

Doktori (PhD) értekezés tézisei

Halász Tibor

Kaposvár

2024



MAGYAR AGRÁR- ÉS ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM

**A nagy amerikai májmetely (*Fascioloides magna*)
előfordulása
a Dél-Dunántúlon**

**Halász Tibor
Kaposvár
2024**

A doktori iskola

megnevezése: Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

tudományága: állattenyésztési tudományok

vezetője: Prof. Dr. Szabó András
egyetemi tanár, az MTA doktora
Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem
Élettani és Takarmányozástani Intézet
Élettani és Állategészségügyi Tanszék

Témavezető(k): Dr. Csivincsik Ágnes
tudományos munkatárs, PhD
Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem
Élettani és Takarmányozástani Intézet
Élettani és Állategészségügyi Tanszék

.....

.....

.....

.....

Az iskolavezető jóváhagyása

A témavezető(k) jóváhagyása

Tartalomjegyzék

1. MUNKA ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK	5
1.1. Bevezetés	5
1.2. Célkitűzések.....	6
2. ANYAG ÉS MÓDSZERTAN	8
2.1. Vizsgálati területek	9
2.2. Parazitológiai vizsgálatok.....	10
2.2.1. Boncolásos vizsgálat	10
2.2.2. Ülepítéssel eljárás.....	10
2.2.3. Fajazonosítás molekuláris módszerrel.....	10
2.2.4. Petekeltetési vizsgálatok	11
2.3. Alkalmazott statisztikai módszerek	11
3. EREDMÉNYEK	13
3.1. Az őz potenciális járványtani szerepe a <i>Fascioloides magna</i> terjedésében.....	13
3.2. Terepi surveillance módszer	16
3.3. A <i>Fascioloides magna</i> terjedésének igazolása a Dél-Dunántúlon.....	18
4. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS A JAVASLATOK	21
5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	24
6. FONTOSABB TUDOMÁNYOS PUBLIKÁCIÓK	25
7. IRODALOMJEGYZÉK	26

1. MUNKA ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK

1.1. Bevezetés

A nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) a szarvasfélék májában élő parazita. A máj szövetében jelentős mértékű kárt okoz (Majoros és Sztojkov, 1994), amelynek következtében a fertőzött egyed anyagcseréje, általános egészségi állapota, ezáltal a tápláltsági állapota és teljesítménye is károsodhat (Marinkovic et al., 2013; Simonji et al., 2022; Sommer et al., 2022). Populáció szinten a szaporodási mutatók romlása, a populáció egyedszámának csökkenése, a trófeaminőség romlása figyelhető meg, főként az új elterjedési területein (Marinkulic et al., 2002; Shury et al., 2019). A parazita Európában inváziós fajnak tekinthető. Első megjelenése a XIX. század végére tehető. Feltételezhetően Észak-Amerikából importált, fertőzött szarvasfélékkel telepítették be. A Duna vízgyűjtő területén az 1990-es években jelent meg és kezdett terjedni a folyó mentén (Rajsky et al., 1994).

A *F. magna* közvetett fejlődésű parazita: fejlődési ciklusában a Lymnaeidae családba tartozó iszapcsigák játszik a köztigazda szerepét. A parazita megjelenése, fennmaradása és terjedése szempontjából központi jelentősége van a köztigazda csigáknak otthont adó vizes élőhelyeknek (Lockyer et al., 2004). A Duna folyót övező ártéri erdők kiváló élőhelyet biztosítanak mind a végleges, mind a köztigazda fajoknak, így a parazita folyásirány szerinti terjedésére már a vízgyűjtő területen történő megjelenésekor számítottak a faj kutatói (Hörweg et al., 2011; Juhász és Majoros, 2023). A feltételezések szerint az árhullámokkal elsodródó köztigazdák alsóbb szakaszokon történő megtelepedése okozza a folyómenti terjedést (Majoros és Sztojkov, 1994), míg a szarvasfélék közé tartozó végleges gazdák az otthonterületükön hurcolják szét a parazitát, lokális endémiákat kialakítva, amelyeket a Szigetközben és Gemencen is megfigyeltek (Majoros és Sztojkov, 1994; Tóth, 2012).

A nagy amerikai májmétely első, a Dél-Dunántúl Dunától távol eső területén történő előfordulása 2016-ban igazolódott (Nagy et al., 2018). A korábbi vélekedés szerint a parazita hazánkban a Duna völgyében a folyásiránynak megfelelően képes természetes úton terjedni, míg a folyóvölgyektől távolabbi megjelenés elsősorban mesterséges behurcolásoknak köszönhető (Majoros és Sztojkov, 1994). Már az első, nem a Duna völgyéhez köthető esetet követő

járványtani vizsgálatok rámutattak, hogy a parazita dél-dunántúli terjedésében mind mesterséges, mind természetes folyamatok közre játszhatnak (Nagy et al., 2018). A 2016-os észlelés azonban a Zselicben, a Dél-Dunántúl közepén, a Dunától mintegy 100 km távolságban történt. A hazai ökoszisztémában korábban nem volt tapasztalható, hogy a nagy amerikai májmétely jelentősebb mértékben eltávolodott volna a Dunától. A parazita új területeken való megjelenése, a korábbi járványokban tapasztalt kártétele miatt, jelentős vadgazdálkodási kockázatnak minősül. A jelen vizsgálatsorozat legfontosabb célja volt, hogy tisztázza, az újonnan felfedezett elterjedési területen mely gazdafajok játszhatnak szerepet a fertőzés fenntartásában, hogyan követhető a járványmenet az endémia határán, merre és milyen sebességgel terjed a fertőzés.

1.2. Célkitűzések

Vizsgálatunk célja az volt, hogy felmérjük, a zselici endémia kiterjedését, illetve a terjedés kockázatait. A célokat az alábbi vizsgálatokon keresztül terveztük megvalósítani:

1. A parazita előfordulásának vizsgálata gímszarvas és őz gazdafajban az egyéni és társas vadászatokon elejtett egyedek boncolásával.
2. Az ülepítékes bélsárvizsgálat hatékonyságának vizsgálata az elejtett egyedek máj boncolási leletének (féregszám, féregtömeg) és a bélsárból kimutatható peteszám összehasonlításával.
3. A vadgazdálkodók bevonása a parazita elterjedésének monitorozásába: fényképes útmutató kidolgozása a májelváltozások felismerésének elősegítésére a zsigerelést végző személy számára. A vadászok által pozitívnak, illetve negatívnak minősített májak boncolása, minősítése, a módszer érzékenységének és specifikusságának meghatározása.

4. Az őz potenciális fertőzésfenntartó szerepének tisztázása: az új elterjedési területen elejtett őzek kórbonctani és kórszövettani vizsgálata, az elváltozások összehasonlítása a gímszarvasban tapasztaltakkal. A máj állományából kinyerhető peték keltetése, a túlélőképesség összehasonlítása a két gazdafajból származó peték esetében.

5. Az elterjedési terület változásának monitorozása a kutatás négy éve alatt.

2. ANYAG ÉS MÓDSZERTAN

Jelen kutatásunk célja az volt, hogy felderítsük a Dél-Dunántúlon 2016-ban felfedezett nagy amerikai májmétely (*F. magna*) endémia járványtani sajátosságait. A kutatás négy éve alatt folyamatosan végeztük a gímszarvas és az őz fajba tartozó egyedek boncolásos vizsgálatát, az endémiára jellemző éves periódus prevalencia, ezáltal a járványmenet meghatározása céljából.

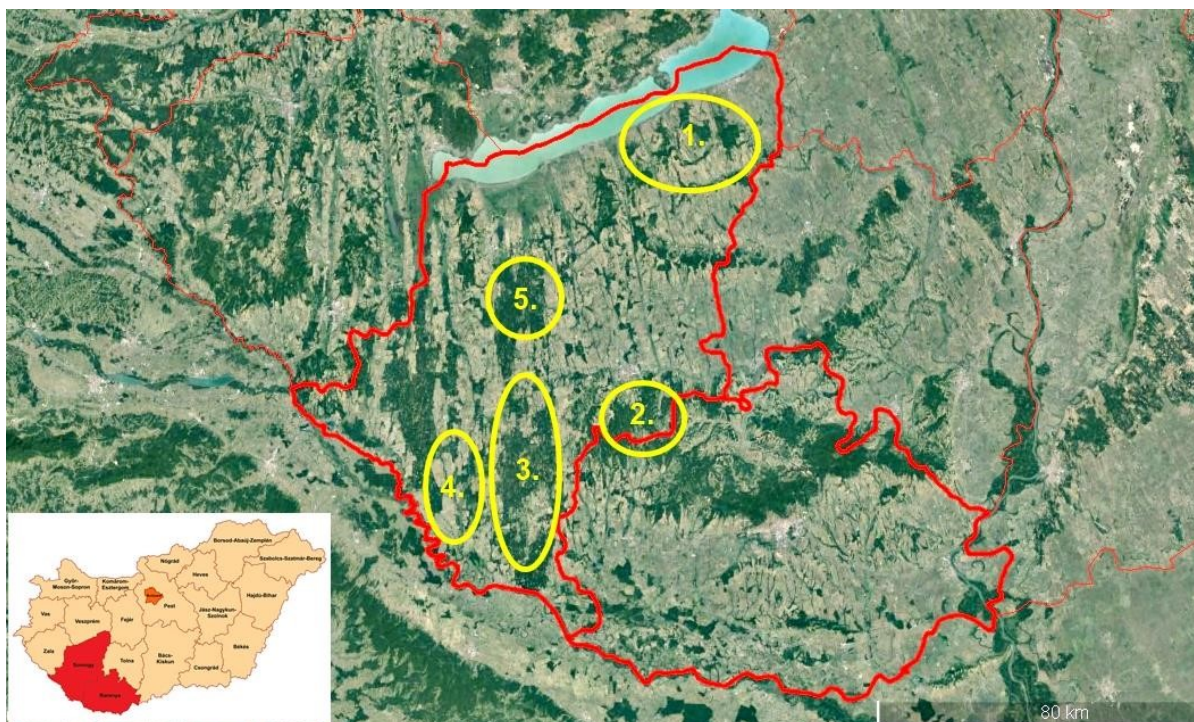
Az első szakaszban a területen élő őzpopuláció potenciális járványtani szerepét igyekeztünk tisztázni. Ennek érdekében az endémiás területen elejtett őzek és gímszarvasok összehasonlító vizsgálatát végeztük el: a boncolások során értékeltük a vadtestekben megfigyelhető elváltozások kórbonctani és kórszövettani jellegét, megszámloltuk az egyes pszeudocisztákban fellelhető kifejlett férgeket, a pszeudociszták tartalmának mikroszkópos vizsgálatával értékeltük a mételyek petetermelését, az egy és a több mételyt tartalmazó cisztákból kinyert petéket keltettük és megfigyeltük az embrionális fejlődést, illetve a túlélést.

A *F. magna* dél-dunántúli endémiájának monitorozásához egyszerű, nagy mintaszámon elvégezhető surveillance módszer kialakítását terveztük. Ehhez két vizsgálati lehetőséget próbáltunk ki. Az egyikben a vizsgálatok során a vadászatokon elejtett egyedeket boncoltuk, illetve a bélcsatornából kinyert bélsárminták ülepítései vizsgálatát végeztük el, hogy meghatározzuk a bélsár parazitológiai vizsgálat hatékonyságát a gazdafajok fertőzöttségének felmérésében. A másikban a különböző mértékben károsodott májakról fotósorozatot készítettünk, amelynek segítségével útmutatót állítottunk össze a zsigerelést végző vadászati szakszemélyzet számára, hogy egyértelműen fel tudják ismerni a nagy amerikai májmétely jelenlétét a vadtestben. A szakszemélyzet által minősített, pozitív és negatív májakat részletes kórbonctani vizsgálatnak vetettük alá, hogy megállapíthassuk a szakszemélyzet által végzett minősítés hatékonyságát.

A korábban ismertté vált endémia északi határától különböző távolságokban elejtett gímszarvasok parazitológiai vizsgálatával határoztuk meg a terjedés tényét, illetve a korábban ismertté vált legészakibb esethez viszonyított távolságát.

2.1. Vizsgálati területek

A vizsgálatok alapját képező mintákat jellemzően Somogy vármegye, kisebb hányadát pedig Baranya vármegye területén fekvő vadászterületekről gyűjtöttük (1. Ábra). A mintagyűjtés során az említett területeken élő gímszarvas populációkban kerestük az amerikai májmételey-fertőzőttség jelenlétét.



1. Ábra. A vizsgálati területek elhelyezkedése. (Megjegyzés: piros vonal=vármegyék határai, sárga vonal=mintát szolgáltató vadászterületek, 1. SEFAG Zrt Szántódi Erdészete, 2. SEFAG Zrt. Zselici és Kaposvári Erdészete, 3. SEFAG Zrt. Lábodi Vadászterdészete, 4. SEFAG Zrt. Iharosi Erdészete (Zsitfapuszta), 5. Dél-Dunántúli Fauna Vadászati Társaság)

2.2. Parazitológiai vizsgálatok

2.2.1. Boncolásos vizsgálat

A parazitológiai vizsgálatokhoz egyéni és társas vadászatok során elejtett gímszarvasok, illetve őzek máját használtunk. Az állatok zsigereit követően a szerveket leválasztottuk, majd a lehető leghamarabb feldolgoztuk azokat. A máj szövetét teljesen ronsoltuk és a szövettörmeléből kiszabadított metelyeket összegyűjtöttük. Az izolált parazitákat elsősorban morfológiai sajátosságaik (testalakulás, testhossz, szélesség) amelyhez Králová-Hromadová et al. (2016) munkáját használtuk.

2.2.2. Ülepítési eljárás

A módszer során a bélsárral ürülő peték számának meghatározását végeztük. A vizsgálatához ismert mennyiségű hullatékot használtunk, amelyet csapvízzel alaposan átmostunk. A bélsár szuszpenziót állni hagytuk, majd a felülúszóját leöntöttük, majd újra vízzel öntöttük fel. Ezt a műveletet addig végeztük, amíg a víz elég tiszta nem lett a peték mikroszkópos detektálásához. A peteszámot egy bélsár grammra vetítve határoztuk meg.

2.2.3. Fajazonosítás molekuláris módszerrel

A nagy amerikai májmétely terjedésének igazolásához a morfológiai azonosításon kívül molekuláris módszert is alkalmaztunk. Ehhez a különböző területekről gyűjtött parazitákból gazdaszervezetenként egyet-egyét random kiválasztottunk és annak kb. 10 mg-nyi szövetéből DNS kivonást végeztünk, amely lízisét 100 µl 5%-os Chelex 100 szuszpenzióban végeztük. Az azonosításhoz olyan fajspecifikus primereket használtunk, amelyek segítségével a *Fascioloides magna* (forward: 5'-ACCAGTTATCGTTGTGTTG-3'; reverse: 5'-CCGTCTTTAAACAACAG-3') és a *Fasciola hepatica* (forward: 5'-CTTATGATTTCTGGGATAATT-3'; reverse: 5'-CCGTCGCTATATGAAAA-3') fajok egymástól egyértelműen megkülönböztethetőek voltak (Houszka et al., 2016). A PCR reakció során kapott termékeket (*Fascioloides magna* 152 bp; *Fasciola hepatica* 112 bp) gélelektroforézissel (90 mV, 1 h) értékeltük 2%-os agaróz gélen.

2.2.4. Petekeltetési vizsgálatok

A vizsgálathoz fertőzött gímszarvasok és őzek máját boncoltuk a már ismertetett módon. A mételyeket tartalmazó pszeudocisztákból fecskendővel azonnal összegyűjtöttük és többszöri, desztillált vizes öblítéssel tisztítottuk annak tartalmát. A vizsgálathoz külön csoportba gyűjtöttük az gím és őz májakban előforduló egy és két mételyt tartalmazó kavernák tartalmát. A keltetés során folyamatosan ellenőriztük a fejlődő lárvák embrionálódását. A fejlődés különböző stádiumainak értékeléséhez Swales (1935) és Campbell (1961) munkáit használtuk.

2.3. Alkalmazott statisztikai módszerek

A keltetési kísérlet során egyrészt meghatároztuk és összehasonlítottuk a vizsgált gímszarvas és őz állományban a parazita fertőzöttség prevalenciáját és átlagos intenzitását, valamint az egy, kettő és három mételyt tartalmaz pszeudociszták számát a két gazdafajban. A keltetés során gazdafajonként és gazdafajokon belül is összehasonlítottuk a különböző fejlettségi stádiumú peték arányát. Ehhez a Kaplan-Meier túlélési analízist alkalmaztuk. A statisztikai számításokat az SPSS 27.0 szoftverrel végeztük el.

Következő célunk a parazita terjedésének detektálására alkalmas gyorsan elvégezhető módszer kialakítása volt. Ebben az esetben a gold standard módszerként a boncolásos vizsgálatot választottuk. Ehhez hasonlítottuk a hullatékkal ürülő peték számát, illetve egy olyan fényképes útmutató használatát, amely segíti a zsigerelest végző számára azon májelváltozások felismerését, amelyek az amerikai májmétely fertőződés során tapasztalhatók. A vizsgálatban e két lehetséges módszer érzékenységeinek és specifikusságának meghatározását is elvégeztük. A statisztikai analízishez az SPSS 27.0 szoftvert és a MedCalc online szoftvert (https://www.medcalc.org/calc/diagnostic_test.php) használtuk.

A parazita Dél-Dunántúlon történő terjedésének vizsgálata során a gímszarvas populációk fertőzöttségére utaló jeleket kerestünk. Az elejtett állatokban a férgek jelenléte igazolta, hogy a métely milyen messzire jutott el a 2017-2018-as felmérés óta. A terjedést az akkori legészakibb belső-somogyi előfordulási észlelés helyszínéhez viszonyítottuk.

3. EREDMÉNYEK

3.1. Az őz potenciális járványtani szerepe a *Fascioloides magna* terjedésében

A vizsgálatban összesen 19 gímszarvas és 60 őz máját vizsgáltuk. A fertőzöttek aránya az előbbi esetében 68,4%-nak (CI95%=44,6–85,3%), utóbbiban pedig 36,7% (CI95%=24,8–50,0%) bizonyult. Az átlagos intenzitás hasonlóan alakult a két fajban, a fertőzött gímekben átlagosan 10 féreg volt megtalálható (CI95%=4,9–22,6), őzben pedig 7,59 (CI95%=2,7–24,2). A fertőzöttséget jellemző két mérőszám az első esetben szignifikánsan eltért, míg utóbbinál nem. Gímben az egy mételet tartalmazó ciszták száma 17 darab volt, kettő mételet 46, míg hármat 7 tartalmazott. Őz esetében sokkal kevesebb pszeudociszta volt megfigyelhető, amelyekből egy tartalmazott egy mételet, kettőből pedig két parazitát izoláltunk. A keltetéshez összesen 662 petét használtunk fel (1. Táblázat).

1. Táblázat. A különböző eredetű peték fejlődésének alakulása a keltetési folyamat során.

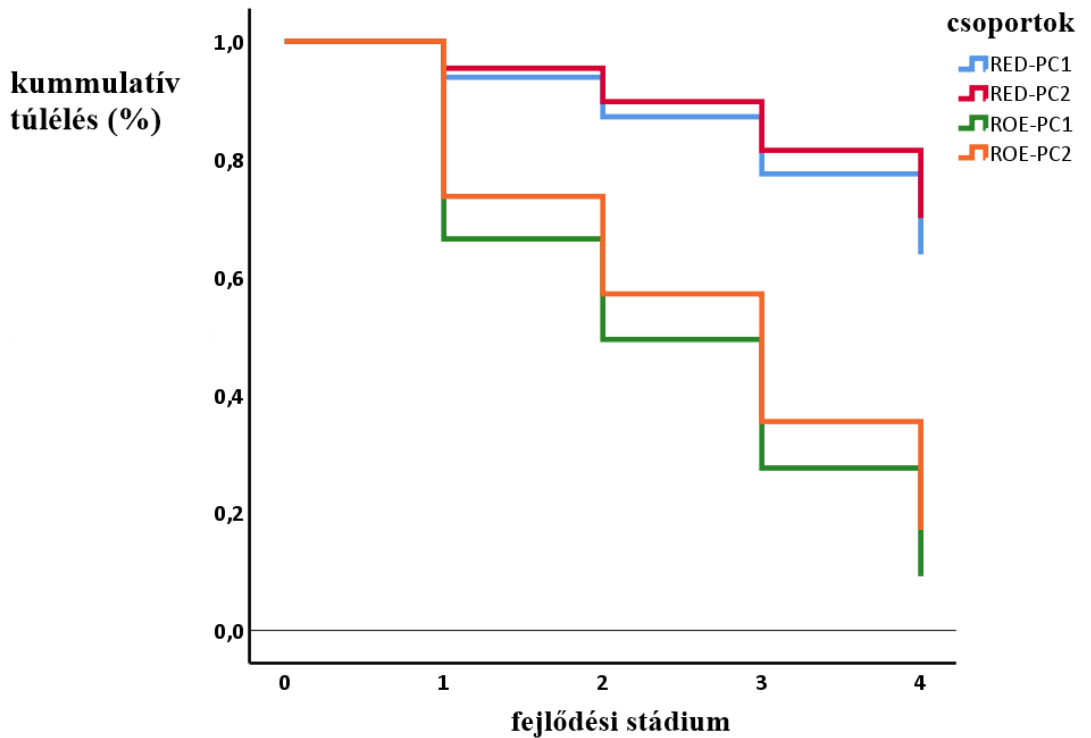
	összes pete	embrionálódás	szemfolt	kelés előtti	kelés
RED- PC1*	212	80,2% (170)**	64,2% (136)	64,2% (136)	52,8% (112)
RED- PC2	232	84,5% (196)	70,3% (163)	70,3% (163)	60,3% (140)
ROE- PC1	84	36,9% (31)	14,3% (12)	14,3% (12)	4,8% (4)
ROE- PC2	134	44,% (60)	20,1% (27)	20,1% (27)	9,7% (13)

*RED-PC1: gím eredetű, egy mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó pete; RED-PC2: gím eredetű, két mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó pete, ROE-PC1: óz eredetű, egy mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó pete, ROE-PC2: óz eredetű, két mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó pete

** az adott fejlődési stádium aránya az összes petére vonatkoztatva (összes pete az adott stádiumban).

A két gazdafajból származó peték inkubálása során szignifikáns eltérés volt megfigyelhető a miracidiumok kelésében (2. Ábra).

2 Ábra. A különböző gazdafajokból és pszeudocisztákból származó *F. magna* peték túlélési görbéje. (Megjegyzés: 0. stádium: friss peték; 1. stádium: embrionálódott peték; 2. stádium: szemfolt megjelenése; 3. stádium: kelés előtti állapot; 4. stádium: kelés).



Mind az egy és két mészelyt tartalmazó pszeudocisztákból származó peték esetén a gím szarvas eredetűek szignifikánsan nagyobb arányban keltek. A fajokon belül az egyes és kettes pszeudociszták közötti összehasonlításban statisztikai eltérést nem tapasztaltunk (3. Táblázat).

3. Táblázat. A különböző eredetű peték keltetési eredményeinek összehasonlítása.

	RED-PC2	ROE-PC1	ROE-PC2
RED-PC1*	0,059**	<0,0001	<0,0001
RED-PC2		<0,0001	<0,0001
ROE-PC1			0,056

*RED-PC1: gím eredetű, egy mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó pete; RED-PC2: gím eredetű, két mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó pete, ROE-PC1: őz eredetű, egy mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó pete, ROE-PC2: őz eredetű, két mételyt tartalmazó peszeudocisztából származó

**p-érték

3.2. Terepi surveillance módszer

A 45 gímszarvas bika és 92 tehén féregfertőzöttségének és a hullatékban ürült peték száma között gyenge közepes összefüggést találtunk. A lineáris összefüggés valamelyest kifejezettebb volt a peteszám és az izolált mételyek tömeg között ($R^2=0,6016$; $p<0,0001$). A peteszám és a mételyek száma közötti az összefüggés gyengébbnek bizonyult ($R^2=0,5722$; $p<0,0001$).

A fényképes útmutató (FKU) vizsgálatokor összesen 319 állat máját értékelték a bevont vadászok. Ezekből – a képes útmutató használatával – 137 esetben állították, hogy fertőzött. A boncolások során összesen 130 métellyel fertőzött állatot találtunk, a hullatékok ülepítései vizsgálatokor pedig 50 mintából izoláltunk petéket. A módszerek érzékenységének és specifitásának összehasonlításához használt valós és fals pozitív értékeket a 3. Táblázat mutatja be.

3. Táblázat. A képes útmutató (FKU) és az ülepítéssel eljárás valódi pozitív (TP), fals pozitív (FP), valódi negatív (TN) és fals negatív (FN) értékei.

	A gold standard teszt (boncolás) eredményei		Összesen
	+	-	
FKU +	130 (TP*)	7 (FP)	137
FKU -	0 (FN)	182 (TN)	182
ülepítés +	50 (TP)	0 (FP)	50
ülepítés -	80 (FN)	189 (TN)	269
Összes	130	189	319

TP=valódi pozitív; FP=fals pozitív; FN=fals negatív; TN=valódi negatív

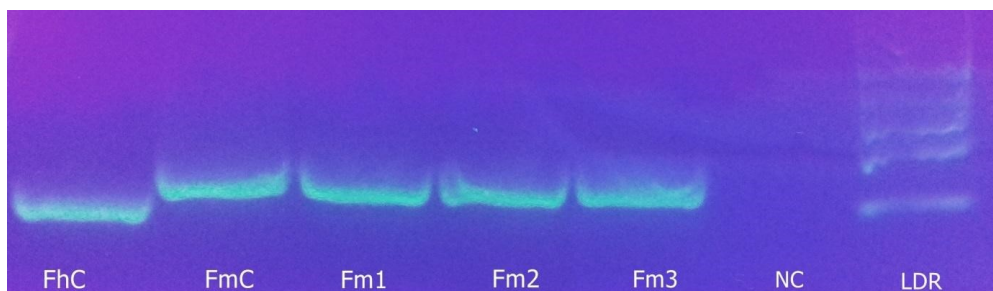
A két módszer érzékenysége jelentősen különbözött egymástól. A specifitás esetében a különbség nem bizonyult jelentősnek (4. Táblázat). Összességében megállapítható volt, hogy a képes útmutatóval a vadászok sokkal pontosabban tudták a fertőzött állatokat felismerni, mint ahogyan azt a petevizsgálattal a laboratóriumban detektálni lehetett.

4. Táblázat. A fényképes útmutató (FKU) és az ülepitéses eljárás érzékenysége (SENS), specificitása (SPEC), pozitív prediktív értéke (PPV), negatív prediktív értéke (NPV) és a tesztek pontossága (ACC). values for IG (illustrated guideline) and sedimentation methods (screening tests).

	FKU teszt	Ülepítéses eljárás
SENS	100% (CI95%: 97,2 – 100)	38,5% (CI95%: 30,1 – 47,4)
SPEC	96,3% (CI95%: 92,5 – 98,5)	100% (CI95%: 98,1 – 100)
PPV	94,9% (CI95%: 90,0 – 97,5)	100%
NPV	100%	70,3% (CI95%: 67,3 – 73,0)
ACC	97,8% (CI95%: 95,5 – 99,1)	74,9% (CI95%: 69,8 – 79,6)

3.3. *A Fascioloides magna terjedésének igazolása a Dél-Dunántúlon*

A parazitológiai vizsgálatok során négy állatban, eltérő intenzitással, amerikai májmétely fertőzöttséget állapítottunk meg, míg egy fiatal bikában csak a féreg által okozott szöveti elváltozások jellegzetes nyomait találtuk. A májban peték jelenlétét csak abban a tehénben találtunk, melyből 29 férget sikerült izolálni. Az izolált férgek elvégzett morfológiai vizsgálat és a molekuláris diagnosztikai teszt is megerősítette a gímszarvasok *F. magna* fertőzöttségét (3. Ábra).



3. Ábra. Néhány izolált féreg gélelektroforézisének eredménye. (FhC: *Fasciola hepatica* kontroll, 112 bp; FmC: *Fascioloides magna* kontroll, 152 bp; Fm1, Fm2, Fm3: *F. magna* izolátum; NC: negatív kontroll; LDR: 100 bp létra).

A távolságmérés során megállapítható volt, hogy a parazita 2018-ban megismert legészakibb és legnyugatibb belső-somogyi előfordulása és a jelenlegi előfordulási pontok közötti távolságok 21,0-37,8 km közé estek (4. Táblázat).

4. Táblázat. A vizsgálatban leírt *F. magna* fertőzöttség parazitológiai és járványtani jellemzői.

Elejtés ideje	Ivar	Életkor (év)	Intenzitás	Koordináták	Távolság a korábbi előfordulástól (km):*
2019.10.01	bika	1,5	1	46° 24' 46,40" É 17° 32' 40,17" K	31,26
2019.10.06	bika	5	1	46° 28' 28,16" É 17° 29' 41,08" K	37,78
2019.10.07	tehén	4	29	46° 24' 21,22" É 17° 29'49,38" K	30,16
2019.10.07	bika	1,5	csak szöveti elváltozás	46° 19' 23,77" É 17° 29' 14,71" K	20,96
2019.10.15	ünő	1,5	10	46° 22' 7,96" É 17° 33' 40,00" K	26,69
2020.01.16.	tehén	4	2	46° 06' 45,86" É 17° 15' 07,28" K	26,5

§A távolságméréshez az előző vizsgálatunk alapján megállapított 46° 8'5.25"É; 17°29'4.22"K és 45° 58'49,16"É; 17°31'06,96"K referenciapontokat használtuk.

*Távolságmérés: Google Earth Pro szoftverrel (Google Ireland Limited, Gordon House, Barrow Street, Dublin 4, Ireland).

4. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS A JAVASLATOK

A 2019-2023. között zajló vizsgálat sorozat célja az volt, hogy a Dél-Dunántúl középső, illetve nyugati területén felfedezett nagy amerikai májmétely endémiás terület járványtani sajátosságait azonosítsuk. Ennek érdekében: 1.) tisztázni akartuk a gímszarvas és az őz potenciális fertőzés fenntartó és terjesztő szerepét; 2.) egy olyan surveillance módszer kidolgozását kívántuk megalapozni, amely segíthet a vadgazdálkodóknak a parazita megjelenésének és terjedésének detektálásában; 3.) igazolni kívántuk az amerikai májmétely terjedését meghatározva annak irányait is.

Az endémia monitorozására kialakított vizsgáló módszerünk - a vadászati szakszemélyzet bevonása a vadtestek terepi értékelésébe az elváltozásokról készült fényképfelvételek felhasználásával összeállított útmutató segítségével - legfőbb hátránya, hogy kizárólag a vadászati idényekben teszi lehetővé a mételyesség monitorozását. Ennek következtében nem megvalósítható általa az egész éven át tartó folyamatos, az állatok zavarása nélküli, non-invazív vizsgálat. A terepi bélsárgyűjtés és a mintákból elvégzett ülepítésező vizsgálat, amely ez utóbbi kívánalomnak megfelelő lehetett volna, nem bizonyult megfelelő érzékenységűnek. Csúpan a legalább 5 kifejlett métellyel fertőzött egyedek esetében adott megbízható eredményt. Ennek ismeretében javasolható, hogy különböző mértékben fertőzött, lőtt testekből nyert bélsárminták molekuláris vizsgálatával érdemes lenne olyan genetikai markereket keresni, amelyek már alacsonyabb mértékű vagy friss fertőzés esetén is jelzik az egyed fertőzöttségét. Ennek a vizsgálati módszernek a kialakítása meghaladta a munka kereteit, de a jövőben szükséges ezt a kutatási irányt követni, hogy a jelenleginél pontosabban meghatározható legyen a szarvasfélék egyes populációiban történő megjelenés és terjedés.

A fényképező útmutatóra alapozott surveillance kedvező tapasztalatai alapján javasolható a vadgazdálkodók szélesebb körének bevonása a vizsgálatokba, akár az Országos Magyar Vadász Kamara által szervezett továbbképzések keretében. A jelen vizsgálat megállapított terjedési irány alapján várható, hogy az endémiás terület kiterjedése néhány éven belül eléri Zala vármegye legfontosabb gímszarvas-élőhelyeit, amelynek vadgazdálkodási következményei egyelőre nehezen becsülhetők. A Zselicben és Belső-

Somogyban szerzett tapasztalatok, amelyek nem igazoltak jelentős mértékű kártételt, némileg eltérnek a gemenci területen megfigyelt trófeaminőségre gyakorolt kedvezőtlen hatástól (Majoros és Sztojkov, 1994).

Az őz és a nagy amerikai májmétely közötti interakció tanulmányozása során nyert tapasztalatok ráirányítják a figyelmet a gazda- és a parazita-populációkban végezhető populációgenetikai vizsgálatok fontosságára. A gazdapopulációk ellenállóképességének értékeléséhez javasolható a fő hisztokompatibilitási génkomplex (MHC) vizsgálata, amelynek során az endémiás területen élő, különböző mértékben fertőzött egyedek genetikai vizsgálata alapján javasolt meghatározni azokat az allélvariánsokat, amelyek szerepet játszhatnak a mételyfertőzöttséggel szembeni rezisztencia vagy reziliencia kialakításában. A parazita esetében a populációt ért palacknyak-hatások azonosítása, illetve a hazánkban azonosítható endémiás területeken élő populációk genetikai változatosságának meghatározása javasolható.

Jelen munka nem terjedt ki a köztigazda populációk vizsgálatára. Ugyanakkor a szakirodalmi adatok egyértelműen ráirányították a figyelmet a klímaváltozás és az emberi tevékenység következtében megváltozó élőhelyek járványtani kockázatára. A folyókon végzett vízrendezési tevékenységek következtében lassuló vízáramlás, az eutrofizáció és az inváziós növény- és csigafajok is hozzájárulhatnak a parazita jelentősebb mértékű elterjedéséhez, illetve kártételének növekedéséhez (Grabner et al., 2014; Schols et al., 2021). Ennek egyik legjellegzetesebb példája a *Pseudosuccinea columella* csigafaj európai terjedése (Pointier et al., 2007; Vignoles et al. 2018). A faj jelentős inváziós képességgel rendelkezik, emellett a fertőzési kísérletekben bizonyítottan kifejezetten kedvező feltételeket biztosít a *F. magna* fejlődéséhez (Pankrác et al., 2016; Rondelaud et al., 2014). A hazai előfordulására is van már bizonyíték (Vignoles et al. 2018; Varga és Lökkös, 2021), ugyanakkor a csiga és a parazita természetes élőhelyen való közös előfordulását Európában még nem vizsgálták. A csiga hazai előfordulásának és terjedésének feltérképezése jelentős mértékben hozzájárulhatna a járványtani kockázatbecslés pontosításához, a parazita potenciális terjedési irányának, a terjedés sebességének meghatározásához.

Az őshonosnak tekinthető köztigazda csigafajok, a *G. truncatula* és a *R. labiata/peregra* optimális környezeti igényeinek, a jelentős mértékű

populációnövekedés okainak tisztázása további adatokat szolgáltathat egy-egy adott területen élő gazdafajok fertőzési kockázatának meghatározásához.

Javasolható továbbá az endémiás területen élő vaddisznó-populáció kórbonctani monitoringja. A dél-dunántúli endémiás területtel azonos forrásból fertőződött horvátországi endémiában végzett vizsgálatok felvetik annak a lehetőségét, hogy a vaddisznó járványtani szerepe megváltozhat a gazda-parazita interakció módosulása következtében, így a fertőzést fenntartó definitív gazdává válhat (Konjevic et al., 2017). A vaddisznó májminták kórbonctani és kórszövettani vizsgálata és az érett petéket termelő mótelyek genetikai vizsgálata további információkat szolgáltathat a parazita alkalmazkodó képességének mértékéről, amely a faj egész evolúciós történetét végigkísérő jelenség (Czivincsik et al., 2023).

5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Kidolgoztuk a szarvasfélék zsigerelése során elvégezhető, kizárólag megtekintésen alapuló surveillance-módszert a nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) prevalenciájának meghatározására, amelynek érzékenysége 100% (CI95%: 97,2 – 100%), specifikussága pedig 96,3% (CI95%: 92,5 – 98,5%) a gold standardnak tekinthető boncolásos vizsgálattal összehasonlítva.

2. A fertőzött gazdák peteürítése és a fertőzöttség mértéke között gyenge összefüggést találtunk, ezáltal a bélsár ülepitéses vizsgálatára alapozott surveillance-módszer érzékenysége csupán 38,5%-nak (CI95%: 30,1 – 47,4%), míg specifikussága 100%-nak (CI95%: 98,1 – 100%) bizonyult a gold standarddal összehasonlítva.

3. A vizsgálati területen egyértelműen bizonyítást nyert, hogy a *F. magna* fertőzöttség intenzív terjedést mutat a Dráva folyó vízgyűjtő területén a folyásiránnyal szemben mind nyugati, mind északi irányba.

4. Az őz (*Capreolus capreolus*) gazdafaj májából kinyert petékből életképes miracidiumokat keltettünk, bizonyítva ezzel az őz potenciális fertőzésfenntartó képességét.

5. A gímszarvas (*Cervus elaphus*) gazdafaj májából kinyert peték túlélési képessége szignifikánsan jobb volt, mint az őzmájakból származóké.

6. A *F. magna* faj öntermékenyítésre való képessége bizonyítható volt mind a gímszarvas, mind az őz gazdafajból származó, szoliter elhelyezkedésű mételyekben. Az öntermékenyítésből származó peték életképessége nem mutatott szignifikáns különbséget a csoportosan élő, tehát feltehetően szexuálisan szaporodó mételyek petéinek életképességétől.

6. FONTOSABB TUDOMÁNYOS PUBLIKÁCIÓK

AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK

TUDOMÁNYOS FOLYÓIRATBAN TÖRTÉNŐ MEGJELENÉS (IDEGEN NYELVEN)

Halász, T., Tari, T., Nagy, E., Nagy, G., Csivincsik, Á., 2023. Hatchability of *Fascioloides magna* eggs in cervids. *Pathogens*. 12(5), 741. <https://doi.org/10.3390/pathogens12050741>

Csivincsik, Á., Halász, T., Nagy, G., 2023. The large American liver fluke (*Fascioloides magna*): A survivor's journey through a constantly changing world. *Parasitologia*. 3, 300-326. <https://doi.org/10.3390/parasitologia3040031>

Halász, T., Nagy, G., Tari, T., Csányi, E., Vicze, D., Németh, S., Csivincsik, Á., 2023. Epidemiological tools to assess the spread of *Fascioloides magna*. *Acta Agrar. Kaposvariensis*. 27(1-2), 67-76. <https://doi.org/10.31914/aak.3004>

TUDOMÁNYOS FOLYÓIRATBAN TÖRTÉNŐ MEGJELENÉS (MAGYAR NYELVEN)

Halász, T., Nagy, G., Csányi, E., Németh, S., Csivincsik, Á., 2020. Az amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) expanziója Délnyugat-Magyarországon – Előzetes közlemény. *Acta Agrar. Kaposvariensis*. 24(2), 27-37. <https://doi.org/10.31914/aak.2444>

7. IRODALOMJEGYZÉK

1. Campbell, W.C., 1961. Notes on the egg and miracidium of *Fascioloides magna*, (Trematoda). Transac. Am. Microsc. Soc. 80, 308–319.
2. Csivincsik, Á., Halász, T., Nagy, G., 2023. The Large American liver fluke (*Fascioloides magna*): A survivor's journey through a constantly changing world. Parasitologia. 2023, 3, 300-326. <https://doi.org/10.3390/parasitologia3040031>
3. Grabner, D.S., Mohamed, F.A., Nachev, M., Meabed, E.M., Sabry, A.H.A., Sures, B., 2014. Invasion biology meets parasitology: A case study of parasite spill-back with Egyptian *Fasciola gigantica* in the invasive snail *Pseudosuccinea columella*. PLoS ONE 9, e88537. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0088537>
4. Hörweg, C., Prosl, H., Wille-Piazzai, W., Joachim, A., Sattmann, H., 2011. Prevalence of *Fascioloides magna* in *Galba truncatula* in the Danube backwater area east of Vienna, Austria. Wien. Tierarztl. Monat. 98, 261–267.
5. Houszka, M., Piekarska, J., Podkowik, M., Gorczykowski, M., Bania, J., 2016. Morphology and molecular study of *Fascioloides magna*—a growing threat to cervids (Cervidae) in Poland. J. Vet. Res. 60, 435–439. <https://doi.org/10.1515/jvetres-2016-0065>
6. Juhász, A., Majoros, G., 2023. A proposed ectochory of *Galba truncatula* snails between willow sites enhances transmission of *Fascioloides magna* at Gemenc, in Hungary. Int. J. Parasitol. Parasites Wildl. 21, 2019–2223. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2023.06.004>
7. Konjević, D., Bujanić, M., Erman, V., Kurilj, A.G., Živičnjak, T., Severin, K., Tomić, S., Martinković, F., 2017. New data on wild boar (*Sus scrofa* L.) a dead-end host for large American liver fluke (*Fascioloides magna*). Helminthologia. 54, 77–80. <https://doi.org/10.1515/helm-2017-0006>
8. Králová-Hromadová, I., Juhásová, L., Bazsalovicsová, E., 2016. The Giant Liver Fluke, *Fascioloides magna*: Past, Present and Future Research; Springer International Publishing: Berlin/Heidelberg, Germany.

9. Lockyer, A.E., Jones, C.S., Noble, L.R., Rollinson, D., 2004. Trematodes and snails: An intimate association. *Can. J. Zool.* 82, 251–269. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2022.07.003>
10. Majoros, G., Sztojkov, V., 1994. Appearance of the large American liver fluke *Fascioloides magna* (Bassi, 1875) (Trematoda: Fasciolata) in Hungary. *Parasitol. Hung.* 27, 27–38.
11. Marinculić, A., Džakula, N., Janicki, Z., Hardy, Z., Lučinger, S., Živičnjak, T., 2002. Appearance of American liver fluke (*Fascioloides magna*, Bassi, 1875) in Croatia. *Vet. Arh.* 72, 319–325.
12. Marinković, D., Kukulj, V., Aleksić-Kovačević, S., Jovanović, M., Knežević, M., 2013. The role of hepatic myofibroblasts in liver cirrhosis in fallow deer (*Dama dama*) naturally infected with giant liver fluke (*Fascioloides magna*). *BMC Vet. Res.* 9, 45. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-9-45>
13. Nagy, E., Jócsák, I., Csivincsik, Á., Zsolnai, A., Halász, T., Nyúl, A., Plucszinszki, Z., Simon, T., Szabó, S., Turbók, J., Nemes, C., Sugár, L., Nagy, G., 2018. Establishment of *Fascioloides magna* in a new region of Hungary: case report. *Parasitol Res.* 7(11), 3683–3687. <https://doi.org/10.1007/s00436-018-6099-9>
14. Pankrác, J., Novobilský, A., Rondelaud, D., Leontovyč, R., Srovátka, V., Rajský, D., Horák, P., Kašný, M., 2016. Effect of *Fascioloides magna* (Digenea) on fecundity, shell height, and survival rate of *Pseudosuccinea columella* (Lymnaeidae). *Parasit. Res.* 115, 3119–3125. <https://doi.org/10.1007/s00436-016-5068-4>
15. Pointier, J.P., Coustau, C., Rondelaud, D., Theron, A., 2007. *Pseudosuccinea columella* (Say 1817) (Gastropoda, Lymnaeidae), snail host of *Fasciola hepatica*: First record for France in the wild. *Parasitol. Res.* 101, 1389–1392. <https://doi.org/10.1007/s00436-007-0656-y>
16. Rajský, D., Patus, A., Bukovjan, K., 1994. Prvý nálež The first finding of *Fascioloides magna* Bassi, 1875 (in Slovakian: *Fascioloides magna* Bassi, 1875 na Slovensku. *Slov. Vet. Čas.* 19, 29–30.
17. Rondelaud, D., Novobilský, A., Höglund, J., Kašný, M., Pankrác, J., Vignoles, P., Dreyfuss, G., 2014. Growth rate of the intermediate snail host *Galba truncatula* influences redial development of the trematode *Fascioloides magna*. *J. Helmint.* 88, 427–433. <https://doi.org/10.1017/S0022149X13000370>

18. Schols, R., Carolus, H., Hammoud, C., Muzarabani, K.C., Barson, M., Huyse, T., 2021. Invasive snails, parasite spillback, and potential parasite spillover drive parasitic diseases of *Hippopotamus amphibius* in artificial lakes of Zimbabwe. *BMC Biol* 19, 160. <https://doi.org/10.1186/s12915-021-01093-2>
19. Shury, T.K., Pybus, M.J., Nation, N., Cool, N.L., Rettie, W.J., 2019. *Fascioloides magna* in moose (*Alces alces*) from Elk Island National Park, Alberta. *Vet. Pathol* 56, 476–485. <https://doi.org/10.1177/03009858188237>
20. Šimonji, K., Konjević, D., Bujanić, M., Rubić, I., Farkaš, V., Beletić, A., Grbavac, L., Kuleš, J., 2022. Liver proteome alterations in red deer (*Cervus elaphus*) infected by the giant liver fluke *Fascioloides magna*. *Pathogens*. 11, 1503. <https://doi.org/10.3390/pathogens11121503>
21. Sommer, M.F., Drdlicek, J., Müller, M., Thelemann, A., Just, F.T., 2022. *Fascioloides magna* and other liver parasites in cloven-hoofed game from northeastern Bavaria, Germany: Occurrence and pathological findings with special emphasis on red deer (*Cervus elaphus*). *Eur. J. Wildl. Res.*68, 73. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01616-4>
22. Swales, W.E., 1935. The life cycle of *Fascioloides magna* (Bassi, 1875), the large liver fluke of ruminants, in Canada: With observations on the bionomics of the larval stages and the intermediate hosts, pathology of *Fascioloidiasis magna*, and control measures. *Can. J. Res.* 12, 177–215.
23. Tóth, G., 2012. Study of the giant liver fluke infection in the Gemenc red deer population. Thesis, Szent István University, Faculty of Veterinary Medicine.
24. Vignoles, P., Dreyfuss, G., Rondelaud, D., 2018. Consequences of invasion by *Pseudosuccinea columella* on the dynamics of native lymnaeids living on the acid soils of central France. *Molluscan Res* 38, 287–295. <https://doi.org/10.1080/13235818.2018.1423866>
25. Varga, A.; Lókkös, A., 2021. Mollusc fauna of the Lake Hévíz (in Hungarian). *Soosiana*. 35, 3–18. <https://doi.org/10.5281/zenodo.5146379>