Apró kártevők, összetett járványtani szerep: baromfitelepi atkák és bogarak vizsgálata

A baromfitelepeken előforduló madártetűatkák és alombogarak jelentősége túlmutathat közvetlen kártételükön: különféle kórokozók fennmaradásában és terjedésében is szerepet játszhatnak. A HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet munkatársai hazai gazdaságokban gyűjtött minták molekuláris vizsgálatával kerestek választ arra, milyen kórokozók örökítőanyaga mutatható ki ezekben az ízeltlábúakban.

A kutatást az intézet Halegészségügy és Parazitológia, Molekuláris Virológia, valamint Zoonotikus Bakteriológia és Mycoplasmatológia témacsoportjainak munkatársai végezték az Állatorvostudományi Egyetem, a Bábolna TETRA Kft., a RoboFarmVet Bt. és az AgriAL Bt. szakembereivel együttműködésben.

A 2022–2025 között végzett felmérésben összesen 17 gazdaságból származó 110 madártetűatka- és 46 alombogármintát elemeztek. A célzott PCR-vizsgálatokat nyolc kiválasztott mintán metagenomikai elemzéssel egészítették ki. Ez utóbbi módszer a mintákban található mikroorganizmusok szélesebb körének azonosítását teszi lehetővé örökítőanyaguk vizsgálatával.

A kutatók mindkét ízeltlábú mintáiban kimutatták a *Salmonella enterica* baktérium örökítőanyagát. A fertőző vakbél- és májgyulladást okozó *Histomonas meleagridis* egysejtű genetikai anyagát kizárólag madártetűatkákban, az erre vizsgált 109 mintából 16-ban azonosították. A fertőző bronchitis vírusának örökítőanyaga szintén előfordult mindkét kártevőben, ugyanakkor a vizsgált rövid szekvenciák alapján a vakcina- és vadvírustörzseket nem lehetett elkülöníteni. Madárinfluenza-vírus örökítőanyagát az erre tesztelt mintákban nem találták.

Gyakori volt a Circoviridae családba tartozó vírusok kimutatása is. A részletesebb elemzés szerint azonban ezek feltehetően az ízeltlábúakhoz alkalmazkodott cyclovírusok, ezért nem tekinthetők baromfi-kórokozóknak. A metagenomikai vizsgálat további, állat- vagy közegészségügyi szempontból jelentős mikroorganizmusok, köztük a *Clostridium perfringens*, a *Pasteurella multocida* és a *Campylobacter jejuni* szekvenciáit is azonosította.

A mélyalmos tartásból származó mintákban átlagosan több vizsgált mikroorganizmus örökítőanyaga fordult elő, mint a ketreces rendszerek mintáiban. A felmérés azonban nem volt reprezentatív, és a tartásmódokból származó minták száma is eltért, ezért a megfigyelésből általános következtetés nem vonható le a tartási rendszerek kockázatairól.

Az örökítőanyag kimutatása önmagában nem bizonyítja, hogy az adott kórokozó életképes, fertőzőképes, vagy hogy az atkák és bogarak tovább is adják azt. Az eredmények ugyanakkor indokolják e lehetséges szerep további vizsgálatát, és ráirányítják a figyelmet arra, hogy a kártevők elleni védekezés a telepi járványvédelem fontos része.

A kutatás az Innovációs és Technológiai Minisztérium – jogutódja a Kulturális és Innovációs Minisztérium – támogatásával, a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból, az NKFI Hivatal TKP2021-EGA-01 pályázati programjának keretében valósult meg.

A közlemény a Magyar Állatorvosok Lapja 2026. novemberi számában jelent meg, a 148. évfolyam 681–695. oldalán. DOI: 10.56385/magyallorv.2026.11.681-695

Sajtókapcsolat:

- HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet titkárság
- +36 1 467 4077
- titkarsag@vmri.hun-ren.hu

Eredeti tartalom: HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:
https://hellosajto.hu/?p=34058