

## Hazai vad és tenyésztett halakból származó *Aeromonas veronii* törzsek összehasonlító vizsgálatai

Sellyei Boglárka<sup>1</sup>, Varga Zsuzsanna<sup>1</sup>, Paulus Petra<sup>2</sup>, Papp Melitta<sup>2</sup>, Molnár Kálmán<sup>1</sup>,  
Székely Csaba<sup>1</sup>

<sup>1</sup>MTA, Agrártudományi Kutatóközpont, Állatorvos-tudományi Intézet  
<sup>2</sup>NÉBIH, Állat-egészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság, Parazitológiai, Hal- és Méhbetegségek  
Laboratóriuma

### Kivonat

Az *Aeromonas* nemzetséghez tartozó baktérium fajok világszerte gyakori tagjai az édesvízi környezetnek. Kedvezőtlen gazdasági hatásukat a vad és tenyésztett halak széles gazdakörében előidézett változatos megbetegedések (vérzéses vérfertőzés, úszó- és fark rothadás, fekélyes bőrgyulladás) formájában fejtik ki.

Vizsgálataink célja a hazai (mesterséges és természetes) tavakban jelentkező fekélyes bőrgyulladás kialakításában szerepet játszó *Aeromonas* fajok feltérképezése és az izolálásra került törzsek összehasonlító jellemzése volt.

Bakteriológiai vizsgálataink tárgyát az ország 8 különböző tájegységén elhelyezkedő tógazdaságból származó ponty, csuka, tok és pisztráng, valamint a Balatonból kifogott ponty, dévérkeszeg és bodorka képezte. Ennek során mintát vettünk bőrfelszíni fekélyekből, az uszonyokon és a farkon előforduló egyéb elváltozásokból, valamint egyes belső szervekből (vese, lép, máj).

Az izolátumok előzetes azonosítása telep- és sejt morfológiai tényezők, Gram-festés, oxidáz-teszt és oxidációs-fermentációs próba alapján zajlott. Ennek során 24 *Aeromonas* törzs és számos egyéb potenciális kórokozó baktérium (*Acinetobacter* sp., *Chryseobacterium* sp., *Streptococcus* sp., *Staphylococcus* sp., *Pseudomonas* sp., *Flavobacterium* sp., *Shewanella* sp., *Yersinia* sp., *Bacillus* sp., *Providencia* sp., *Citrobacter* sp.) elkülönítése történt meg.

Az irodalmilag elfogadott molekuláris tipizáló vizsgálat - cnp60 hősokk protein szekvencia elemzés - az *Aeromonas* törzseket főként *A. veronii* (83%), *A. hydrophila* (10%) valamint *A. sobria* és *A. salmonicida* (5-5%) fajba tartozóként azonosította. További jellemzésre az *A. veronii* törzset emeltük ki. Vizsgáltuk a szöveti terjedést elősegítő, főként enzimatiságokat kódoló (nukleáz, glicerofoszfolipid-koleszterol transzferáz, aerolizin, szerin proteáz, lipáz, laterális flagella), virulencia faktorok jelenlétét törzseinkben. A gyakran intenzíven hemolizáló törzseket elsődlegesen az aerolizin (hemolizin), valamint a szerin proteáz jelenléte jellemezte, bár egyesekben ez utóbbi enzim hiányát, míg másokban a lipáz jelenlétét is kimutattuk.

A törzsek virulenciájának kísérletes bizonyítására Daphnia-teszteket végeztünk, melynek során a csökkenő koncentrációjú baktérium szuszpenziók hatását vizsgáltuk a modell organizmusokra. Az eredmények összevetése a molekuláris vizsgálatokkal folyamatban van.

Az *Aeromonas* fajok, klímaváltozás hatására bekövetkező, gyakorisági és faji diverzitási változásának nyomon követésére az adott élőhelynek megfelelő vízminta és kiegészítő bélflóra vizsgálatokat tervezünk.

A vizsgálatokat az OTKA K 100132. számú pályázatának és a KTIA-AIK-12-1-2013-0017 támogatásával végeztük.

