÁL 120: 697-703). A bántalom 8,5%-os morbiditást és 2,2%-os mortalitást okozott 14-15 hónapos jerketoklyókban 1997 augusztusa és novembere között. A szóban forgó nyájban a fertőzöttség szórványos esetekkel perzisztált. 2006 júliusa és augusztusa között azonban egy újabb, súlyosabb megbetegedési hullám jelentkezett. Munkánk célja a kórokozó molekuláris vizsgálata volt, ill. az eltérő szezonális, érintett korcsoport és klinikai manifesztáció háttértenyezőinek felderítése, beleértve a lehetséges vektorokat.

A *M. ovis* fertőzöttség tüneteit 2006-ban az 546 juhot számláló "A" nyáj 39 egyedénél észleltük, amelyek 5-12 évesek voltak. Közülük 30 elpusztult (A1 csoport). 2007-ben vért vettünk 33 állatból: 9 túlélő (A2 csoport), 16 tünetmentes (A3 csoport) és 8 kontroll juhból a szomszédos, egészséges "B" nyájból. A mintákból Giemsa-festett vérkeneteket készítettünk, haematológiai elemzést végeztünk, és kivontuk a DNS-t. Egy valós idejű (*real-time*) TaqMan PCR segítségével kiválasztottuk a *M. ovis* pozitívakat, és két hagyományos PCR-t hajtottunk végre a 16S rRNS gén rövid szakaszának, ill. egészének amplifikációjára. Csoportonként két-két minta PCR termékét plazmid vektor révén *Escherichia coli*-ban klónoztuk. A kapott szekvenciákból törzsfát készítettünk. A vérmintákat *Anaplasma ovis* társfertőzés szempontjából is elemeztük. Külső élősködőkre irányuló vizsgálatot végeztünk.

A juhok adatainak összevetésekor megállapítható volt, hogy teljes létszámát tekintve a klinikailag egészséges csoportban (A3) több volt a helyi születésű juh. Ugyanakkor az elpusztult állatok (A1) kisebb hányada született a korábbi megbetegedési hullám előtt, míg a tüneteket mutató, de túlélő egyedek (A2) többsége ez utóbbiak közül került ki. A túlélő juhok vérének haematocrit értéke és haemoglobin koncentrációja még 10 hónappal a megbetegedés után is alacsony volt. Az *A. ovis* társfertőzés szignifikánsan gyakoribb volt az "A" nyáj egyedeinek mintáiban. Mindhárom vizsgált csoportban (A2, A3, B) jelen volt a *M. ovis*. Ennek a világon elsőként sikerült a 16S rRNS génben deléciót tartalmazó genotípusát kimutatni. Az új genotípus és izolátumai számára javasoltuk a '*Candidatus M. haemoovis*' elnevezést (státuszt), amelynek igazolása, megerősítése azonban további vizsgálatokat tesz szükségessé.

A RICKETTSIALES ÉS A MYCOPLASMATALES REND KÉPVISELŐINEK ELŐFORDULÁSA HAZAI KULLANCSOKBAN ÉS BOLHÁKBAN

Hornok Sándor¹, PhD, Marina Meli², PhD, Andrea Perreten², Farkas Róbert¹, az á. tud. kandidátusa, Barbara Willi², PhD, Hans Lutz², PhD, Regina Hofmann-Lehmann², PhD

A Rickettsiales rend képviselői közül az elsősorban humán egészségügyi jelentőséggel bíró *Rickettsia*-fajokat az általuk előidézett kórkép alapján hagyományosan typhus, ill. foltos láz csoportba sorolják. Az emberek (állatok) fertőződésében főként kullancsok játszanak szerepet, amelyek földrajzi elterjedtsége meghatározza a közvetített rickettsiák területi előfordulását. A Rickettsiales rendbe tartozik a kutyák monocytás ehrlichiosisát okozó *Ehrlichia canis* is. Ennek fő vektora a *Rhipicephalus sanguineus*, noha *Ixodes ricinus*ból szintén kimutatták.

Ma már a Mycoplasmatales rendbe sorolják a korábban *Haemobartonella* és *Eperythrozoon* nemekbe tartozó haemotropicus baktériumokat, amelyek különböző emlősfajok vörösvértestjeinek felületére tapadva haemolyticus anaemiát idézhetnek elő. Esetükben többek között a kullancsok és bolhák potenciális vektor-szerepét igazolták. Az állat- és humán egészségügyi szempontból egyaránt fontos spongiform encephalopathiák kórfejlődésében pedig az ezekkel a baktériumokkal rokon helikális mycoplasmák, a *Spiroplasma*-fajok szerepét feltételezik, amelyek számos ízeltlábú csoportban (így bizonyos kullancsfajokban) megtalálhatók.

Mintegy harminc éve írták le a *R. slovacca* előfordulását magyarországi *Dermacentor*-fajokban. Molekuláris módszerekkel további négy *Rickettsia*-faj jelenlétét állapították meg rókák-ról eltávolított kullancsokban. Nincsenek azonban hazai közlemények a rickettsiák vegetációról gyűjtött kullancsokból, vagy bolhákból molekuláris módszerekkel történő kimutatásával kapcsolatban, továbbá hiányoznak a hasonló adatok az *Ehrlichia canis*, a haemotropicus mycoplasmák és spiroplasmák vonatkozásában is.

Munkánk során hét, főként vegetációról gyűjtött kullancsfaj csaknem 3500 egyedét, valamint macskákról és kutyákról származó három bolhafaj közel 1000 példányát vizsgáltuk *pool*-okba csoportosítva. A DNS-kivonást követően a rickettsiák kimutatása két lépésben történt TaqMan rendszerű valós idejű (*real-time*) PCR-ek segítségével: először a 23S rRNS gén (*R. helvetica*), majd a *gltA* gén (egyéb rickettsiák) amplifikációjával, ill. ez utóbbi esetben szekvenálással. Az *E. canis*, a haemotropicus mycoplasmák és a spiroplasmák azonosítása a 16S rRNS gén egyes szakaszai alapján faj-specifikus TaqMan PCR-ek, ill. ahol lehetőség volt rá, ezt követő konvencionális PCR és szekvenálás révén történt.

A *R. helvetica* előfordulása négy kullancs- és egy bolhafajban nyert igazolást. További öt *Rickettsia*-fajt kullancsokból, kettőt pedig bolhákból mutattunk ki. Az előbbieket között egy új genotípust ('*Candidatus R. hungarica*') is találtunk, amely a szekvencia-összehasonlításban 4,2-4,8%-kal különbözött más, foltos láz csoportba tartozó rickettsiáktól és a filogenetikai (*bootstrap*) analízis során nem illeszkedett egyik ismert csoportba sem. Emellett molekuláris biológiai vizsgálatok alapján először igazoltuk az *E. canis* és a '*Candidatus Mycoplasma turicensis*' hazai jelenlétét, valamint – világvizonylatban is – a spiroplasmák bolhákból és *D. marginatus*ban való előfordulását.

KUTYÁK *LEISHMANIA INFANTUM* OKOZTA FERTŐZÖTTségÉNEK MOLEKULÁRIS DIAGNOSZTIKÁJA

Tánczos Balázs, Farkas Róbert, az áo. tud. kandidátusa

A Földközi-tenger medencéjében régóta ismert a kutyák és az emberek *Leishmania infantum* által okozott leishmaniosis. A zoonotikus bántalom elsődleges rezervoárjai a kutyafélék, amelyek a parazitát akár éveken át tünetmentesen hordozhatják, miközben állandó fertőzési forrást jelentenek az ott élő fajtársaik és az emberek számára. Az egysejtű átvitelében egyes vérszívó lepkeszúnyog fajok (Diptera: Psychodidae), mint biológiai vektorok játszanak szerepet. Hazánkban csak külföldön tartózkodott embereknél és kutyánál állapították meg a fertőzöttséget. Az eddigi vizsgálatok alapján azonban Magyarország déli területein jelen van legalább egy olyan lepkeszúnyog faj, amely a *L. infantum* terjesztőjeként ismert. Emiatt fenn áll a veszélye, hogy a parasitosis endémiássá válhat itthon is.

Kutyákban hosszabb-rövidebb tünetmentes időszak előzi meg a leishmaniosis nem jellegzetes klinikai tüneteinek a megjelenését. Állat- és közegészségügyi szempontból egyaránt igen fontos, hogy az egysejtű parazita terjedésének megelőzése érdekében megbízhatóan lehessen megállapítani az állatok fertőzöttségét, amely többféle módszer együttes alkalmazását igényli. A szerológiai eljárások (IFAT, DAT, ELISA) többsége megfelelő érzékenységű, alkalmasak nagyobb kutyapopulációk szűrésére, de a szerokonverzió előtt álló, már fertőzött egyedek kimutatása ezekkel nem lehetséges, valamint az esetek egy részében hibás pozitív eredményt adnak. A polimeráz láncreakció (PCR) érzékenysége a parazita mikroszkópos észlelésénél több nagyságrenddel magasabb, és felülmúlja a szerológiai módszerekét. Az eljárás alkalmas a parazita vektorokban található fertőző formájának a kimutatására is.

Az általunk tanulmányozott és bevezetésre került eljárás során a minták DNS tartalmának QIAamp DNA Mini Kit-tel történő kivonását követően PCR reakcióval a *L. infantum* kinetoplast DNS-ének (kDNS) egy specifikus szakasza kerül felszaporításra. A 145 bp méretű ampikon észlelése gélelektroforézis segítségével történik. Az eljárás elméleti érzékenysége 10^{-4} parazita/ml, amit a cél DNS szakasz magas kópiaszáma tesz lehetővé. Emiatt a szerológiai eljárásoknál magasabb specificitás mellett a módszer alkalmas nagyléptékű szűrővizsgálatok elvégzésére. Ezzel az eljárással két magyarországi kutya feltételezhetően autochton leishmaniosisát sikerült megállapítanunk az elmúlt hónapokban.

A vizsgálatok elvégzéséhez az EU FP-6 (GOCE-2003-010284 EDEN) és részben az NKB 15827 számú pályázat biztosított anyagi támogatást, amelyekért köszönetünket fejezzük ki.

GYÍKFAJOK SZEREPE A KULLANCSOK ÉS AZ ÁLTALUK TERJESZTETT SPIROCHÉTÁK FENNTARTÁSÁBAN

Rigó Krisztina¹, Viktória Majláthová², Ph.D., Igor Majláth³, Ph.D., Farkas Róbert¹, az ao. tud. kandidátusa, Branislav Pet'ko², az ao. tud. kandidátusa, Földvári Gábor¹, Ph.D.

A *Borrelia burgdorferi* sensu lato Európában az *Ixodes ricinus* kullancsok és sokféle gerinces gazda által létrehozott ciklus segítségével marad fenn. Számos emlős és madárfaj egyedeiben sikerült már felfedezni a Lyme-kórt okozó spirochéták jelenlétét, és nemrégiben kimutatták egyes gyíkfajok szerepét is e baktériumcsoport fenntartásában. Vizsgálatunk célja az volt, hogy megállapítsuk, milyen szerepet játszanak a magyarországi gyíkfajok a *B. burgdorferi* sensu lato fejlődési ciklusában.

A 2007. és 2008. évben összesen 186 hullót gyűjtöttünk Gödöllő mellett, melyek három fajba tartoztak: zöld gyík (*Lacerta viridis*), füрге gyík (*Lacerta agilis*) és homoki gyík (*Podarcis taurica*). A gyíkokról összesen 472 kullancsot (324 lárvát és 148 nimfát) távolítottunk el. A határozás során valamennyi *Ixodes ricinus*-nak bizonyult. A zöld gyíkok több mint fele (52,4 %-a), míg a füрге és a homoki gyíkok 35 %-a volt fertőzött. Az összes kullancsból, ezen kívül 134 nyaki pikkely-mintából és 62 ujjvégből DNS-t vontuk ki, majd specifikus polimeráz láncreakcióval végeztük a *Borrelia burgdorferi* sensu lato kimutatását. A füрге gyíkok 10%-a, a homoki gyíkok 6,4%-a és a zöld gyíkok 5,8%-a volt fertőzött. A gyíkokról gyűjtött kullancsok 6,6%-ánál kaptunk pozitív eredményt. A kullancsok *Borrelia*-fertőzöttségének prevalenciája 7,6% lett a zöld gyíkok és 1,9% a homoki gyíkok esetében, füрге gyíkokról gyűjtött kullancsokban nem találtunk *Borrelia* DNS-t. 2008-ban lehetőségünk nyílt a pozitív mintákból a genotípusok meghatározására restrikciós fragmenthossz-analízis segítségével. Valamennyi gyíkegyedben *Borrelia lusitaniae* okozta a fertőzést. A legtöbb fertőzött kullancsból is *B. lusitaniae* volt kimutatható, de *Borrelia afzelii*-t és *Borrelia burgdorferi* sensu stricto-t is sikerült azonosítani.

Eredményeink alapján azt a következtetést vonhatjuk le, hogy a gyíkok, különösen a *Lacerta viridis*, fontos gazdái az *Ixodes ricinus* fajba tartozó lárváknak és nimfáknak. A zöld gyíkok esetében igazoltnak látszik, míg a homoki és a füрге gyíkok esetén valószínűsíthető, hogy nemcsak a kullancsok, hanem az általuk terjesztett *Borrelia lusitaniae* fenntartásában is fontos szerepet játszanak a vizsgált területen.

Munkánkat az NKB-15707, NKB 15830, Mecenatúra (NKTH), APVV 009205 és VEGA 1/0139/08 pályázatok támogatták.

ŐZEKRŐL ÉS GÍMSZARVASOKRÓL GYŰJTÖTT *IXODES RICINUS* BARTONELLÁK OKOZTA FERTŐZÖTTSEGE

Biró Nóra, Tánzos Balázs, Farkas Róbert az ao. tud. kandidátusa

Az utóbbi évek vizsgálatai szerint a kullancsok állat- és közegészségügyi jelentősége hazánkban is előtérbe került, de a vadon élő kérődzők ezek által terjedő kórokozóirol alig rendelkezünk ismeretekkel. Az őz és a gímszarvas a leggyakoribb vadfajaink közé tartozik. Gyakran és nagy számban találhatók rajtuk kullancsok, amelyek a vadakkal közös területet használó háziállatok és az ember számára is átvihetnek különféle kórokozókat.

Az utóbbi évtizedben számos közlemény látott napvilágot az emberek és az állatok fertőzését okozó *Bartonella*-fajok szerepéről, amelyek vörösvérsejtekben élősködő, Gram negatív baktériumok. Több fajuk a vadon élő kérődzőkben is előfordulhat, és vektoraikként a kullancsok szerepét is feltételezik. Európa több országában őzek vérmintáinak és/vagy a lőtt egyedekről gyűjtött *Ixodes ricinus* vérszívott nőstényeinek molekuláris biológiai vizsgálatával *Bartonella capreoli*, *Bartonella bovis* és *Bartonella schoenbuchensis* fordult elő. Gímszarvasok bartonellák okozta fertőzöttségéről csak Észak-Amerikából számoltak be, ahol más fajokat mutattak ki. Tudomásunk szerint a hazai vadon élő kérődzőkben és/vagy az azokról gyűjtött kullancsokban *Bartonella*-fajokat korábban nem vizsgálták.

A 2007 és 2008 tavasza között lőtt vadakról a területen vagy a vadbegyűjtő helyeken leszedett kullancsok közül 25 őzről és 23 gímszarvasról gyűjtött *Ixodes ricinus* 73, ill.102 nőstényét vizsgáltuk. Az alkoholban tárolt kullancsok tisztítása után a DNS-kivonást QIAGEN QIAamp DNA Mini Kittel végeztük. A vérrel teleszívott példányok esetében a kettévágott kullancsoknak csak az egyik felét használtuk. Abban az esetben, ha egy állatról több *Ixodes ricinus* nőstényt gyűjtöttek, akkor ezek egy mintát alkottak.

A *Bartonella*-genus specifikus primerekkel végzett PCR vizsgálatot követő gél-elektroforézis során *Bartonella bovis*ra, *Bartonella capreolira* és *Bartonella schoenbuchensis*re utaló PCR termékek jelentek meg. A minták szekvenálása jelenleg folyamatban van.

A vizsgálatok elvégzéséhez részben az NKB 15827 számú pályázata biztosított anyagi támogatást, amelyért köszönetünket fejezzük ki.

MACSKABOLHÁK *BARTONELLA HENSELAE* FERTŐZÖTTségÉNEK VIZSGÁLATA SEMI-NESTED PCR MÓDSZERREL

Tánczos Balázs¹, Nina Cecilie Bugge¹, Henri-Jean Boulouis², Elizabeth Petit², Farkas Róbert¹, az ao. tud. kandidátusa

A macskabolha (*Ctenocephalides felis*) vektora a „macskakarmolás betegséget” (cat scratch disease, CSD) okozó *Bartonella henselae*, Gram negatív baktériumnak. A kórokozó rezervoárja a házimacska, amely általában tünetmentes. A baktérium a macska karma alá szorult bolhaürülékkel kerül az ember szervezetébe. A bántalom valószínűleg egyike a világviszonylatban legelterjedtebb zoonotikus bakteriális fertőzéseknek. Az eddigi vizsgálatok szerint a bolhák fertőzöttsége a trópusi területeken általában gyakoribb, mint a mérsékelt égövi országokban. A *B. henselae* hazai elterjedtségét sem macskákban, sem a macskák bolháiban eddig még nem vizsgálták széles körben.

Előzetesen két budapesti és kilenc vidéki rendelőben az állatorvosok bolhákat gyűjtöttek az ott kezelt macskákról. A 70%-os alkoholban tárolt minták faji meghatározása után 286 vegyes ivarú *C. felis* vizsgálatára került sor. A DNS QIAamp DNA Minikit-tel történő kivonásához mintánként egy macskáról származó 1-5 bolhát használtunk. A *B. henselae* 16S rDNS lokuszának 5 végére specifikus semi-nested PCR módszert alkalmaztunk. A megvizsgált 147 minta közül ötben (3,4%) fordult elő a keresett baktérium. Ezek szekvenciái 93 és 97 % közötti hasonlóságot mutattak a *B. henselae* referencia szekvenciájával (BH 13790). A fertőzöttnek talált bolhákat három vidéki rendelőben (Békéscsaba, Jászberény és Miskolc) gyűjtötték.

További vizsgálatok szükségesek annak megállapításához, hogy milyen mértékű a hazai macskák és bolháik *B. henselae* fertőzöttsége. Ezek ismeretében lehet képet alkotni a bántalom közegészségügyi kockázatáról.

SZIE ÁOTK Parazitológiai és Állattani Tanszék¹
SZIE ÁOTK Kórbonctani és Igazságügyi Állatorvostani Tanszék²
SZIE ÁOTK Belgyógyászati Tanszék és Klinika³
Milánói Egyetem Állatorvosi Fakultás, Kórbonctani és
Parazitológiai Tanszék, Olaszország⁴

Parazitológia, halkórtan

A *DIROFILARIA IMMITIS* (LEIDY, 1856) AUTOCHTHON ELŐFORDULÁSA KUTYÁBAN MAGYARORSZÁGON

Jacsó Olga¹, PhD hallgató, Mándoki Míra², Pétsch Márta³, PhD hallgató, Majoros Gábor¹,
Michele Mortarino⁴, Claudio Genchi⁴, Fok Éva¹

A globális felmelegedés következtében egyre gyakrabban fordulnak elő olyan, vektor terjesztette betegségek, melyekkel mindeddig hazánkban csak elvétve, illetve csupán behurcolt esetek kapcsán találkozhattunk. A *Dirofilaria immitis* (szívféreg) állategészségügyi jelentősége igen nagy, ugyanis a jobb szívfélben és az idetérő nagyerekben élő parazita súlyos, gyakran elhullással járó kórképet okozhat. A szívféreg előfordulásával jellemzően a mediterrán területeken kell számolnunk, de gyakran mutatják ki Horvátországban, Szerbiában, Bulgáriában és Romániában is. Magyarországon eddig csak behurcolt esetekről olvashattunk a szakirodalomban. Az elmúlt években néhányszor előfordult, hogy elhullott kutyák szívében férget találtak boncolás során, illetve, hogy szerológiai vizsgálattal *D. immitis* pozitív eredményt kaptak. Azonban, ezekben az esetekben valószínűsíthető volt, hogy a fertőzőtség külföldi országból eredt, vagy a kutya származási körülményei ismeretlenek voltak.

2007. szeptemberében a SZIE ÁOTK Központi Kisállat Kórházába egy 4,5 éves magyar vizsla kan kutyát hozták, mellyel gyakran vadásztak. A kutyánál a Klinikára hozatal előtti évben feltűnt, hogy kifejezetten sokat iszik, valamint többször figyeltek meg nála fokozott terhelés utáni fáradékonyságot. Külföldön az állat sosem járt. Néhány nappal a behozatalt megelőzően jelentkező állapotromlás, súlyos fokú fogyás, véres hányás és sárgaság miatti kivizsgálás céljából történt a kórházi felvétel. A folyamatosan romló általános állapot miatt intenzív ellátásban részesült, közben különféle kiegészítő vizsgálatok elvégzése is megtörtént. A kutyából származó EDTA-s vér módosított Knott-féle módszerrel való vizsgálata során a mintában nagyszámú, mozgó, átlagosan 390 µm hosszúságú, jellegzetesen begömbülő farkú mikrofilária volt látható, amelyek a morfológiai bélyegek alapján *Dirofilaria repens* lárváknak bizonyultak. A kutyából származó szérumból elvégzett *D. immitis* antigén kimutatására szolgáló gyorsteszt (Speed® DIRO teszt, BVT) eredménye negatív lett. A kezelés ellenére bekövetkező romló általános állapot miatt a tulajdonos az állat végleges elaltatását kérte.

A kutyahulla boncolása során általánosságban súlyos fokú vérfogyottság és sárgaság volt megfigyelhető. A szív boncolása során a kitágult jobb szívfélben két kifejlett féreg volt észlelhető, melyek a részletes parazitológiai vizsgálat során *D. immitis* férgeknek bizonyultak. A vérminta PCR vizsgálata kimutatta a kiszámú *D. immitis*, valamint nagyszámú *D. repens* mikrofilária együttes jelenlétét a kutya vérében. A kutya származásának és epidemiológiai körülményeinek felmérése igazolta, hogy mindkét *Dirofilaria*-faj okozta fertőzőtség magyarországi eredetű volt.

ZSÚFOLTSÁGI ÉS KERESZT-ZSÚFOLTSÁGI INDEXEK A GAZDA-PARAZITA KAPCSOLAT LEÍRÁSÁBAN

Lang Zsolt¹, Reiczigel Jenő¹ PhD, Rózsa Lajos² az MTA doktora

A fertőzött gazdaállatok intenzitás értékei nagy heterogenitást mutatnak; a paraziták jelentős hányada néhány gazdán zsúfolódik össze, a gazda-populáció többi tagjára pedig csak kevés parazita jut. Egy véletlenszerűen kiválasztott parazita nagy valószínűséggel az átlagosnál több parazitát hordozó gazdáról származik, ezért a paraziták szerint átlagolt intenzitás nagyobb, mint az intenzitások gazdaállatonként számolt átlaga. Az előbbi átlagos zsúfoltságnak, az utóbbit átlagos intenzitásnak nevezzük. Az intenzitásnak e különböző nézőpontú átlagolásai jelentősen eltérhetnek. Ha például három gazdaállaton rendre 1, 2 és 10 parazita található, akkor az átlagos zsúfoltság $\frac{1x1 + 2x2 + 10x10}{1 + 2 + 10} = 8.077$, míg az átlagos intenzitás $\frac{1 + 2 + 10}{3} = 4.333$. Minél erősebben aggregált a paraziták gazdaállatok közötti eloszlása, annál jobban meghaladja az átlagos zsúfoltság az átlagos intenzitás értékét. A paraziták előfordulásának kvantitatív jellemzésére általában az átlagos intenzitást közlik akkor is, ha az átlagolás a paraziták szempontjából lenne indokolt. Ilyenkor helyes lenne az átlagos zsúfoltságot is publikálni. Az átlagos zsúfoltság statisztikai elemzésekor figyelembe kell venni, hogy az átlagolás korrelált, csoportos adatokon történik, az adatok nem függetlenek, hanem kapcsolt változásokat mutatnak. Ez speciális statisztikai módszerek alkalmazását teszi szükségessé.

A zsúfoltsági index alkalmas más, csoportosan előforduló fajok szocialitásának jellemzésére is. Az átlagos zsúfoltság ebben az esetben a csoportméret egyedenkénti átlagának, az átlagos intenzitás pedig az átlagos csoportméretnek felel meg.

Javasoljuk állatcsoportok egyedeinek kétféle típusa közötti kereszt-zsúfoltság bevezetését is. Ha pl. az egyedek egy része fertőző beteg, akkor az egészséges egyedek fertőződési esélye a csoportban lévő fertőzött fajtársak számától függ. Az átlagos fertőződési ráta ezért arányos lehet az egészséges fajtársakra átlagosan jutó fertőző fajtársak számával. Ha az előző példa parazitáin kívül az egyes gazdákon még rendre 0, 1 és 3 hiperparazitákkal fertőzött parazita is van, akkor a kereszt-zsúfoltság $\frac{1x0 + 2x1 + 10x3}{1 + 2 + 10} = 2.462$ míg a hiperparazitákkal fertőzött paraziták átlagos abundanciája $\frac{0 + 1 + 3}{3} = 1.333$.

Egy másik példa: ha 3 állatcsoportban a hímek száma rendre 2, 3, 10, a nőstényeké pedig 0, 5, 20, akkor a kereszt-zsúfoltság $\frac{2x0 + 5x3 + 10x20}{2 + 3 + 10} = 14.333$ az egy átlagos hím *környezetében lévő* nőstények száma. Az egy hímre *jutó* nőstények száma ugyanakkor $\frac{25}{15} = 1.667$. Ha a párválasztás az egyed környezetére (csoport, populáció, élőhely) korlátozódik, akkor a kereszt-zsúfoltság a viszonyokat jobban tükrözi, mint az utóbbi, a csoportokat figyelembe nem vevő átlagolás.

Állatorvos-tudományi Egyetem, Parazitológia Tanszék²

BIOAKKUMULÁCIÓ FORENZIKUS JELENTŐSÉGE *Parasarcophaga argirostoma* (Diptera: Sarcophagidae) LÁRVÁKBAN

*Bozó Csaba*¹, PhD-hallgató, *Farkas Róbert*², az ao. tud. kandidátusa és *Keller Éva*¹, prof. egyetemi tanár

A táplálékforrások kémiai összetétele meghatározó a tápláléklánc valamennyi résztvevőjének, ezért a beépülő egyes elemi alkotórészek mennyiségi és minőségi analiziséből visszakövetkeztethetünk a megelőző folyamatok, anyagok jelenlétére. Különösen fontos azoknak az anyagoknak a vizsgálata, amelyek az adott szervezet szempontjából kifejezetten károsak, toxikus hatásúak.

Az igazságügyi rovartanban olyan vegyületek és elemek jelenléte fontos, amelyek megjelenése, kimutatása nem tekinthető általánosnak. Az entomotoxikológiai vizsgálatok célja, hogy az intoxikált szövetekben jelenlévő toxikus anyagokat a primér dögevő és a szekunder predátor szervezetekből kimutathatóvá tegye. Az e területtel foglalkozó kísérletek célpontja toxikológiai szempontból elsősorban a dögevő fauna tagjaira irányul, mint például a fémek (Calliphoridae) és húslegyek (Sarcophagidae) családjába tartozó fajokra, másodsorban a dögevő bogárfaunára (pl. Staphylinidae családba tartozók), melyek egyes fejlődési stádiumuk során ragadozó életmódot folytatnak, mivel légyfajok lárváit fogyasztják és ezáltal másodlagos bioakkumulátor szervezetekké válnak.

A megjelenő toxikus anyagok kimutatása különféle módszerekkel - pl. radio-immun analízis (RIA), atomabszorpciós és kromatográfiás vizsgálatok (GC, HPLC-MS, CG-MS, ICP-MS) - lehetséges.

A 70-es években Sohal és Lamb (1977, 1979) különféle fémek (Cu, Fe, Zn) akkumulációját mutatták ki házi légy (*Musca domestica*) imágóiból. Nuorteva (1982) ólom (Pb) jelenlétét állapította meg fémek legyek családjába tartozó fajok lárváiban, bábjaiban és imágóiban, ill. Staphylinidae család ilyen lárvákat fogyasztó egyedeiben. A kezdeti vizsgálatokat napjainkig egyre több eredmény egészíti ki (Introna et al 2001; Roeterdink 2003; Burleson 2008).

Az általunk végzett munka a célzott mintagyűjtés támogatására irányul mobil XRF (Innov-X Systems Alpha Series – Woburn, MA) alkalmazásával. Az alkalmazott módszerrel a humán szöveteken is táplálkozó rovarfajok egyedein néhány forenzikus jelentőségű fém bioakkumulációjának helyszíni mérését lehet elvégezni. Ezáltal egyrészt a későbbi laboratóriumi mérések eredményessége javítható, másrészt azonnali, gyors információt szolgáltat a folyamatban lévő eljárások során. A kísérletben a szennyezett húson tartott, kihelyezett lárvákban elsősorban az ólom (Pb) koncentrációja volt kimutathatóan magasabb. A mérési eredmények részbeni megerősítése pásztázó elektronmikroszkóp (SEM) és elektron- diszperzív röntgen-spektrométer (EDS) segítségével történt.

Köszönetnyilvánítás

Gyurkovszky Mónika (SzIE ÁOTK Parazitológia és Állattani Tanszék), Jakab Anna (GreenLab), Tóth Péter (BSZKI) munkatársaknak a kísérletek során nyújtott segítségükért.

ÚJABB ADATOK AZ ŐZ, A DÁM- ÉS A GÍMSZARVAS BŐRBAGÓCSOSSÁGÁHOZ

Sugár László¹ és Kovács András²

A 2007/08-as és a 2008/09-es vadászati idényben az Öreglaki Vadfeldolgozóban végeztünk újabb vizsgálatokat. A löttvad a Dunántúlról, zömmel Somogy, Vas és Zala megyéből származott.

Lebőrözés után vizsgáltuk a bagócslárvák jelenlétét. A talált lárvákat kigyűjtöttük és mélyhűtve tároltuk. Az elhalt lárvákat megszámláltuk.

Sztereomikroszkóppal vizsgáltuk a tárolt lárvák fejlettségét(L1, L2, L3, érett) és faji hovatartozását. Az adatokból kiszámítottuk a prevalencia- és intenzitás-értékeket gazdafajonként, illetőleg kor(első-, másodéves és kifejlett) és ivar szerint. A gímszarvas esetében a két bagócsfaj(*Hypoderma actaeon* és *H. diana*) előfordulását külön is értékeltük.

Őzben(*Capreolus c.*, n=179) a *H. diana* előfordulása: 51,4%-os prevalencia, 38,2(1-254) intenzitás; gidákban(n=74) prev. 4,05%, int. 5(2-10). A kifejlett suták 17%-ánál(n=47) csak elhalt lárvát találtunk.

Dámszarvasban(*Dama/Cervus/ dama*, n=95)) a *H. diana* mindössze 4,21%-ban fordult elő 20,25(3-60) intenzitással.

Gímszarvasban(*Cervus elaphus*, n=92)) a *Hypoderma*-lárvák gyakorisága 72,8%-os volt 45,5(2-422) int. mellett. A prevalencia borjakban 29,63%(n=27), tehenekben 78,26%(n=23), ünökben(n=33) és bikákban(n=9) pedig egyaránt 100%-os volt. Hét tehénben(30,43%) csak elhalt lárvát találtunk. *H. actaeon* a gímek 58,3%-ában, *H. diana* pedig 38,9%-ban fordult elő, az együttes jelenlétük 30,6%-os volt.

A kifejlett nőivarúaknál(suták, tehének) a kizárólag elhalt lárvák viszonylag nagyarányú előfordulása a kialakult immunitást jelzi.

A dām vad csupán ritka alkalmi gazdája a *H. diana* lárváknak.

¹SZIE ÁOTK, Nagyállat Klinika

²SZIE ÁOTK, Biomatematika Tanszék

³ELTE Élettani és Neurobiológiai Tanszék

A KARÓRÁGÁS GÁTLÁSÁVAL CSÖKKENHET A LOVAK STRESSZEL SZEMBENI MEGKÜZDŐ KÉPESSÉGE

Nagy Krisztina^{1,2}, Bodó Gábor¹ PhD, Bárdoss György³ PhD, Harnos Andrea² PhD

A karórágás (megtámasztásos levegőnyelés) egyfajta megküzdési stratégiát jelent a ló számára az őt érő stresszes ingerekre, a lovak közel 3 %-át érinti. Habár eme káros sztereotípiák gyakorlásának megakadályozása növelheti az állat stressz-szintjét, a gátlás mégis fontos eleme a gyógykezelésnek, mivel a karórágás következményeként nő a gyomorfekély, ill. a kólikás megbetegedés kialakulásának az esélye. A karórágás teljes gátlását azonban az egyik jelenleg rendelkezésre álló módszerrel sem lehet elérni. A legelterjedtebb gyógykezelés a nyakszíz használata, mely megnehezíti, ill. kényelmetlenné teszi a ló számára a nyak behajlítását és megfeszítését. Ennek a módszernek a hátránya, hogy gyakran igen szorosra kell húzni ahhoz, hogy hasson, valamint a lovak nagy része nyakszíjjal is tud karót rágni, a nyakszíz alkalmazása pedig jelentősen növeli az állat stressz-szintjét. A módosított Forssell-féle műtét során a ló levegőnyelésben használt főbb izmait (m.omohyoideus, m.sternohyoideus, m.sternothyroideus), ill. a n. accessorius ventrális ágát távolítják el, így gátolják a lovat a karórágásban. A műtét hatékonyságáról megoszlanak a vélemények (30-100%), hatását a ló stressz-kezelési stratégiájára azonban eddig még nem vizsgálták.

Vizsgálatunk célja a műtėti kezelés hatékonyságának, valamint a karórágásban nyakszíjjal vagy műtéttel gátolt lovak stressz-kezelésének összehasonlítása a karórágó, ill. káros sztereotípiát nem mutató lovakkal. A lovak stressz-kezelésének vizsgálata céljából kidolgoztunk egy karórágást provokáló tesztet. A teszt során a ló elé egy zabos tálat helyeztünk, melyet a ló nem ért el, de két percenként kapott belőle kóstolót. A lovak viselkedését (csoportonként 13-16 ló) videóra vettük, a belső emocionális állapot mérésére a szívfrekvencia-variabilitás mérőszámait választottuk, melyet a lóra szerelt Polar Equine S810i segítségével rögzítettünk. A hipotéziseink tesztelésére lineáris kevert modelleket használtunk.

Eredményeink alapján a nyakszíz és a műtét közel azonos arányban tudta megakadályozni a karórágás kivitelezését. A két gátolt csoport viselkedése és szívfrekvencia-variabilitás változása egymással nagy hasonlóságot mutatott, azonban szignifikánsan különbözött a karórágó és sztereotípiát nem mutató lovakétól. A sztereotípiát nem mutató lovak átlagosan több időt töltöttek avval, hogy megpróbálják elérni a zabos tálat, és a tál eltávolítása után az idő nagy részét pihenéssel töltötték. A másik három csoporthoz tartozó lovak kevésbé próbálták elérni a zabos tálat, a teszt után pedig kevesebb időt töltöttek pihenéssel, valamint több időt karórágással. A sztereotípiát nem mutató, valamint a karórágó lovak jó stressz adaptációt mutattak, mivel a teszt következtében megnövekedett szívfrekvencia-variabilitás a végén visszatért a kezdeti értékre. Ezzel ellentétben a két gátolt csoport szívfrekvencia-variabilitása emelkedett maradt, és nagy kilengést mutatott a teszt során végig, ezek a lovak nem találtak megfelelő megküzdési stratégiát. Eredményink arra mutatnak rá, hogy a karórágás gátlásának hatására szignifikánsan romlik az állat stressz-kezelési képessége, ezért a gátlás önmagában nem elegendő a karórágás gyógykezelésére – a ló motivációját is csökkenteni kell. A nyakszíjjal és műtéttel gátolt lovak között nem találtunk szignifikáns eltérést sem a viselkedés, sem a szívfrekvencia-variabilitás tekintetében, így nehéz megválaszolni, melyik módszer hatékonyabb, illetve előnyösebb az állat jóléte szempontjából.

MTA–BCE „Alkalmazkodás a klímaváltozáshoz” Kutatócsoport¹
SZIE, Állatorvos-tudományi Kar, Biomatematika Tanszék²
ELTE, Anatómiai, Sejt-és Fejlődésbiológiai Tanszék³

A CSERREGŐ ÉS AZ ÉNEKES NÁDIPOSZÁTA (*ACROCEPHALUS SCIRPACEUS*, *A. PALUSTRIS*) VONULÁSFENOLÓGIÁJÁNAK VÁLTOZÁSA 1984–2007 KÖZÖTT

Nagy Krisztina^{1,2}, Csörgő Tibor, Dr. Univ.³, Harnos Andrea, PhD^{1,2}, Kovács Szilvia²

A klímaváltozás a különböző madárfajokra eltérően hat. Ez nem meglepő a nagyon eltérő elterjedési területű, különböző élőhelyű, más-más vonulási stratégiát használó fajok esetén, de a hatások még közelrokon, sok szempont alapján alig eltérő, sibling fajok esetén is különbözhetnek. Az utóbbi évtizedekben számos hosszútávú vonuló faj tavaszi vonulása korábbra tolódott. A legtöbb tanulmány negatív kapcsolatot talált az érkezési idő és a tavaszi hőmérséklet között. A költőterületre való korai érkezés számos előnyt jelent az egyedek számára. A tavasszal korábban érkező egyedek jobb territóriumot foglalhatnak el, ezáltal növelhetik a párosodás esélyét, jobb minőségű párhoz juthatnak, és utódaiknak magasabb lehet a túlélési aránya.

Vizsgálatunkban az Ócsai Madárvártán, standard feltételek mellett, 1984 – 2007. között fogott 22433 cserregő nádiposzáta és 7736 énekes nádiposzáta adatait használtuk fel. Az öreg és fiatal korcsoportokat a feldolgozás során külön kezeltük.

A vizsgált 24 éves periódus alatt a cserregő nádiposzáta tavaszi vonulási hullámának mediánja 11 nappal előbbre tolódott, míg az énekes nádiposzátáé 8 nappal későbbre. Az őszi vonulási időszakban az öreg cserregő nádiposzátáknál 9,5 nappal, a fiataloknál 8,5 nappal, az öreg énekes nádiposzátáknál 2,5 nappal, a fiataloknál 8 nappal tolódott szignifikánsan későbbre a medián.

A cserregő nádiposzáta tavaszi érkezésének korábbra tolódása hátterében a szaporodásra való optimalizáció állhat. A korábbi tavaszi érkezés azonban nem minden hosszútávú vonuló fajnál figyelhető meg. A telelőterületek szárazabbá válásával csökken az elérhető táplálék mennyisége, így bizonyos populációk egyre kisebb zsírtartalékkal tudnak útnak indulni, valamint lassabban tudnak haladni a költőterület felé. Az énekes nádiposzáta tavaszi érkezése feltételezhetően ezért tolódott későbbre.

Az őszi vonulás során az optimális migrációs stratégia fajonként nagyon különböző lehet. A költések száma jelentős hatással bír a távozásra. A többször költő fajok a költőterületre való korábbi érkezés következtében korábban kezdenek a költést, így nőhet a másodköltő pároknak az aránya, ezáltal kitolódhat a távozási idejük.

A cserregő nádiposzáta másodköltésre hajlamos faj, őszi vonulása az elmúlt évtizedekben közel másfél héttel későbbre tolódott. Ha egyre több cserregő nádiposzáta párnak lehet sikeres másodköltése, a fiatalok arányának növekedését várnánk. A költési siker azonban hol csökken, hol nő az évek során. A változások iránya és mértéke a két fajnál jelentős hasonlóságot mutat. A költési sikert nagymértékben befolyásolja a fészkelési időszak alatti időjárás szélsőségek előfordulása. Egy nagyobb jégeső, vagy több napig tartó hidegfront a fészkelj teljes pusztulásához is vezethet. Az éghajlati tényezők változása vélhetően erősebben befolyásolja az állomány méretét az egyes területeken, mint a rendelkezésre álló költési idő.

A SZOCIÁLPARAZITA *MACULINEA* BOGLÁRKALEPKÉK KÁRPÁT-MEDENCEI HANGYAGAZDÁI ÉS PARAZITOIDJAI

Tartally András, PhD

A védett *Maculinea* (Lepidoptera: Lycaenidae) boglárkalepkék hernyói pár hétig a tápnövényük magházában rágnak, majd obligát módon *Myrmica* (Hymenoptera: Formicidae) hangyák fészkeiben fejezik be fejlődésüket. A fészkekben töltött idő nálunk 11 hónapig tart és ott a hernyók a hangyák fiasításával táplálkoznak (predátor életmód) és/vagy a hangyák a saját lárváikhoz hasonlóan etetik őket („kakukk” életmód). Konzervációbiológiai szempontból fontos és evolúcióbiológiai szempontból érdekes az adott populációk hangyagazda fajait megismerni. Célom volt a Kárpát-medencei gazdahasználatról ismereteket szerezni.

Összesen 1589 *Myrmica* fészket vizsgáltam meg 33 Kárpát-medencei élőhelyen a tápnövények két méteres körzetében. A fészkeket a lepkepopulációk rajzása előtti hetekben óvatosan megnyitottam, majd feljegyeztem a talált bábozódás előtti hernyók és bábok számát. A hangyákból 5-10 példányt 67,5%-os alkoholba tettem a későbbi határozás céljából.

A *Maculinea teleius* áttelelt hernyói, bábjai és exúviumai leginkább a *Myrmica rubra* és a *M. scabrinodis* fészkeiből kerültek elő, de ritkán a *M. salina*, a *M. gallienii*, a *M. specioides* és a *M. vandeli* fészkeiből is. Míg a *Maculinea nausithous* a Dunántúlról kizárólag *Myrmica rubra*, addig Erdélyből csak *M. scabrinodis* fészkeiből került elő. A *Maculineaalcon* leggyakoribb gazdafaja a *Myrmica scabrinodis* volt, ugyanakkor viszont néhány élőhelyen fontosabbnak bizonyult a *M. salina* vagy a *M. vandeli*. A *Maculinea 'rebeli'* legfontosabb gazdafajai a *M. schencki*, a *M. sabuleti* és a *M. scabrinodis*, alkalmi gazdafajai a *M. lonae* és a *M. specioides* voltak. *Maculinea arion*-nal fertőzött *Myrmica* fészket nem találtam.

A Kárpát-medencei *Maculinea* populációk hangyagazdái sokszor különböztek az Európa más részein megfigyelt hangyagazdáktól. A leginkább hangyagazda-specifikus lepkének a *Maculinea nausithous* bizonyult, ami azt jelenti, hogy a Kárpát-medencében ez a *Maculinea* faj reagálhat a legérzékenyebben a *Myrmica* közösség változásaira. Ez különösen igaz a dunántúli élőhelyekre, ahol a *Myrmica rubra* főleg a bozotos élőhelyek külső szegélyeiben fordult elő. A *Maculinea teleius* ezzel szemben nemigen volt gazdaspecifikus. A *Maculineaalcon*-t és a *M. 'rebeli'*-t sokáig külön fajnak tartották az eltérő tápnövényeik (más-más tárnicsfajok) és hangyagazdáik miatt. Ezt azonban a napjaink genetikai és morfológiai vizsgálatai cáfolják; amit az is megerősít, hogy vizsgálataim során találtam közös hangyagazdát (*Myrmica scabrinodis*) és olyan élőhelyet, ahol a populáció mindkét tápnövényre petézik („alcon tápnövény” *Gentiana pneumonanthe*-ra és „rebeli tápnövény” *G. cruciata*-ra is). Természetes a két forma továbbra is eltérő élőhelykezelést igényel.

A vizsgálataim során előkerült egyéb ritka szociálpaziziata, parazita, illetve parazitoid fajok: *Neotypus melanocephalus* (Hymenoptera: Ichneumonidae) fürkészdarázs imágó egy *Maculinea teleius* bábból; *Ichneumon eumerus* (Hymenoptera: Ichneumonidae) fürkészdarázs imágók *Maculinea teleius*, *M.alcon* és a *M. 'rebeli'* bábokból; *Microdon myrmicae* (Diptera: Syrphidae) zengőlégy lárvák és bábok *Myrmica scabrinodis*, *M. rubra* és *M. gallienii* fészkekből; *Rickia wasmannii* (Ascomycetes: Laboulbeniales) gomba *Myrmica scabrinodis*, *M. salina*, *M. specioides* és *M. vandeli* egyedekről. Ezek az adataim alátámasztják azt, hogy a *Maculinea* boglárkalepkék az értékes élőhelyeik ernyőfajainak tekinthetők.

AZ URBANIZÁCIÓ HATÁSA A TALAJFAUNÁRA: ÁSZKARÁK EGYÜTTESEK VIZSGÁLATA DEBRECENBEN

Vilisics Ferenc tud. smts.¹, *Hornung Erzsébet* CSc.¹, *Tóthmérész Béla* DSc²

A városok terjeszkedése és a városi lakosság folyamatos növekedése jelentős hatást gyakorol az ökoszisztémákra. Az ember által okozott változások különböző térbeli skálákon észlelhetők, és hatnak a biodiverzitásra, a közösségek összetételére is. A városiasodásnak a talajlakó lebontó makroszervezetekre, és azon belül az szárazföldi ászkarákokra (Isopoda, Oniscidea) gyakorolt hatásait kevesen vizsgálták eddig, holott a lebontó közösségek minden ökoszisztéma szerves részét képezik, olykor jelentős faj és egyedszámmal.

Kérdésünk az volt, hogy az Oniscidea együttesek mely jellemzőiben mutatható ki az emberi zavarás és annak mértéke? Vizsgálataink tervezésekor az ún. "Globenet" protokollt követtük, amely során Debrecenben három eltérő zavartság alatt álló fás területen (városi park, szuburbán és természetközeli tölgyerdő) végeztünk talajcsapdás gyűjtéseket 2002 és 2004-ben, májustól októberig, négyhetenkénti csapdaürítéssel.

Vizsgálataink szerint a talajcsapdákból igen alacsony fajszámúak voltak jelen ászkarákok (4-6 faj) és csak minimális eltérés mutatkozik a területek fajgazdagságában. A fajok nagy része generalista vagy kozmopolita volt, és csak egy élőhelyi specialistát találtunk (*Trachelipus ratzeburgii*). A területek domináns fajai is a gyakori, közönséges fajok közül kerültek ki: az *Armadillidium vulgare* mindhárom élőhelytípusban, míg a *Trachelipus rathkii* az erdőben és a városi parkban került elő nagy számban.

Az alacsony fajszám mellett magas abundanciát tapasztaltunk: összesen 9003 és 9841 Isopoda egyedeket gyűjtöttünk. Az élőhelytípusok ászkaegyütteseinek abundanciája között szignifikáns különbségeket tapasztaltunk: 2002-ben a városi park és a zavartabb területek között (Kruskal-Wallis $H_{120,3}=6,51$; Fisher LSD $p<0,05$); 2004-ben mindhárom élőhely típus abundanciája között ($H_{120,3}=14,3$; Fisher LSD, $p=0,0008$).

Az együttesek rang/dominancia görbéi egyformán egyenetlen szerkezetre utalnak, de a fajösszetételben jelentős különbségek adódnak. Az egyes területek ászkarák diverzitását az alacsony fajszám miatt főként az egyes fajok tömegessége befolyásolta.

Eredményeink alapján elmondható, hogy a debreceni ászkarák fauna felszínaktív képviselői alacsony fajszámúak és igen nagy egyedszámban vannak jelen mindhárom élőhelytípusban. Az emberi hatás közösségi szinten a fajgazdagságban nem, de a fajok gyakoriságában és részben az együttesek fajösszetételében tükröződik.

ARMADILLIDIUM (ISOPODA) FAJOK ÖKOLÓGIAI IGÉNYEI ÉS MORFOLÓGIAI SAJÁTOSSÁGAI

Csonka Diána¹ III. évf. biológia BSc, Halasy Katalin² DSc, Hornung Erzsébet¹ CSc

Az ökoszisztémák lebontó hálózatában fontos szerepet betöltő ászkarákok (Crustacea: Oniscidea) a szárazföldi léthez különböző morfológiai, fiziológiai lehetőségeket kihasználva adaptálódtak. Alkalmazkodásuk foka, módja erősen befolyásolja előfordulásukat, földrajzi elterjedésüket. Viszonylag könnyen és jól vizsgálható modell taxonként szolgálnak a környezeti hatások (mikrohabitat) és az azokkal szembeni tolerancia viszonyok (niche) kérdéseinek tanulmányozásához.

Kutatásunk során három, hazánkban is előforduló testvér-fajt vizsgáltunk az *Armadillidium* genus-ból. A legelterjedtebb közülük a kozmopolita *Armadillidium vulgare*, ami nagyon változatos élőhelyeken fordul elő, olykor invazív fajnak is tekinthető. Az *A. versicolor* szűkebb tűréshatárokkal bír, de közép Európában általánosan előfordul, elsősorban vízpartok közelében. Az *A. nasatum* faj viszont kifejezetten szetotóp, Magyarországon eddig csak üvegházakból sikerült bizonyítani túlélő populációit (a mediterráneumból behurcolt faj). Tehát a három faj földrajzi elterjedése és élőhely preferenciája erősen eltérő. Célunk volt az elterjedést magyarázó háttér tényezők és morfológiai adaptációk közti összefüggések feltárása.

Vizsgálataink egy része a légzőszerv illetve a kutikula morfológiájával, -mint az elterjedés kulcstényezői- foglalkozik. Feltevésünk volt, hogy a három vizsgált faj légzőszervének alakulásában, valamint kutikulájának szerkezetében tükröződik élőhelyük iránti hőmérséklet, nedvesség igényük eltérése, és ez alapján sorrendbe állíthatóak a széles elterjedésű *A. vulgare* fajjal a grádiens egyik, míg az *A. nasatum* fajjal a másik végén. Eddigi eredményeink ezt igazolni látszanak: mind a fénymikroszkópos mind a scanning elektronmikroszkópos képeken látszanak a légzőszerv szerkezetében különbségek a fajok között. A vizsgált fajok kutikulájának hisztológiai vizsgálata a kültakaró vastagságbeli különbségét mutatta meg. A vártak megfelelően az *Armadillidium vulgare* kutikulája a legvastagabb.

A munka az NKB-15835 sz. pályázat támogatásával készült.

HÁROM ARMADILLIDIUM FAJ (CRUSTACEA: ISOPODA) ÖSSZEHASONLÍTÓ VIZSGÁLATA: TÁPLÁLÉK VÁLASZTÁS, GENETIKAI POLIMORFIZMUSUK FELMÉRÉSE

Somoskői Bence III. évf. biológia BSc, *Vili Nóra* biológus, *Hornung Erzsébet* CSc

Az ászkarákok Oniscidea alrendjének fajainak a szárazföldi életmódhoz való adaptációját változatos morfológiai, fiziológiai és viselkedési jellegzetességek teszik lehetővé. Mindez szoros összefüggésben van az egyes fajok elterjedtségével, habitat, mikrohabitat használatával.

Kísérleteink során az Armadillidium genusba tartozó három fajt vizsgáltunk, amelyek elterjedése jelentős különbségeket mutat. Az *A. vulgare* kozmopolita, általánosan elterjedt mind természetes, mind zavart élőhelyeken. A tipikusan közép-európai *A. versicolor* hazánkban nedves élőhelyeken, elsősorban folyók mentén fordul elő, élőhelyválasztásában, így feltehetően ökológiai toleranciájában is korlátozottabb az előzőnél. Az előbbiekhöz képest jóval szűkebb elterjedésű a mediterrán eredetű *A. nasatum*. A faj hazánkban behurcolt, eddig csak botanikus kertek üvegházaiból került elő.

A fentiek alapján adódott a feltevés, hogy a három faj környezeti tényezőkkel szembeni toleranciája, illetve a populáción belüli genetikai polimorfizmus különbözik, összhangban földrajzi elterjedésükkel. Hipotézisünk szerint az *A. vulgare* rendelkezik a legszélesebb tűrőképességgel, míg az *A. nasatum* a legspecialistább. Vizsgálataink célja a három faj elterjedési különbségeinek háttéréként feltételezett tényezőkre adott válaszaik összehasonlítása. Ezek közül elsőként táplálék-választási kísérleteket végeztünk. Ennek során könnyen és nehezebben lebomló avarral (*Acer*, ill. *Fagus* fajok) etettük az állatokat. Előzetes vizsgálataink alapján igazolható, hogy mind az *A. versicolor*, mind az *A. nasatum* szignifikáns preferenciát mutat a könnyebben emészhető juhar levelek iránt.

A genetikai vizsgálatok mindhárom faj egy-egy populációjának polimorfizmus vizsgálatára irányultak. A felméréshez öt olyan mikroszatellita lokuszt választottunk, melyek variabilitása irodalmi adatok alapján kellően nagy volt. DNS-izolálás fajonként 30 egyedből történt kisózásos módszerrel. Ennek sikerességét 0,8%-os agaróz gélen történő futtatással ellenőriztük. A rákok és más nagy kalciumtartalmú vázzal rendelkező fajok esetén gyakran tapasztalható PCR-gátlás itt nem jelentkezett, így nem volt szükség a kalcium ionok eltávolítására. A PCR során használt öt primer párból háromnál 56°C-on, kettőnél pedig 48°C-fokon zajlott annelláció. A primerek fluoreszcens jelölése lehetővé tette a kapilláris elektroforézissel történő pontos hossz meghatározást. A három fajnál az egyes lokuszokon eltérő allélgyakoriságokat találtunk, és az allélhosszok – kevés kivételtől eltekintve – nem fedtek át.

A munka az NKB-15835 sz. pályázat támogatásával készült.

NICHE SZEGREGÁCIÓ VIZSGÁLATA SZÁRAZFÖLDI ÁSZKARÁK FAJOKON (ISOPODA: CRUSTACEA)

Végh Attila V. évf. alk. zoológus¹, Rok Kostansjek PhD², Hornung Erzsébet CSc¹

Az ökológia egy alaptétele, hogy azonos niche-sel rendelkező fajok nem élhetnek tartósan térben és időben együtt. A koegzisztencia ilyen esetekben az egyik faj kihalásához vagy niche-szegregációhoz vezet.

A szárazföldi ászkarákok lebontó szervezetek, fontos szerepet játszanak a szerves anyag- és energiakörforgásban. Tág értelemben azonos funkcióval rendelkeznek, vagyis az elhalt növényi anyag aprítása, dekomponálásban részt vevő mikrobákkal való beoltása és ezen organizmusok terjesztése alap feladatuk. Az egyes fajok ökológiai rendszerekben betöltött pontos funkciója azonban részleteiben nem ismert.

A szárazföldi ászkarákok bélrendszerében szimbionta baktériumok találhatóak, amelyek specifikus asszociációval kötődnek a bélsatorna kutikulájához. Valószínűleg a táplálék emésztésében nyújtanak segítséget gazdáiknak, ám az ászkarákkal kialakult funkcionális kapcsolatuk még feltáratlan. Egyes kutatások azt engedik feltételezni, hogy a különböző táplálékforrást (pl. különböző fa fajokról származó, vagy különböző lebontottsági állapotú avart) hasznosító fajok bélsatornájában eltérő mikroba közösség alakulhat ki.

Kutatásunk során négy abundáns ászkarákfaj (*Protracheoniscus politus*, *Orthomethopon planum*, *Armadillidium vulgare*, *Cylisticus convexus*) bélsatornájában élő baktérium közösség összetételét vizsgáltuk (Budai hg., Solymár, Paprikás-patak). A négy faj 15-15 egyedének bélsatornáját eltávolítottuk és 96 %-os alkoholban fixáltuk. A bélsatornát kiürítettük és alaposan kimostuk. A teljes genomiális DNS-t kivontuk és kétkörös PCR-el először a bakteriális 16S rRNS génjét, majd annak egy kb. 450 bp hosszú szakaszát szaporítottuk fel. A baktérium flóra összetételének meghatározásához TTGE (Temporal Temperature Gradient Gel Electrophoresis) módszert alkalmaztunk. A módszer elkülöníti a különböző szekvenciájú amplikonokat, amik az elektroforézis után külön csíkként jelennek meg a gélen. Öt-öt egyedből csoportosított mintákat hasonlítottunk össze. A csíkok jelenléte ill. hiánya alapján a Syn-Tax programmal, Jaccard-index alkalmazásával távolság mátrixot majd UPGMA módszerrel dendrogramot készítettünk.

Az eredmények alapján kiindulási hipotézisünk igazolódni látszik: az egyes fajok mintái a dendrogramon elkülönülnek egymástól. Ez azt jelzi, hogy faji szinten különböző összetételű baktériumflóra alakult ki az vizsgált ászkák bélsatornájában. Az eltérő összetételből eltérő táplálékforrásra, különböző eredetű táplálék hasznosítására következtetünk. Vagyis az egyes fajok ökológiai rendszerben betöltött szerepe valószínűsíthetően nem azonos, azaz az abundancia viszonyoktól függetlenül minden faj fontos és talán helyettesíthetetlen funkciót lát el.

A munkát az NKB-15835 sz. pályázata, V.A. 2008-as CEEPUS ösztöndíja és a University of Ljubljana, Biotechnical Faculty Dept. Biology (tszvez. prof. Jasna Strus PhD) támogatta.

A MALAKOFAUNA LONGITUDINÁLIS ELOSZLÁSA EGY PATAK – FOLYAM KONTINUUM MENTÉN

Bódis Erika^{1,2} PhD hallgató, Hornung Erzsébet², a biol. tud. kandidátusa

A malakofauna térbeli mintázatának megállapításához 2007 áprilisában 15 mintavételi helyen végeztünk gyűjtéseket. A mintavételi helyek a Duna vízrendszerében egy másod- (Hosszúvölgyi-patak) – és harmadrendű patak (Börzsönyi-patak) – folyó (Ipoly) – folyam (Duna) kontinuum mentén helyezkedtek el. A vizsgálat fő célkitűzése a malakofauna longitudinális eloszlásának feltérképezése volt egy hazai vízrendszerben, valamint a mintavételi helyek szakaszjelleg szerinti tipizálása a malakofauna indikációs értékei alapján.

Az összesen vizsgált 1662 kagyló egyed 20 fajba sorolható, melyek közül egy védett (*Unio crassus*), három országosan ritka (*Pisidium amnicum*, *Sphaerium rivicola*, *S. solidum*) és négy idegenhonos (*Dreissena polymorpha*, *Corbicula fluminea*, *C. fluminalis*, *Sinanodonta woodiana*). Az invazív *C. fluminea* a legelterjedtebb kagylófaj az egész vízrendszerben. Az összesen vizsgált 2039 csiga egyed taxonómiaiilag 20 fajhoz tartozik. Köztük két védett (*Theodoxus danubialis*, *Esperiana esperi*), három ritka (*Acroloxus lacustris*, *Physa fontinalis*, *Borysthenia naticina*) és négy idegenhonos (*Theodoxus fluviatilis*, *Melanoides tuberculatus*, *Potamopyrgus antipodarum*, *Physella acuta*). A legelterjedtebb és egyben leggyakoribb csigafaj a *Lithoglyphus naticoides*.

A fajösszetétel, valamint a mennyiségi viszonyok alapján egyaránt el lehet különíteni egyes víztípusokat. A kagylók legkisebb faj- és egyedszámban a másodrendű Hosszúvölgyi-patakban találhatóak, a legnagyobb értékek pedig a közepes vízhozammal jellemezhető Ipolyban, valamint a Duna mellékágaiban figyelhetőek meg. A csigafajok előfordulása folyóvízi rendszerekben erősen függ az áramlástól és a vízi növényzet borításától. A csigák a legalacsonyabb faj- és egyedszámban a patakokban fordultak elő, míg a legnagyobb értékek az alacsony áramlással jellemezhető Ráckevei-(Soroksári)-Duna-ágban, és Paksnál jelentek meg. A két csoport közötti különbség az egyes fajok eltérő ökológiai igényeivel indokolható.

A folyóvízi folytonossági elv a fajsza szám növekedését mutatja ki a forrásvidéktől a torkolat felé haladva az állatok környezeti specializációjának eredményeként. Hasonló jelenséget tapasztaltunk az eucrenontól az eupotamon szinttájig. A dunai mintavételi helyeken azonban a fajsza szám csökkenése figyelhető meg, ami az antropogén hatásokkal, valamint a folyam abiotikus, biotikus tényezőinek mozaikos mintázatával, diszkontinuitásával magyarázható.

A szakaszjelleg-indikációról összességében megállapítható, hogy a Fauna Aquatica Austriaca szakaszjelleg-indikációs értékei és a Mouthon-féle malakoközösségek szerinti besorolás nem alkalmazható egyértelműen saját mintavételi helyeinkre. Ennek oka egyrészt a fajok indikációs értékeinek különbözőségében keresendő, másrészt az adatok milyenségének eltéréseben. A kétféle rendszer nagy folyamokra, valamint a Pannon Ökorégió viszonyaira történő adaptálása további kutatást igényel.

SZÁRAZFÖLDI CSIGÁK MIKROSKÁLÁN: KULCSÉLŐHELYEK ÉS GYŰJTÉSI MÓDSZEREK

Kemencei Zita PhD hallgató, Sólymos Péter PhD, Vilisics Ferenc tud. smts, Hornung Erzsébet, CSc

Közismert tény, hogy a legtöbb szárazföldi csigafaj (Gastropoda) térbeli eloszlása erősen aggregált.

Jelen munkánkban azt vizsgáltuk, milyen szerepe van a különböző környezeti hatásoknak (mint kitétség és nedvesség) a különböző típusú mikroélőhelyeken (avar, holt-, ill. élő fa, szikla) a csigák fajgazdagságra és fajösszetételére? Valamint, hogyan befolyásolják a különböző mikroélőhelyi adottságok a különböző mintavételi módszerekkel történő gyűjtések eredményeit?

Kérdéseink megválaszolására az Aggteleki Nemzeti Park Alsó-hegyi platóján 16 töbörben végeztünk avar-, talajminta- és egyeléses időgyűjtést a szárazföldi csigák minden mérettartományának, és a fajok/egyedek eloszlásának mintavételezésére.

Eredményeink szerint mind a csigák fajszáma, mind azok egyedszáma a szikla mikroélőhelyen volt a legmagasabb, közepes a holt fa mikroélőhelyen, függetlenül azok kitétségétől és a töbör mélységétől. Az avar és élő fa esetén mind a fajsám, mind az egyedszám alacsonynak, míg a töbrök alján és az északi kitétségű oldalakon magasabbnak bizonyult.

A gyűjtési módszerek tekintetében korábbi eredményeinket megerősítve kimutattuk, hogy az egyeléses időgyűjtés a nagy méretű, míg az avar- és talajminta-gyűjtés a kis méretű héjakra érzékeny.

A héjfölhalmozódás mértéke különbözött a mikroélőhelyek és a gyűjtési módszerek szerint. A legtöbb törött héjat a szikla mikroélőhelyen találtuk avar és talaj mintavétellel, míg a legkevesebbet a holt fák esetén, egyeléses időgyűjtéssel. Eredményeink alapján a mikroélőhelyek közti összehasonlításokra az egyeléses időgyűjtés módszer bizonyult alkalmasnak, mert az egyes mikroélőhelyeken különböző mértékben fölhalmozódott törött héjak hamis eredményekhez vezethetnek.

A KERTI POSZÁTA (*SYLVIA BORIN*) VONULÁSI STRATÉGIÁJA ÉS VONULÁSFENOLÓGIÁJÁNAK VÁLTOZÁSA 1984–2007 KÖZÖTT

Kovács Szilvia PhD hallgató¹, Csörgő Tibor Dr. Univ. ², Harnos Andrea Habil. PhD^{1,3}, Nagy Krisztina³, Reiczigel Jenő Habil. PhD^{1,3}

Az utóbbi évtizedekben számos madárfaj vonulásának időzítése megváltozott, aminek háttérében feltehetően klimatikus tényezők állnak. A vonulási fenológia rövid- és középtávú vonulók esetében viszonylag gyorsan, a hosszútávú vonulók esetében – az erős genetikai kontroll miatt – lassabban módosulhat. Vizsgálati fajunk, a kerti poszáta (*Sylvia borin*), hosszútávú vonuló, minden populációja a Szaharától délre telet. Vonulási útján nagy földrajzi barriereket (Mediterráneum, Szahara, Száhel-övezet) kell átrepülnie, amin csak nonstop repüléssel kelhet át, ehhez viszont nagy mennyiségű zsírt kell raktároznia, illetve jól kell időzítenie a repülési – vonulási időszakot. A zsírraktár elégtelensége, vagy a túl késői vonulás a madár pusztulását jelentheti. Vizsgálatunkban a faj 1984–2007. között, standard módszerekkel az Ócsai Madárvártán gyűjtött 6760 példányának első megfogási és 1608 visszafogási adatát használtuk. A madarakat függőhálóval fogtuk be, egyedileg jelöltük és számos biometria adatot vettünk fel. A korcsoportokat (első éves, fiatal – 2. naptári évében levő vagy annál öregebb) külön kezeltük.

Eredményeink alapján a kerti poszáta tavaszi vonulása átlagosan 6,5 nappal korábbra tolódott. Ennek háttérében valószínűleg a szaporodásra való optimalizáció áll. A korábban érkezők foglalhatják el a legjobb territóriumokat, így nagyobb eséllyel vesznek részt a szaporodásban. Rokon fajjaival ellentétben a kerti poszáta nem vedlik a költés után, így a megfelelő zsírraktár felhalmozása után elhagyja a területet. Az őszi vonuláskor az egyedek a túlélésre optimalizálnak. Ebben az időszakban növényi (főként bodza) táplálékra térnek át az állati eredetű táplálék helyett. A bodza általában korlátlanul rendelkezésre áll, így az öregek gyorsabban összegyűjtik a megfelelő mennyiségű zsírt a vonuláshoz. A fiatal madaraknak ez tovább tarthat. Így a fiatalok később vonulnak az öreg madaraknál. Különbég van a két korcsoport között a vonulás időzítésének változásában is. Az öreg madarak őszi vonulásának időzítése a 24 során nem változott, míg a fiataloké átlagosan 13 nappal későbbre tolódott.

Elemzéseinkből kiderült, hogy megváltozott az átvonuló állomány összetétele a vizsgálati időszak alatt: a kövérebb madarak egyre korábban jelentek meg, az átlagos raktározott zsír és a testtömeg csökkent, az átlagos szárnyhossz viszont nőtt. Ennek oka valószínűleg az, hogy az elmúlt évtizedekben a faj elterjedési területe észak felé nőtt, így az utóbbi években egyre több az északi eredetű, hosszabb szárnyú átvonuló madár. Ezek érkezésükig nagyobb távolságot repülnek, így több zsírt használnak fel, ezért kisebb tömeggel érkeznek a területre.

Vizsgálataink szerint a tavasszal átvonuló öreg madarak szárnya hosszabb, mint az őszié. A különbséget nem okozhatja a tollak kopása, ezért valószínű, hogy a két vonulási periódusban más összetételű a befogott állomány, vagyis a faj – a Nyugat-Európában megfigyeltekhez hasonlóan – itt is hurokvonuló. Mind tavasszal, mind ősszel, mindkét korcsoportban a hosszabb szárnyú egyedek vonulnak át korábban a vizsgálati területen, ami a faj „bakugrás” vonulásával magyarázható (a legészakabbra költő populációk teletnek legdélebben).

A DUNAI HALIVADÉK KÖZÖSSÉGEK VIZSGÁLATA, TEKINTETTEL EGYES TERMÉSZETES KÖRNYEZETI VÁLTOZÁSOK HATÁSAIRA

Gaebele Tibor^{1,2} II. évf. PhD hallgató, Hornung Erzsébet CSc¹, Guti Gábor PhD²

Az egyedfejlődésük során a halak élőhely-használata sajátosan változik, ezért a halivadék speciális indikátora a folyóvízi rendszerek élőhelyi változatosságának. Egy-egy folyószakasz ökológiai állapotának értékelésekor fontos szempont lehet a halállomány természetes utánpótlásának alakulása. Ennek egyik meghatározó tényezője a vízterület ivadéknevelő potenciálja, ami elsősorban a speciális élőhelyi igényű és a kifejlett halakhoz képest szűkebb tolerancia-tartományú halivadék-állomány mennyiségi és minőségi mutatói alapján jellemezhető

A dunai halivadék fajgyűttesek vízjárásától függő és évszakos változásainak feltárása érdekében a Gödi-sziget térségében, 'pont abundancia' mintavételi stratégiára alapozott elektromos halászattal végeztünk felmérést. A mintavételt vízben gázolva, akkumulátoros hordozható halászgéppel (DEKA 3000) valósítottuk meg márciustól szeptemberig, többnyire havi két alkalommal. A sziget környékén található jellegzetes élőhelytípusok mentén öt mintavételi szakaszt (120-150m hosszan) jelöltünk ki. A vizsgálatok kezdeti szakaszában 10 abiotikus mutató mérésével jellemeztük a part menti jellegzetes élőhelyi struktúrákat, és elemeztük azok változásait a Duna vízállásának függvényében. Ehhez illesztjük hozzá a fogási eredményeket, hogy megtudhassuk, mely mikro- és mezo-élőhelyen található egy adott faj ivadéka, illetve milyen gyakorisággal.

Célunk feltárni azokat a környezeti tényezőket, melyek a leginkább meghatározzák a halivadékok élőhely használatát. Feltevésünk, hogy a főágban található szigetek jelentős szereppel bírnak, általuk egy olyan komplex mikro-élőhely hálózat rajzolódik ki, amely számos dunai hal faj számára biztosít sikeres utánpótlást. Vizsgálatunk eddigi szakaszában egyértelművé vált, hogy a vízállás változása révén megfigyelhető dinamika jelentős változásokat okoz egy adott partszakasz paramétereiben. A természetes jellegű partok mentén a vízállás emelkedésével egyre határozottabban érvényesül a szárazföldi növényzet hatása. A kőszórásos meredek partszakasz világosan elkülönült élőhelyi sajátosságait tekintve. Az ilyen partszakasz abiotikus változóit a vízállás ingadozása kevésbé befolyásolta. Eddig 20 faj egyedét sikerült azonosítanunk, és igazolnunk a Gödi-sziget körül jelenlévő komplex élőhely struktúra jelentőségét.

Határidő után benyújtott beszámoló.

Élettan, biokémia,
kórélettan, morfológia

SZIE, Állatorvos-tudományi Kar, Biomatematika és Számítástechnikai Tanszék¹
MTA-BCE „Alkalmazkodás a klímaváltozáshoz” kutatócsoport²
SZIE, KTI Térképészeti és Térinformatika Tanszék³
Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Kék vércse védelmi munkacsoport⁴
Körös-Maros Nemzeti Park Igazgatóság⁵
ELTE Állatrendszertani és Ökológiai tanszék⁶

GYEPTERÜLETEK KASZÁLÁSÁNAK HATÁSA A KÉK VÉRCSEK GERINCTELEN TÁPLÁLÉKÁNAK DENZITÁSÁRA ÉS A KÉK VÉRCSEK VADÁSZATI HATÉKONYSÁGÁRA

Fehérvári Péter PhD hallgató^{1,4}, Szövényi Gergely tanársegéd⁶, Solt Szabolcs⁴, Palatitz Péter⁴, Harnos Andrea Habil. PhD^{1,2}

A Kék vércse egy kis termetű ragadozómadár, a sólyomfélék családjába (*Falconidae*) és a sólyomalkatúak rendjébe (*Falconiformes*) tartozik. Hazánk, mely állandó elterjedési területének a nyugati határa, nagy szerepet játszik ennek a kiemelt természetvédelmi jelentőségű fajnak (IUCN Red List: Near Threatened, hazai védelmi státusz: fokozottan védett) a konzervációjában. A faj szintű természetvédelmi biológia egyik alapkérdése hogy milyen tényezők befolyásolják a táplálkozást, hogyan lehet javítani a táplálkozó területek minőségét. A kék vércsék Magyarország nagyobb kiterjedésű gyepterületein költ, ahol elsősorban kistestű gerinceseket, és nagyobb testű rovar taxonokat (elsősorban coleoptera és orthoptera fajokat) zsákmányol. A modern természetközeli gyepterület kezelés egyik alap pillére a megfelelő technikával és megfelelő időpontban végzett kaszálás, melynek feltételezhetően drasztikus hatása van a kaszált területen élő gerinctelen faunára. Vizsgálatunk első lépésében kísérleti kaszálásokat követő standard mintavételezés adataival modelleztük a kaszálás hatását az orthoptera faunára. A második lépésben a kapott eredményeket összevetettük a kék vércsék valós élőhelyhasználatával és vadászati sikerével, melyet 9 egyed rádiótelemetriás nyomkövetésével mértünk. Vizsgálatunk eredményei- a tudományos eredményeken túl- kézzelfogható mankót adnak a természetvédelem döntéshozók kezébe, és hozzájárulhatnak az természetvédelmi célú agrártámogatási rendszerek fejlesztéséhez, hatékonyságának értékeléséhez.