

SZAKDOLGOZAT

Agócs Jenni

2024



**Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Kaposvári Campus
Élettani és Takarmányozástani intézet
Állattenyésztő mérnök alapképzési szak**

**ONE HEALTH AZ ÁLLATTUDOMÁNYBAN:
ANTIMIKROBIÁLIS REZISZTENCIA AZ
ÖKOSZISZTÉMÁBAN**

Belső konzulens:	Nagy Gábor tudományos munkatárs
Belső konzulens intézete/tanszéke:	Élettani és Takarmányozástani intézet, Kaposvári Campus Élettani és Állategészségügyi Tanszék
Készítette:	Agócs Jenni

**Kaposvár
2024**

Tartalomjegyzék

1. Bevezetés.....	2
2. Szakirodalmi áttekintés	4
2.1. Egy világ, egy egészség	4
2.2. Antimikrobiális rezisztencia.....	4
2.3. Staphylococcus nemzetség.....	6
2.4. Meticillin-rezisztens Staphylococcus aureus	7
2.5. Staphylococcus aureus a szarvasmarhában	8
2.6. Hazai vizsgálatok eredményei.....	11
2.7. Egyéb Staphylococcus fajok az állati és az emberi szervezetben	12
2.8 Célkitűzés	14
3. Alkalmazott módszerek.....	15
3.1 Anyag és módszer	15
3.1.1. Mintavételi helyszín	15
3.2. Mintavétel, inkubálás	16
3.3. Fajok azonosítása és a fenotípusos rezisztencia meghatározás	17
3.4. Statisztikai analízis	21
4. Eredmények és értékelésük	23
4.1. Izolált baktériumfajok	23
4.2. Antibiotikum érzékenységi teszt (AST).....	25
5. Következtetések és javaslatok.....	29
6. Összefoglalás.....	32
7. Irodalomjegyzék.....	34
8. Rövidítések jegyzéke.....	43
9. Ábrák és táblázatok jegyzéke.....	44
10. Nyilatkozatok	45

1. Bevezetés

A vizsgálatom témájának, az antimikrobiális rezisztenciának komoly aktualitása van, ugyanis számos kérdést vet fel mind az állat-, mind a humán egészségügyben. Mind egyetérthetünk abban, hogy egy ilyen globális probléma megoldása elsődleges szempont, hiszen ma már azt mondhatjuk, hogy a rezisztens baktériumok egyre nagyobb és egyre több problémát okoznak az ember- és állategészségügyben egyaránt.

Az antimikrobiális rezisztencia az egyik legnagyobb közegészségügyi fenyegetéssé nőtte ki magát, hiszen a rezisztens baktériumok által okozott betegségek kezelése és megelőzése nehézkessé vált. Annak ellenére, hogy az elmúlt évtizedekben próbáltak megoldást találni, nem mutatkozik a lassulás jele. A különböző antibakteriális szerek nem megfelelő, valamint túlzott használata az egészségügyben és a mezőgazdasági ágazatban a rezisztenciák kialakulásának fő oka (DADGOSTAR, 2019).

A *Staphylococcus aureus* (a továbbiakban *S. aureus*) élelmiszerekben való megjelenése főleg azért veszélyes, mert sok törzs enterotoxinokat termel, amelyek, ha elfogyasztjuk őket ételmérgezést okoznak (AKINEDEN és mtsai, 2001; CENCI-GOGA és mtsai, 2003; BOEREMA és mtsai, 2006). A tej és a tejtermékek esetében gyakran megjelenik ez a probléma (DE BUYSER és mtsai, 2001).

A *Staphylococcus aureus* az emberek között is számos egészségügyi problémát okoz, beleértve a bőr- és lágyrészfertőzéseket továbbá az életveszélyes vérmérgezést (FENG és mtsai, 2008). Az Egyesült Államokban évente több mint kétmillió ember betegszik meg rezisztens baktériumok által, mely legalább 23 000 halálesetet okoz (DAVIS és mtsai, 2017). Ez a szám az Európai Unióban nagyjából azonos, 25 000 ember veszíti életét évente ennek következtében (ECDC, 2017). Jelenleg világszerte körülbelül 700 000 ember hal meg a gyógyszerrezisztens baktériumok által okozott fertőzések miatt (DADGOSTAR, 2019). A jövőbe tekintve elég aggasztó jeleket láthatunk, a hivatalos jelentések becslése szerint 2050-re körülbelül 10 millió ember fog meghalni világszerte, ha nem tesznek határozott és hatékony lépéseket az antimikrobiális rezisztencia ellen (LAXMINARAYAN és mtsai, 2013). Viszonyításképpen említeném meg a rákos megbetegedéseket, melyek halálozási aránya a jövőben a becslések szerint alacsonyabb lesz (8,2 milliót), mint az előbb említett problémából eredő halálesetek száma (DADGOSTAR, 2019).

Az állatok esetében a tejelő szarvasmarhák tőgygyulladásának egyik fontos kiváltó oka az említett baktérium, ami világszerte jelentős gazdasági veszteségeket okoz (SEEGERS és mtsai,

2003). Éppen ezen okok miatt szükséges kiutat találni ebből, hiszen olyan hatalmas károkat tud okozni mind az élő szervezetekben, mind pedig a gazdaságban, amelyeket muszáj megakadályoznunk. Ezért tartom fontosnak a kutatásokat ebben a témában, hogy megfelelő megoldásokat találhassunk. Abban az esetben, ha a rezisztencia helyzete tovább romlik és nem tudunk ellenük megfelelően védekezni, akkor további kérdéseket kell feltennünk azzal kapcsolatban, hogy mi a helyes lépés.

A témaválasztásomat legfőképp az indokolja, hogy egy nagyon fontos és mindenféleképp orvosolandó problémával állunk szemben és a jövőnkre nézve pedig muszáj tennünk valamit annak érdekében, hogy a helyzet javulhasson. Számomra rendkívül izgalmas bepillantást nyerni abba, hogy ezek a kórokozók miként válnak ellenállóvá a velük szemben felhasznált gyógyszerekre annak érdekében, hogy további gazdaszervezeteket fertőzzenek meg.

Az említett okok miatt kutatásomban azt tűztem ki célul, hogy megvizsgálom a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Tangazdaságának tehenészeti telepét azért, hogy megtudjuk mely baktériumok fordulnak elő és milyen rezisztenciával rendelkeznek.

2. Szakirodalmi áttekintés

2.1. Egy világ, egy egészség

Maga a kifejezés egy holisztikus megközelítést jelent, melyben az egészség három doménje szerepel, köztük az emberek, az állatok és nem utolsósorban a természet (SERGELIDIS és ANGELIDIS, 2017). A One Health koncepció azt mondja ki, hogy kölcsönös együttműködésnek kell lennie az állatorvoslásban és a humán gyógyászatban dolgozó klinikusok, kutatók, ügynökségek és kormányok között, akik együtt tevékenykednek a házi és vadon élő állatok, valamint az emberi egészség és a globális egészség érdekében. Nagy hangsúlyt kapnak azok a kölcsönhatások, melyek az ember, a gazdasági haszonállatok, valamint a vadon élő állatok egészsége között van. Fontosnak tartom megemlíteni a zoonotikus betegségeket, melyek globális világjárványok kialakításában játszanak szerepet (DAY, 2011). A zoonózis olyan fertőző betegség, mely állatról emberre terjed. Az elmúlt három évtizedben az újonnan megjelenő fertőző betegségek közel 75% – a állatoktól származott. Ezen kórokozók terjedését elsősorban a környezetszennyezés, a levegő, a víz és a talaj leromlása segítette elő (MURTAUGH és mtsai, 2017).

A One Health koncepció azt a tudományos tudásbázist használja fel, mely az egész humán- és állatgyógyászatban közös. A humán és állategészségügyi szakembereknek, a hozzájuk kapcsolódó intézményeknek és az egyéb szakterületeknek együtt kell működniük ahhoz, hogy a három domént érintő problémákat sikeresen tudják feltárni és azokra megoldást találni. Így, a sok szakterületet érintő tudás közös felhasználásával sokkal hatékonyabbá válhatnak a kutatások (MURTAUGH és mtsai, 2017).

2.2. Antimikrobiális rezisztencia

Tágabb értelemben az antimikrobiális rezisztencia (a továbbiakban AMR) a vírusok, baktériumok, gombák és paraziták azon, örökítőanyagban rögzített képessége, hogy hatékonyan képesek ellenállni (túlélni) a kezelésük érdekében adott hatóanyagokkal szemben. Bármely terápiás szer sikeres alkalmazását veszélyezteti az adott vegyülettel szembeni esetleges tolerancia vagy rezisztencia megjelenése. Kialakulásáért biokémiai és fiziológiai mechanizmusok széles skálája lehet felelős. Nem lehet eléggé hangsúlyozni a folyamatok összetettségét, melyek az ellenállóképesség kialakulásához vezetnek.

A baktériumokat először Leeuwenhoek írta le, tanulmányában részletezi megfigyeléseit a szemmel nem látható élőlényekről (LEEUVENHOEK, 1677). Maga az antibiotikum régóta ismert,

hiszen már az ókori Egyiptomban használtak penészes kenyeret a sebek kezelésére (PEĆANAC és mtsai, 2013). Az első ismert antibiotikum a penicillin volt, melynek felfedezése ALEXANDER FLEMING nevéhez kötődik. A laborban felejtett *Staphylococcus aureus* törzsek körül a táptalaj penészedni kezdett, mely gátolta a baktériumnövekedést. Az elnevezést onnan kapta, hogy a fertőzést okozó penész a *Penicillium* nemzetségbe tartozott (FLEMING, 1929). SELMAN ABRAHAM WAKSMAN ukrán-amerikai talajbiológus kutatta az *Actinomycetes* baktériumcsoportot és fedezte fel a sztreptomomicint. Ezenkívül hozzá köthető az antibiotikum kifejezés meghonosítása is 1942-ben (WAKSMAN és mtsai, 1942). Ezek a szerek sok tekintetben forradalmasították az orvostudományt és számtalan életet mentettek meg, felfedezésük fordulópont volt az emberiség történelmében. Sajnálatos módon ezeknek a csodaszereknek a használata együtt járt a rezisztens törzsek gyors megjelenésével (DAVIES és DAVIES, 2010).

Napjainkban az AMR az egyik legnagyobb kihívás, világszerte elismert tény, hogy a probléma kezelése összehangolt One Health megközelítést igényel, amely magában foglalja az embereket, az állatokat és a környezetet (SERGELIDIS és ANGELIDIS, 2017).

Veszélyt jelent az, hogy a kórokozók és a rezisztencia kijutott a kórházak zárt környezetéből és egyre inkább elterjed a természetes élőhelyeken is. Az új rezisztencia – mechanizmusok, a multidrog rezisztencia, illetve a rezisztencia – kombinációk kialakulása egyre kiszolgáltatottabbá tesz a betegségekkel szemben, ehhez párosul az is, hogy az ellenállóságot kódoló genetikai anyag horizontálisan képes terjedni a baktériumfajok között. Gyakorlatilag bármilyen antibiotikum felhasználás (lehet ez, az állatok, az emberek és a növények körében egyaránt, vagy az élelmiszer feldolgozás során) bakteriális rezisztenciához vezethet nem megfelelő használat mellett, hiszen alapvetően a probléma egyik forrása az ismeretek hiánya a témakörben (ACAR és ROSTEL, 2001).

A rezisztencia lehet természetes tulajdonsága a baktériumnak vagy lehet egy másodlagosan szerzett mechanizmus is. Kialakulása egy antibiotikum vagy más vegyület által kifejtett szelekciós nyomásra vezethető vissza, feltéve, hogy legalább egy hasonló rezisztencia mechanizmussal már rendelkezik. Két feltételnek kell teljesülnie ebben az esetben. Az egyik, hogy a szelekciós anyagnak, melyet hívhatunk szelekciós tényezőnek is, hosszabb ideig kell érintkezésben lennie a baktérium populációval. Emellett olyan koncentrációban kell jelen lennie, mely lehetővé teszi a baktériumok túlélését, ezt nevezik sub – inhibitorikus koncentrációnak. Ha egy vegyes populációt tekintünk, melyben vannak rezisztens és fogékony egyedek is, akkor a kialakulás oka lehet mutáció, vagy egy ellenálló sejtől származó gén *de novo* megszerzése. Egy antibiotikum a fogékony baktériumokat elpusztítja, míg a rezisztensek

képesek szaporodni ebben a környezetben is. Az érzékeny populációból is kiválasztódhatnak rezisztens klónok abban az esetben, ha:

- a) az ellenanyag – koncentráció csökkent, így egy része a populációnak túlél
- b) mutáns baktériumsejt van a populációban (a mutáció gyakorisága nagy mértékben változhat)
- c) gének (plazmidok, transzpozonok) átvitele történt meg a rezisztens baktériumok és a túlélő fogékony egyedek között (ACAR és ROSTEL, 2001).

Azok az evolúciós események, amelyek új rezisztencia – faktorok megjelenéséhez vezetnek a kórokozókban, ritkák és nehéz megjósolni őket, de adott esetben hatalmas következményekkel járhatnak (LARSSON és FLACH, 2022). A rezisztencia – mechanizmusok ősi és még mindig folyamatban lévő fejlődésének egyik fontos mozgatórugója valószínűleg a mikroorganizmusok erőforrásokért folytatott soha véget nem érő versenye, beleértve a másodlagos metabolitok természetes termelődését, amelyek hasonlóak sok, ma gyógyszerként használt antibiotikumhoz (DAVIES és DAVIES, 2010; MARTINEZ, 2009). A környezetet hatalmas sokféleség jellemzi, amely számos gént biztosít arra, hogy a kórokozók ezeket megszerezzék, majd fel is használják az antibiotikumok hatásának ellensúlyozására (FORSBERG és mtsai, 2012; PAWLOWSKI és mtsai, 2016).

Az összes eddig jóváhagyott antibiotikum – csoport (mely lehet természetes, félszintetikus vagy szintetikus vegyület) rezisztenciával találkozott az általuk megcélzott kórokozók közül legalább néhányban. Ez azt sugallja, hogy a külső környezet már tartalmaz rezisztencia – faktorokat minden valaha kifejlesztett antibiotikummal szemben. Ha nem kezdünk el gyökeresen másként gondolkodni az antibiotikumok használatáról, akkor ez beláthatatlan következményekkel járhat (LARSSON és FLACH, 2022).

2.3. *Staphylococcus nemzetség*

A *Staphylococcus* (a továbbiakban S. fajok) fajok a baktériumok közé sorolhatók, ezen belül a Firmicutes törzs részei, a Staphylococcaceae család tagjai.

Gram-pozitív kokkusok, melyek átmérője 0,5-1 μm , általában szabálytalan csomókban (fürtökben) helyezkednek el. Fakultatív anaerobok, szaporodásuk optimális hőmérséklete 35-40 °C.

Alapvetően két csoportra lehet osztani őket, beszélhetünk egyrészt a koaguláz negatív fajokról (a továbbiakban CoNS), illetve a másik csoportot dominánsan képviselő

Staphylococcus aureus-ról, mely koaguláz pozitív. A koaguláz negatív fajok közé sorolhatók többek között: *S. xylosus*, *S. lentus*, *S. gallinarium* vagy a *S. simulans*.

A *Staphylococcus*ok általánosságban igénytelenek, nagy és nyálkás telepeket hoznak létre. Nagy ellenállóság jellemzi őket, mind a kiszáradással, sókkal és magas hőmérséklettel szemben. A legtöbb faj a nyálkahártyán és a bőrön található baktérium flóra része, természetes tagja.

2.4. Meticillin-rezisztens *Staphylococcus aureus*

A *S. aureus*-t általában a kommenzalista baktériumok közé sorolják, emellett fakultatív patogénnek tekinthető (LOWY, 1998). A meticillin – rezisztensek lehetnek opportunista baktériumok, amelyek világszerte számos emberi és állati fertőzést okoznak. Összefoglalva tehát, velünk élő baktériumok közé sorolhatók, melyek a szervezet ellenálló – képességének csökkenése esetén okoznak megbetegedést. A fertőzések magas morbiditásuk és mortalitásuk miatt kiemelt fontossággal bírnak, emellett a zoonózis kockázata is jelentős (BIEDENBACH és mtsai, 2004).

Fontos kórokozónak minősül, ugyanis az ember esetében számos fertőzés kialakításában lehet szerepe, ez lehet kisebb bőrfertőzés, de akár súlyosabb megbetegedésekhez is vezethet. A meticillin – rezisztens törzsek megjelenésének következtében patogenitása egyre nagyobb problémákat okoz az egészségügyi intézményekben, illetve közösségi környezetben egyaránt.

A fertőzések során a gazdaszervezetet és a szöveteket pusztító extracelluláris toxinok, enzimek termelődnek, nem utolsósorban pedig a gazdaszervezet immunrendszerét elkerülik vagy inaktíválják. Többek között ezek a törzsek képesek szintetizálni a koaguláz, dezoxiribonukleáz, hialuronidáz és lipáz enzimeket, melyek fokozzák a patogenitást és az elterjedést a gazdaszervezetben. Az általuk termelt toxinok közül említést érdemel a toxikus sokk szindrómát kiváltó toxin 1. Az exotoxin a baktériumok által választódik ki, mely károsíthatja a gazdaszervezetet azáltal, hogy elpusztítja a sejteket vagy megzavarja a normál sejttanyagcserét. A kiválasztódás mellett az endotoxinokhoz hasonlóan felszabadulhatnak a sejt lízise során (SHIMAOKA és mtsai, 1996; LIU és mtsai, 2010; EZEAMAGU és mtsai 2018).

A meticillin – rezisztens *S. aureus* (a továbbiakban MRSA) törzsek komoly fenyegetést jelentenek, főleg, hogy az állati eredetű élelmiszerekben is sok esetben kimutathatók. Az MRSA – t először kórházi környezetben mutatták ki, azonban rendkívül sokoldalú kórokozóként új területeken is megjelent, többek között megtalálható közösségekben és gyakran fordul elő állati szervezetekben is (AIRES – DE – SOUSA, 2017).

Az állatok MRSA – fertőzéséről szóló első jelentés egy szarvasmarha tőgygyulladásos eset volt Belgiumban az 1970 – es évek elején (DEVRIESE és mtsai, 1972). Ezt követően egyre több jelentést tettek közzé a fertőzésről és kolonizációról, amelyek az MRSA – t fontos állatgyógyászati és zoonotikus kórokozóként mutatják be. A molekuláris tipizálás azt mutatta, hogy egyes vonalak gazdaspecifikusak, míg mások számos állaton képesek megtelepedni, mindemellett természetesen az emberen is (AIRES – DE – SOUSA, 2017).

A *S. aureus* meticillin – rezisztenciája hátterében leggyakrabban az úgynevezett *mecA* gén jelenléte áll, mely egy módosított penicillinkötő fehérjét (PBP2a) kódol, ennek alacsony affinitása van a β – laktámhoz (NORMANNO és mtsai, 2007; LIM és STRYNADKA, 2002; FUDA és mtsai, 2004). Az izolátumokban található módosított PBP2a képes helyettesíteni a normál penicillinkötő fehérjék bioszintetikus funkcióit még β – laktám antibiotikumok jelenlétében is, ezáltal megakadályozzák a sejtlízist. Ez azt jelenti, hogy a PBP2a – t termelő törzsek rezisztensek minden β – laktám antibiotikummal szemben (LIM és STRYNADKA, 2002), illetve más antibiotikum osztályokkal szemben is. Az MRSA megjelenése óta a vankomicint használják a meticillinre és oxacillinre rezisztens törzsek által okozott fertőzések kezelésére. Azonban fontosnak tartom megemlíteni, hogy néhány tanulmányban a vankomicin – rezisztens *S. aureus* megjelenéséről számoltak be (LEE, 2003; TENOVER és mtsai, 2004; ATEBA és mtsai, 2010). Jelenleg már nem a *mecA* gén az egyetlen, amely meticillin – rezisztenciát vált ki a *S. aureus* – ban (AIRES-DE-SOUSA, 2017). Kétezer – tizenegyben az Egyesült Királyságból és Dániából származó szarvasmarha- és humán izolátumok között találtak egy új *mecA* génhomológot, a *mecALGA251* – et, amelyet *mecC* – re kereszteltek (GARCÍA – ÁLVAREZ és mtsai, 2011).

2.5. *Staphylococcus aureus* a szarvasmarhában

A *Staphylococcus aureus* mellett, hogy különböző betegségeket okoz az emberben megjelenhet az állatokban is. Többek között tőgygyulladást okoz a kérődzők esetében, beleértve a teheneket, juhokat, kecskéket (ANDERSON, 1983). Ezen kívül megjelenhet más állatfajokban is, lovakban, sertésekben, nyúlban és baromfiban, de akár kutyaiban és macskáiban is (FITZGERALD és HOLDEN, 2016). A fertőzés számos emlős gazdaszervezetben megtalálható, a legtöbb fajnál azonban mégis tünetmentes hordozás figyelhető csak meg (RAINARD és mtsai 2018).

A tejelő tehenek esetében az általa okozott tőgygyulladás általában szubklinikai jellegű és a tejben lévő leukociták (elsősorban neutrophilek) emelkedett koncentrációjában nyilvánul meg,

ez azt jelenti, hogy a tejben megemelkedik a szomatikus sejtszám. A legtöbb fertőzés krónikus, gyakran fennállhat folyamatban lévő laktáció során, majd a laktáció későbbi szakaszaiban is. A leggyakoribb klinikai tünetek:

- a) szövetállomány duzzanata,
- b) kipirult bőr,
- c) feszes tapintat,
- d) melegség,
- e) érzékenység a tőgyön.

Néhány napon belül enyhülhetnek az említett tünetek, a tejelváltozások is eltűnhetnek, az állapot pedig szubklinikussá válik (RAINARD és mtsai 2018). Természetesen nem minden esetben ez a kimenetel, egyéb esetben az állat akár el is pusztulhat.

A tőgygyulladás következtében a *S. aureus* rendszeresen megtalálható a tanktejben, hiszen a szennyeződés fő forrása a fertőzött tőgy. Emiatt mennyisége a tejben alapvetően összefügg az állomány tőgygyulladásos helyzetével, értéke kevesebb, mint 10 – től több ezer CFU/ml – ig is terjedhet. Emellett fontos megemlíteni, hogy a nyerstej kezelése és feldolgozása során a környezetből származó szennyeződés révén is a tejbe kerülhetnek (SCHERRER és mtsai, 2004; JØRGENSEN és mtsai, 2005). Nem csak a kórokozó bejutása jelenthet veszélyt, hanem az antibiotikum-rezisztens baktériumok tejjel és tejtermékekkel történő terjedése is (PELES és mtsai, 2007).

Az első állattenyésztéssel összefüggő meticillin – rezisztens *S. aureus* esetet 1972-ben publikálták. Az ezredforduló óta pedig az állattenyésztésben alapvető problémaként tartják számon (DEVRIESE és mtsai, 1972; FITZGERALD, 2012). A genotípustól függően megtelepedhet az emberen, különösen olyan embereknél fordul ez elő, akik például a munkahelyükön közvetlen kapcsolatban állnak a fertőzött állatokkal.

Magyarországon a 2000-es években voltak felmérések erre vonatkozóan, több mint 2000 állati eredetű *S. aureus* izolátumot vizsgáltak, ebből öt MRSA törzset mutattak ki, ezek mindegyike tejmintából származott. Ezen felül a két érintett tehenészet egyikében igazoltak átvitelt az ember és állat között (JUHÁSZ – KASZANYITZKY, 2007).

MONTE és mtsai (2018) vizsgálata alapján a *S. aureus* leginkább a tejmintákban fordult elő (38,1%). Eredményeik azt mutatják, hogy gyakran megtalálhatók ezek a kórokozók a félintenzív tejelő állományokban. Ezen felül azt is megállapították, hogy kézi fejés esetén nagyobb eséllyel terjed a baktérium állatról állatra szemben a gépi fejéssel. Abból következtettek erre a megállapításra, hogy egymással rokon baktériumtörzseket véltek

felfedezni a kézről vett mintákban és a tejben. Ezzel alátámasztották azt a korábbi megállapítást, miszerint az emberi MRSA tejelő tehenektől származik (OLIVEIRA és mtsai, 2016). Összességében arra az eredményre jutottak, hogy a fejőeszközök higiéniai állapota összefüggésben áll a baktérium terjedésével (MONTE és mtsai, 2018).

A prevenció elengedhetetlen, hiszen egy fertőzésről beszélünk, amely könnyedén áterjedhet a fertőzött egyedekről az egészségesekre. Ezt azt jelenti, hogy kiemelten fontos a tőgybimbók megfelelő tisztítása és szárítása, illetve a fejőgépek helyes használata, megfelelő higiéniai állapota. Nem utolsó sorban a fertőzött tehenek selejtezése is lényeges, illetve a gyanús egyedeket érdemes lehet az egészségesektől elkülönítve fejni (RAINARD és mtsai, 2018).

A tőgygyulladás diagnózisának felállításához a szomatikus sejtszámot szokták vizsgálni elsősorban, de ezzel nem tudják specifikusan kimutatni a *S. aureus*. Az említett ok miatt további vizsgálatokra van szükség, melyre alapvetően két eljárást lehet alkalmazni, egyrészt lehetőség van a baktériumok táptalajon való tenyésztésére vagy pedig egyéb molekuláris módszerek is rendelkezésre állnak (például a polimeráz láncreakció vagy PCR) (RAINARD és mtsai, 2018).

Véres agar táptalajon a *S. aureus* könnyen tenyésztethető (37 °C – on 24 órás inkubációval). Általában ezt a táptalajt szokták használni a tejminták bakteriális vizsgálatához, ugyanis egyrészt segíti ezen baktériumok növekedését, másrészt lehetővé teszi mind a teljes és mind a nem teljes hemolízis kimutatását. A mintavétel során körültekintőnek kell lenni, ugyanis könnyen szennyeződhetnek a környezetből. Ennek bekövetkezése akár fals pozitív eredményhez is vezethet, mely akadályozza a bakteriológiai diagnózis helyes felállítását (MIDDLETON és mtsai, 2017).

A fertőzések kezelésében a fő problémát az okozza, hogy számos esetben jelennek meg a multirezisztens törzsek, melyek elpusztításához még nem állnak rendelkezésre megfelelő eszközök (WANG és mtsai, 2015). Az ilyen mértékű rezisztencia kialakulásához nagymértékben hozzájárult a túlzott antibiotikum használat, melyet sok esetben teljesítményfokozás céljára alkalmaztak. Éppen ezért az antibiotikumok körültekintő alkalmazása elsődleges fontosságú, illetve mindenképpen szükséges figyelemmel kísérni a baktériumok rezisztencia génjeit is, mellyel célzott kezelést lehetne végezni. Az antibiotikum felhasználást már igyekeznek szűkíteni, illetve olyan új antimikrobiális szerek kifejlesztésén dolgoznak, melyeknek megfelelő a hatékonysága, de emellett minimális problémát jelentenek. Példaként említeném meg az antimikrobiális peptideket, melyek egy természetes immunvédelemben vesznek részt, velük szemben jelentős rezisztenciát nem tapasztaltak. Alternatív kezelési módokat is

javasoltak, mint például bakteriocinek, illóolajok és más gyógynövény- és homeopátiás gyógymódok, de a mai napig nincs olyan tudományos bizonyíték, amely alátámasztja ezen szerek hatékonyságát (RAINARD és mtsai, 2018).

2.6. Hazai vizsgálatok eredményei

Hazai vizsgálatokat tekintve SZABÓNÉ PETRÓCZKI (2021) arra a megállapításra jutott, hogy az eltérő fajtájú szarvasmarhák esetében (mint a holstein-fríz vagy a jersey) azonos tartási körülmények esetén a két fajta fajtajellegéből adódó eltérő tejzsír és tejfehérje tartalom nem változtatja meg a tej mikrobiológiai állapotát, emellett a laktáció különböző stádiumaiban sem volt különbség a mikroorganizmusok mennyiségében. Azt is sikerült megállapítania, hogy a többször ellett tehenek teje mikrobiológiailag gyengébb minőséget képviselt, mint az egyszer ellett teheneké. Nagyobbnak bizonyult a szomatikus sejtszám, illetve a kóliform baktérium csíraszám, de nem utolsó sorban fontos kiemelni, hogy a *S. aureus* is nagyobb arányban volt jelen a tejminták 19% – ában a többször ellett tehenek esetében. Arra is rávilágított a vizsgálat, hogy az évszak is befolyásolja a tej állapotát, hiszen a télen vett tej mikrobiológiai minősége jobb volt, mint a nyári mintáké. Az átlag *S. aureus* szám télen $9,3 \times 10^2$ tke/ml, míg nyáron $2,7 \times 10^3$ tke/ml volt.

KASZANYITZKY és mtsai (2004) Magyarországon 2001 és 2002 között közel 2000 *S. aureus* – t vizsgáltak. Ezek különböző állatfajokból, élelmiszerből izolált törzsek voltak, illetve a minták közel fele tőgy vagy tehéntej eredetű volt. A törzsek közül csak ötnél találtak MRSA – t, melyek két tejelő állományból származtak.

Mindemellett egy 2007-ben tőgygyulladásból izolált törzsekről számoltak be egy tejüzemben, ahol az egyik genotípust (ST1 – t127) az összes érintett állat és egy dolgozó is hordozta (JUHÁSZ – KASZANYITZKY és mtsai, 2007).

További hazai vizsgálatok eredményeit tekintve PELES és mtsai (2007) húsz farmot vizsgált (ebből hét nagy, négy közepes méretű és kilenc kis méretű), melyek Magyarország keleti részén helyezkedtek el. A *S. aureus* – t a tanktej minták többségéből (55%) került kinyerésre. Mindemellett az *S. aureus* izolátumok közel 70% – a volt penicillin érzékeny. MRSA – t nem mutattak ki a tank tejből vett mintákból.

PETRÓCZKI és mtsai (2021) Magyarország keleti részén fekvő tehenészeti telepet vizsgáltak, ahol holstein – fríz teheneket tartottak. A fejés előtt és után fertőtlenítést alkalmaztak, illetve *S. aureus* védekezési programot vezettek be, melynek során gyakrabban takarítottak és fertőtlenítettek. A fertőzött teheneket elkülönítve fejték és a tejet megsemmisítették. Összesen

35 tanktej mintát vettek abból a tárolóból, amely a telepen fejt összes tehen tejét tartalmazza. Azt az eredményt kapták, hogy *Staphylococcus aureus* az összes tank tej mintában előfordult. ZEINHOM és mtsai (2016) szerint a patogének mennyisége a nyári tejmintákban nagyobb, ez leginkább a tehenek hőstresszére vezethető vissza. PETRÓCZKI és mtsai (2021) kutatásában a negyedik mintavétel nyáron volt, éppen ezért az előbbi megállapítás magyarázhatja a megnövekedett *S. aureus* számot. Összességében azt lehet mondani, hogy a *S. aureus* előfordulása csökken az év vége felé. Az első és az utolsó mintavétel is télen volt, mégis az előbbi esetben szignifikánsan magasabb volt a *S. aureus* előfordulás, mindez annak köszönhető, hogy a védekezési program eredményesnek bizonyult.

Ételmérgezést leggyakrabban a SEA, SEB és a SEH enterotoxinok okozzák (ARGUDÍN és mtsai, 2010; HNASKO és mtsai, 2019). PETRÓCZKI és mtsai (2021) tanulmányában a vizsgált törzsek egyike sem tartalmazta ezeket az enterotoxinokat. Fontos kiemelni, hogy a tejben lévő 105 cfu/ml *S. aureus* koncentráció képes elegendő enterotoxint termelni ahhoz, hogy ételmérgezést okozzon (KARAHAN és mtsai, 2009), de PETRÓCZKI és mtsai (2021) tanulmányban a minták egyike sem tartalmazta ilyen koncentrációban. PELES és mtsai (2007) eredményei alapján a tanktejből izolált három *S. aureus* törzs közül kettő SEB gént tartalmazott. Mindemellett a tőgynegyedeket is vizsgálták, ahol azt az eredményt kapták, hogy az izolált három törzsből az egyik tartalmazott SEB és SEG géneket. A többi törzs nem tartalmazta egyik tesztelt enterotoxin gént sem.

ALBERT és mtsai (2023) összesen negyven sertéstelepet vizsgáltak. A kocák száma 470 – 3000 között változott a vizsgált telepeken. Összesen 33 volt MRSA pozitív (82,5%), mindemellett a pozitív tenyész- és termelő telepek aránya 31/38 volt. A vizsgált helyek negyede számolt be korábbi MRSA előfordulásról. Ezen felül egy kivétellel mindegyik pozitív lett az újabb vizsgálat alkalmával. A telepekkel 36 ember állt kapcsolatban, közülük 27 – en adtak mintát és 19 személy tesztje lett pozitív a MRSA – ra (70,4%).

2.7. Egyéb *Staphylococcus* fajok az állati és az emberi szervezetben

NAGASE és mtsai (2002) tanulmánya szerint a különféle állatokban és az emberekben legnagyobb részben a *Staphylococcus xylosus* és *S. sciuri* volt megtalálható. A tehenek tőgyének bőrén is ez a két faj fordult elő gyakran. Kimutatható volt, hogy ezek jól alkalmazkodnak a látszólag egészséges házi és vadon élő állatok, valamint a szárnyasok bőrének környezetéhez. A csirkék bőrén más fajok is kimutathatók voltak, köztük a *S. cohnii*, *S. lentus* és *S. saprophyticus*. A vizsgált fajok a következők voltak:

- Sertés (12 minta)
- Ló (19 minta)
- Tehén (összesen három farmról 10 – 10 – 10 minta)
- Csirke (két helyszínről 36 – 45 minta)
- Kutya (25 minta)
- Laboratóriumi egér (30 minta)
- Galamb (38 minta)
- Ember (két helyszínről 32 – 58 minta) (NAGASE és mtsai, 2002).

Az állatokhoz képest az emberekben eltérő fajokat izoláltak, kiemelt különbség volt megfigyelhető a domináns fajokban, illetve a faji jellemzőkben. Az emberi bőrön megtalálható fajok novobiocin érzékenyek voltak, míg az állatok esetében nagyrészt novobiocin – rezisztens fajok fordultak elő. Összesen nyolc különböző érzékeny fajt találtak, ezek közül kettő volt a domináns, a *S. epidermidis* és a *S. warneri*. A tanulmány szerint a tehenek esetében domináns fajok közé a *S. sciuri* (83,3%) tartozott, ezt követte a *S. xylosus* (36,7%) és végül a *S. aureus* (23,3%) (NAGASE és mtsai, 2002).

THOMSON és mtsai (2022) szintén végeztek kutatásokat a témában és a következőket állapították meg. Hatvan emberen végeztek kísérletek, akik valamilyen formában tevékenykedtek kórházakban, klinikákon (többek között sebészek, állatgondozók, nővérek). Emellett állatokat is bevontak a kísérletbe, kutyákat, illetve macskákat. Az emberek 61,6% – a hordozott valamilyen *Staphylococcus* fajt, az állatok 56,6% – a volt hordozó. Összesen 13 koaguláz negatív *Staphylococcus* fajt azonosítottak, a legelterjedtebbek a *S. epidermidis* (26,1%), a *S. felis* (11,1%), a *S. succinus* (4,8%), a *S. sciuri* (2,9%) és a *S. equorum* (2,9%), ezek az adatok megoszlanak a mintában szereplő emberek és állatok között. Az emberek esetében az izolátumok többsége *S. epidermidis* (58,9%) volt (THOMSON és mtsai, 2022).

CHAJĘCKA-WIERZCHOWSKA és mtsai (2015) által végzett tanulmányban ötvennyolc fogyasztásra kész állati eredetű élelmiszerből izolált koaguláz – negatív *Staphylococcus* – t vizsgáltak. Az izolált fajok a következők voltak: *Staphylococcus xylosus* (50%), *S. epidermidis* (27,6%), *S. lentus* (12,1%), *S. saprophyticus* (6,9%), *S. hyicus* (1,7%), *S. simulans* (1,7%). Legalább egy antibiotikummal szembeni rezisztenciát 33 törzsnél (56,9%) figyeltek meg.

SCHLEGELOVA és mtsai (2008) azt találták, hogy a fentebb említett fajok gyakrabban találhatók meg a tej- és hústermékekben, mint a nyersanyagokban, melyekből előállítják azokat. Mindez arra utal, hogy a gyártási folyamat során a termékek fertőződni tudnak, például a *S. epidermidis* gyakran előfordul az alkalmazottak kezén, illetve túlélnek a termelőterekben.

EL-JAKEE és mtsai (2013) által végzett kutatásban azt találták, hogy a *S. hominis*, *S. lugdunensis* és a *S. saprophyticus* volt megtalálható a szubklinikai tőgygyulladásos izolátumokban, melyek kecskékből származtak. Ezenkívül a *S. cohnii* és a *S. lugdunensis* – t mutattak ki juhokból származó mintákból. Összességében az izolált fajok a következők voltak: *S. xylosus*, *S. cohnii*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. chromogenes*, *S. lentus*, *S. lugdunensis*, és *S. simulans*. A fertőzött tej mintákban emelkedett a szomatikus sejtszám. Általánosságban elmondható, hogy a tőgygyulladásos esetek hatással vannak a tej minőségére és annak összetételére, azonban, ha antibiotikummal kezelik az állatot, akkor számos negatív hatást tapasztalhatunk, például kihatással lehetek a fogyasztók egészségére. Ezzel ellentétben viszont fontos a szubklinikai esetek kezelése és szabályozása, hiszen maga az állat olyan kórokozókat hordozhat, melyek képesek áterjedni a többi egyedre is (EL-JAKEE és mtsai, 2013).

2.8 Célkitűzés

A vizsgálatom során a következő kérdésekre kerestem a választ:

- Az egyetemi szarvasmarhatelep különböző részein mely *Staphylococcus* fajok találhatók meg?
- Az izolált baktériumok milyen fenotípusos rezisztenciával rendelkeznek?

Hazai viszonylatokban kevés megfelelő információ áll rendelkezésre arról, hogy a tehenészeti telepeken milyen mértékben fordul elő *Staphylococcus*, illetve az előfordulók milyen rezisztenciával rendelkeznek, ezért kutatásunk célja az volt, hogy ezekre a kérdésekre választ kapjunk az egyetemi szarvasmarhatelepen.

3. Alkalmazott módszerek

3.1 Anyag és módszer

3.1.1. Mintavételi helyszín

A vizsgálatot a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campus Tangazdaságához tartozó tehenészeti telepén végeztem, amelyet a MATE Tangazdasági nonprofit Kft. biztosított számomra.

A mintavételezést 2023. május és november között végeztük el az egyetemi tejelő szarvasmarhatelepen, mely közvetlen környezetében szántóföldeket, gyepeket és erdőket találhatunk. A telepet rendszeresen a dolgozókon és az állatorvoson kívül számos egyetemi és középiskolás csoport is látogatja szakmai gyakorlat elvégzése céljából.

Összességében 15 környezeti mintát gyűjtöttünk össze a telepen, az istállók körül, illetve a takarmánytároló részen, mely helyszínek a következők voltak:

- trágyalé; legdélebbi istálló mellett
- víztócsa; déli kerítés mellett
- trágyalé; trágyatér mellett (déli oldal)
- trágyalé; közvetlenül az istálló mellett
- trágyalé; az istálló melletti felhajtóúton
- víztócsa a silótérben; csomagolt bálák mellett
- csurgaléklé (csomagolt szilázs) (ez kétszer került mintavételezésre)
- bontott szilázs felszíne
- trágyalé a keréknyomban (magyartarka istálló mellett)
- trágyalé a magyartarka istálló melletti felhajtóúton
- a silótér bejárata felőli oldalon lévő trágyalé
- borjúútató berendezés kiömlőnyílása
- kerékfertőtlenítő a telep kapujában
- lábfertőtlenítő a tejház bejáratában
- borjak tejítási maradéka
- borjúútató berendezés kiömlőnyílása
- macskaetető edény

A környezeti mintákat esős időjárásban gyűjtöttük, éppen ezért sok esetben pocsolyák, illetve saras területek szolgáltatták a helyszínt.

A borjaktól 15 minta gyűjtésére került sor, esetükben az orrnyálkahártyát vizsgáltuk. Óvatos és nyugodt mozdulatokkal az orrnyílásba helyezett steril mintavételi pálcával végeztük mindezt. A borjak fűlszámai a következők voltak:

- Holstein fríz üsző: 1510; 1506; 1512
- Holstein fríz bika: 1509; 1511; 1513; 1507; 1508
- Magyartarka bika: 6084; 6083,
- illetve egy fűlszám nélküli magyartarka bika, aki a mintavétel napján (2023.06.15) született.

Ezenkívül vettünk mintát a borjak alól az elfolyó trágyaléből, a bontott tejporos zsákból, az elmosott itatövödörből, illetve a mosóhelyiségben a takarítás után el nem folyt vízből.

A mintázott tehenek (12 darab) fűlszámai a következők voltak: 9071₃, 5767₁, 5837₁, 5837₃, 5873₁, 5907₁, 5999₄, 1381₃, 6000₄, 5994₉, 5978₅, 5673₁

A tejmintákat a tejtank elfolyó csövéből vettük több alkalommal.

3.2. Mintavétel, inkubálás

1. ábra: A minták 48 órás inkubálása 36 °C – on

(Forrás: Saját fotó)



A mintavételhez steril, transzport táptalaj nélküli mintavételi pálcát alkalmaztunk (Deltalab, Barcelona, Spanyolország). Mintavételkor a pálca végén található vatta tampont a mintavételi

pont közegébe helyeztük és ott megforgattuk. A gyűjtött mintákat a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campusának mikrobiológia laborjába vittük, ahol azokat dúsítottuk. Ehhez öt ml pufferelt pepton oldatba helyeztük, mely 10% nátrium – kloridot (konyhasót) tartalmazott. A művelet célja, hogy a konyhasónak köszönhetően csak azok a baktériumok maradnak meg benne, amelyek ezt tolerálni képesek, köztük a vizsgálatunk fő tárgya a *Staphylococcus* nemzetség fajai is, melyek sótűrőek (halofilek). Az inkubálást 48 órán keresztül végeztük 36 °C – on (1. ábra), ezáltal a baktérium számára egy optimális hőmérsékletet teremtettünk a szaporodáshoz.

3.3. Fajok azonosítása és a fenotípusos rezisztencia meghatározás

Ezt követően kikentük a mintákat plate count agarra (a továbbiakban PCA), ez a nem szelektív táptalajok közé sorolható, lényege, hogy tápanyagban gazdag közeget biztosít a rajta növekvő baktériumok számára. A szélesztés célja, hogy izolált, különálló telepek növekedjenek. Ennek során lángban sterilizált kacsával vettünk ki az inokulumokat a korábban előkészített és inkubált szuszpenzióból, majd ezt szélesztettük a táptalajon, a művelethez felhasznált eszközök a 2. ábrán láthatók. Az inkubálást ismételten 36 °C – on 48 órán keresztül végeztük.

SEQ ábra * ARABIC 2. ábra: A szuszpenzió kikenéséhez használt eszközök (pipetták, kacsok, gázláng, maguk a minták) a mikrobiológia laborban
(Forrás: Saját fotó)



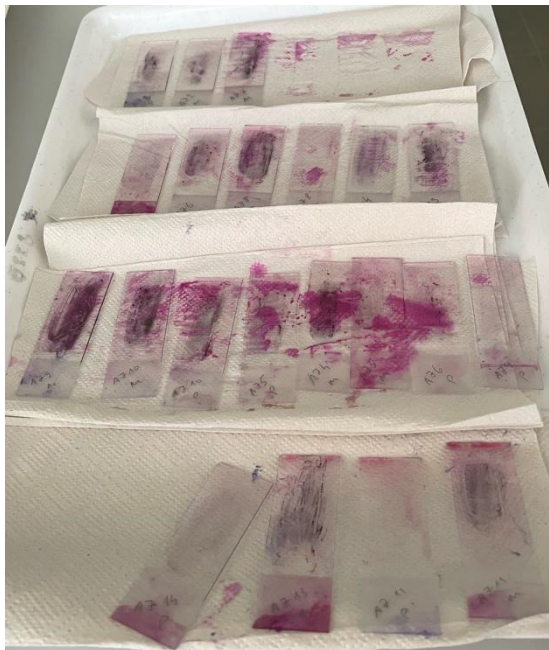
Az inkubálási idő leteltével az izolátumok telepmorfológia alapján értékeltük, Amennyiben egységes telepek voltak megfigyelhetők az agaron, Gram festést végeztünk. Amennyiben a telepmorfológiai nem volt homogén, az eltérő telepekből átoltást végeztünk, hogy azokat kitisztítsuk. Az átoltás után ismételt 36 °C – on 48 órán keresztül inkubáltuk a tisztított izolátumokat. Amennyiben ezek homogén megjelenésűek voltak, Gram festéssel bíráltuk el ezeket.

A Gram festéshez a táptalajon kifejlődött telepekből lánggal sterilizált kaccsal vettünk le egy inokulumot, melyet a mikroszkóp tárgylemezén terítettünk szét egyetlen csepp desztillált víz segítségével. Megvártuk amíg megszárad (esetleg gyors mozdulattal magasan a láng fölött szárítottuk), majd magát a festést Gram – Nicolle Kit – t segítségével hajtottuk végre (RAL Diagnostics, Matillac, Franciaország), a következő lépéseket végeztem el ennek során:

- először kristályibolya oldattal fedtem le az előkészített kenetet, amely a behatási ideje 1 perc, ennek letelte utána nagyon óvatosan vízzel öblítettem,
- a második festési lépés a jóddal történő lefedés volt, szintén 1 perces behatási idővel, majd ismételt vizes öblítéssel,
- ezután 96% – os etanollal történt a lefedés, ezzel 15 – 20 másodpercet vártam és ismételt vízzel öblítettem,
- ezt követte a fukszin oldat 1 perces behatási idővel és vizes lemosással, valamint szárítással.

Az izolátumok elbírálása 400x és 1000x nagyításban végeztem el fénymikroszkóp segítségével. A későbbiekben azokat a mintákat vizsgáltuk tovább melyeken kokkuszosokat találtunk. A 3.ábra mutatja a tárgylemezeket az elvégzett festést és vizsgálatot követően.

3. ábra: Gram festésre használt mikroszkóplemezek a festést és vizsgálatot követően
(Forrás: Saját fotó)



Amelyeken kokkuszokat (lila színnel jelentek meg) láttunk a mikroszkóp alatt azokat a VITEK 2 Compact gép (4.ábra) segítségével vizsgáltuk tovább (bioMérieux, Crappone, Franciaország).

A készülék egy olyan félautomata rendszer, amely a baktériumok növekedését elemzi. A készülék előnye, hogy a jelentések gyorsan elkészülnek, hiszen lecsökkenti a manuális munkaidőt és maga az eredményközlés is rendkívül gyors. Ahhoz, hogy a mintákat alkotó baktériumokat identifikáljuk, a géphez fejlesztett GP ID kártyákra volt szükség (5.ábra). A kártyákon 64 kis bemélyedés található, amelyekben különböző szubsztrátok találhatók. Így kártya segítségével így 64 különböző biokémiai folyamatot lehet elemezni a baktériumok növekedése során. Az egyes közegekben megfigyelhető reakciók eredménye alapján, az automata egy adatbázissal hasonlítja össze a kapott eredményeket. A kapott eredmények alapján pedig egy predikciós értéket ad meg az adott minta fajára vonatkozólag.

A vizsgálatra történő előkészítés során egy baktérium szuszpenziót hoztunk létre. Mindenekelőtt a baktériumok koncentrációjának a beállítása volt fontos, melynek során lánggal sterilizált kaccsal egy telepet vettünk le a táptalajról és homogenizáltuk azt 3 ml 0,45% – os sóoldatban. A koncentráció mérést egy speciális eszközzel végeztük el, mely a bioMérieux gyártótól származó DensiCheck berendezés volt (6.ábra), a mérés alapja, hogy megmutatja az elkészített szuszpenzió McFarland turbiditását. Abban az esetben lehetett elkezdni a

vizsgálatot, ha az érték 0,5 – 0,63 között volt. A behelyezés az 5. ábrán látható formában történt és ezt követően a gép a szuszpenziót egy vákuumkamrában beszívattyúzta a kártyába. Ezután elindult az inkubálás 35,5 °C – on, mely öt – nyolc órát vesz igénybe, de ez függ a fajtól és a detektálhatóságtól is. Az automata minden kártya minden üregében 15 percenként végezt kolometriás méréseket. A kapott eredményeket (az inkubálás ideje alatt során bekövetkező színváltozások) egy identifikáló adatbázis adataihoz hasonlította, amely alapján megadta az adott mintára vonatkozó eredményt. Amennyiben az azonosítás 90% vagy e feletti biztonsággal történt, akkor az eredményt elfogadottnak tekintettük.

4. ábra: VITEK 2 Compact berendezés, mellyel az azonosítást és rezisztenciavizsgálatot végeztük
(Forrás: Saját fotó)



5. ábra: Az alkalmazott VITEK 2 GP kártyák
(Forrás: Saját fotó)



6. ábra: A bioMérieux gyártótól származó DensiCheck berendezés, mellyel a baktériumok koncentrációját mértük
(Forrás: Saját fotó)



A vizsgálatunkban antibiotikum érzékenységi vizsgálatot is végeztünk, melyhez a VITEK 2 P592 kártyákat használtunk. Ezek segítségével egyszerre 17 antibiotikum vizsgálható, amelyek mindegyike három különböző koncentrációban volt jelen. A vizsgálható antibiotikumok a következők voltak: cefoxitin (CEF), benzil-penicillin (B-PEN), oxacillin (OXA), gentamicin (GEN), ciprofloxacín (CIP), moxiflokszacin (MOX), eritromicin (ERY), klindamicin (CLIN), linezolid (LIN), teikoplanin (TEI), vankomicin (VAN), tetraciklin (TET), tigeciklin (TIGE), foszfomicin (FOM), fuzidinsav (FUS), rifampicin (RIF), trimetoprim (TRIM).

Első lépésben ismételt szuszpenziót készítettünk, három ml 0,45% – os sóoldatban és a koncentráció szintén 0,5 – 0,63 McFarland érték között volt elfogadható. Ebből a szuszpenzióból 270 µl mennyiséget pipettáztunk három ml 0,45% – os sóoldatba. A homogenizálást követően a korábban említett kártyával helyeztük a gépbe. A folyamat során szintén 15 percenként történt ellenőrzés, mely során a berendezés fotometriás méréseket végzett. Mivel ezekben az üregekben a baktériumok replikálódása zajlott, így a kiindulási szuszpenzió áttetszősége folyamatosan változott. A berendezés minimum gátlási értékek (minimum inhibitory concentration – MIC) segítségével fejezte ki az egyes antibiotikumokkal szembeni ellenállóság mértékét.

3.4. Statisztikai analízis

Az egyes mintavételi helyeket (élőhelyeket) összevetettük azok bakteriális és a különböző antibiotikumokkal szemben ellenálló izolátumok hasonlósága alapján. Ennek kifejezésére a Sørensen – Dice hasonlósági indexet (a továbbiakban SDI) használtuk (DICE, 1945; SØRENSEN, 1948):

$$SDI = \frac{2 |X \cap Y|}{|X| + |Y|}$$

amelyben

X = fajok száma az egyik élőhelyen;

Y = fajok száma a másik élőhelyen.

Az index értéke 0 – 1 közötti tartományban lévő értéket vehet fel. Amennyiben az érték egy, abban az esetben teljes hasonlóságról beszélhetünk két élőhely kapcsán. A nulla érték ezzel szemben azt jelenti, hogy a vizsgált élőhelyeken nincs olyan faj, amely mindkét helyen előfordul.

4. Eredmények és értékelésük

4.1. Izolált baktériumfajok

A vizsgálataink során összesen 13 *Staphylococcus* fajt izoláltunk (*S. arlettae*, *S. cohnii* ssp. *urealyticus*, *S. epidermidis*, *S. gallinarum*, *S. hominis* ssp. *hominis*, *S. haemolyticus*, *S. lentus*, *S. saprophyticus*, *S. sciuri*, *S. simulans*, *S. vitulinus*, *S. warneri*, *S. xylosus*). A legnagyobb számban izolált faj a *S. simulans* és a *S. xylosus* voltak, az előbbit a borjakkból, az utóbbit pedig a tehenekből mutattuk ki legnagyobb számban. Csupán egy izolátumban voltak jelen a következő fajok: *S. arlettae* (borjú), *S. epidermidis* (környezet), *S. hominis* ssp. *hominis* (borjú), *S. sciuri* (környezet), *S. haemolyticus* (tej), *S. warneri* (tehén). Az izolált baktérium fajokat és azok előfordulási gyakoriságát a 1. táblázat mutatja be.

1. táblázat: Az izolált baktériumfajok és előfordulásuk gyakorisága az egyes mintákban
(Forrás: saját munka)

Izolált baktérium	Mintavételi hely				Izolált fajok előfordulásának gyakorisága
	Környezet (n = 16)	Borjú (n = 15)	Tehén (n = 12)	Tej (n = 6)	
<i>S. arlettae</i> *	0	1	0	0	1
<i>S. cohnii</i> ssp. <i>urealyticus</i>	0	5	0	0	5
<i>S. epidermidis</i>	1	0	0	0	1
<i>S. gallinarum</i>	3	0	0	0	3
<i>S. hominis</i> ssp. <i>hominis</i>	0	1	0	0	1
<i>S. haemolyticus</i>	0	0	0	1	1
<i>S. lentus</i>	5	0	1	0	6
<i>S. saprophyticus</i>	1	0	0	2	3
<i>S. sciuri</i>	1	0	0	0	1
<i>S. simulans</i>	3	4	1	0	8
<i>S. vitulinus</i>	4	0	2	0	6
<i>S. warneri</i>	0	0	1	0	1
<i>S. xylosus</i>	2	2	4	0	8
* izolátumok száma	20	13	9	3	45

A 16 környezeti mintából összesen 20 izolátumot vizsgáltunk, melyből nyolc *Staphylococcus* fajt tudtunk kimutatni (*S. epidermidis*, *S. gallinarium*, *S. lentus*, *S. saprophyticus*, *S. sciuri*, *S. simulans*, *S. vitulinus*, *S. xylosus*). A legnagyobb arányban a *S. lentus* volt jelen, melyet az izolátumok 25% – ából mutattunk ki. A borjakból vett 15 mintából összesen 13 törzset tudtunk izolálni, melyekből öt fajt sikerült kimutatni (*S. arlettae*, *S. cohnii ssp. urealyticus*, *S. hominis ssp. hominis*, *S. simulans*, *S. xylosus*). Az izolátumok 38,46% – ából mutattunk ki *S. cohnii ssp. urealyticus* – t, ez volt jelen a legmagasabb arányban. Esetükben a környezetben gyakori *S. lentus* fajt nem tudtuk izolálni. Összesen 12 mintát vettünk a tehenekből, melyből kilenc törzset izoláltunk és öt fajt sikerült kimutatnunk (*S. lentus*, *S. simulans*, *S. vitulinus*, *S. xylosus*, *S. warneri*). A legnagyobb arányt a *S. xylosus* képviselte (44,44%). A környezeti mintákban (10%) és a borjakban (15,38%) is jóval kisebb százalékban volt megtalálható ez a faj. A hat tejmintából két *Staphylococcus* fajt tudtunk izolálni, *S. saprophyticus* – t két alkalommal, míg *S. haemolyticus* – t egyszer (7. ábra).

Az egyes mintavételi élőhelyek bakteriális hasonlóságát a 2. táblázat mutatja be.

2. táblázat: Az egyes mintavételi helyek bakteriális hasonlósága.

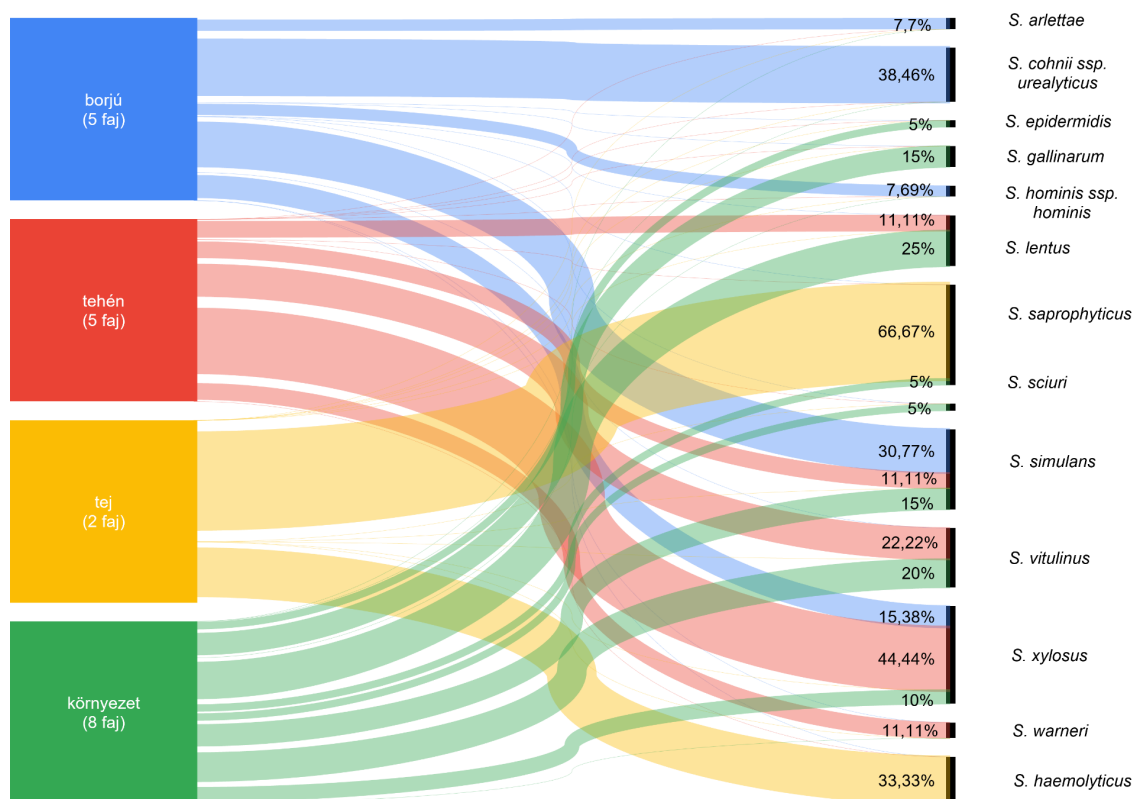
(Forrás: saját munka)

Élőhelyek	SDI*
környezet – borjú	0,31
környezet – tej	0,22
környezet – tehén	0,62
borjú – tehén	0,4
borjú – tej	0
tehén – tej	0

*Sørensen – Dice index

Az egyes élőhelyeken a legnagyobb átfedés a környezet és a tehenek közt volt megtalálható, míg a borjú – tej és tehén – tej viszonylatban a SDI értéke 0 volt.

7. ábra: Az egyes helyekről meghatározott *Staphylococcus* fajok előfordulásának aránya.



4.2. Antibiotikum érzékenységi teszt (AST)

Az antibiotikum (a továbbiakban AB) érzékenységi vizsgálat eredménye azt mutatja, hogy mindhárom mintavételi csoportban (környezet, borjú, tej) kimutattunk olyan *Staphylococcus* fajokat, melyek legalább egy antibiotikummal szemben rezisztenciát mutatnak. Az izolátumok között a fuzidinsav (FUS) rezisztencia fordult elő leggyakrabban. Mindegyik izolátum érzékeny volt a gentamicin (GEN), linezolid (LIN), teikoplanin (TEI), vankomicin (VAN), tigeziklin (TIGE), rifampicin (RIF) és trimetoprim (TRIM) antibiotikumokra. A 3. táblázat mutatja, hogy a különböző mintavételi csoportokban az egyes antibiotikumokra nézve hány darab izolátum volt rezisztens, illetve mindhárom mintavételi csoportban az egyes rezisztenciák előfordulását.

3. táblázat: A különböző mintavételi csoportokban az egyes antibiotikumokra mutatott rezisztencia

(Forrás: saját munka)

Antibiotikum	Környezet (n = 20)	Borjú (n = 13)	Tehén (n = 9)	Tej (n = 6)	Előfordulás
CEF	0	2	1	0	3
B-PEN	8	3	3	2	16
OXA	1	1	0	0	2
GEN	0	0	0	0	0
CIP	0	3	0	0	3
MOX	3	4	1	0	8
ERY	3	1	0	0	4
CLIN	2	2	1	0	5
LIN	0	0	0	0	0
TEI	0	0	0	0	0
VAN	0	0	0	0	0
TET	4	5	0	0	9
TIGE	0	0	0	0	0
FOM	10	1	4	3	18
FUS	13	9	6	2	30
RIF	0	0	0	0	0
TRIM	0	0	0	0	0
	8 AB – ra rezisztencia	10 AB – ra rezisztencia	6 AB – ra rezisztencia	3 AB – ra rezisztencia	

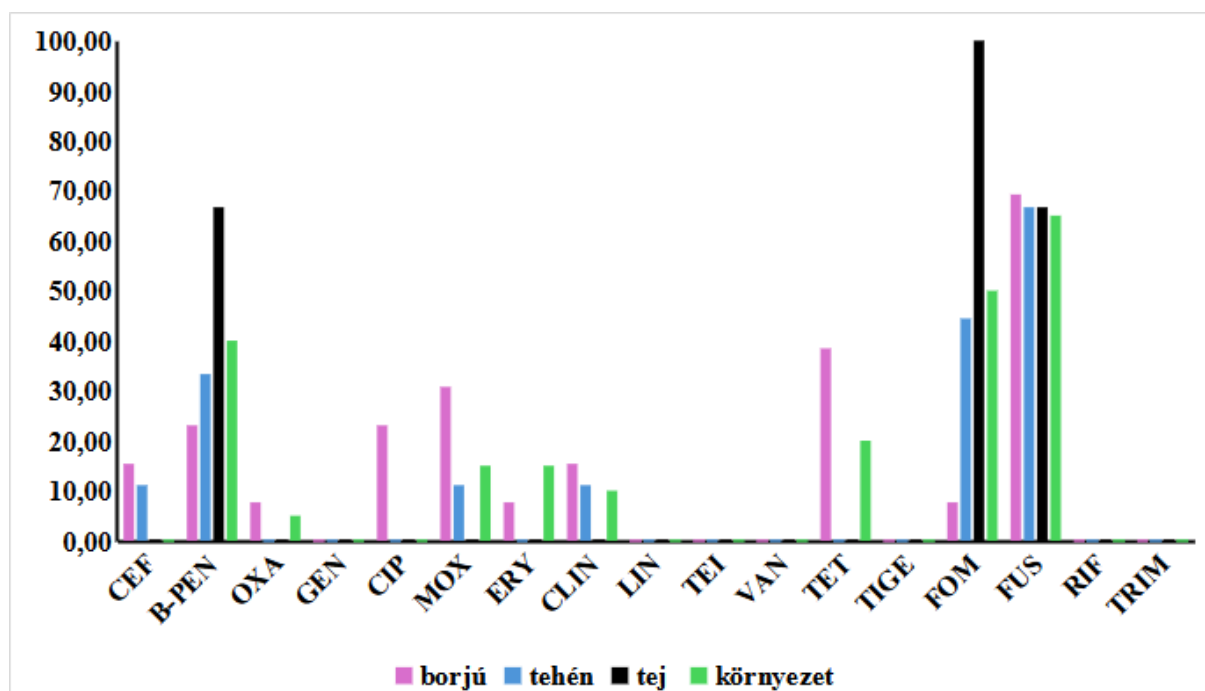
A 20 környezeti izolátum esetében összesen nyolc antibiotikumra mutattak rezisztenciát, melyek a következők voltak: benzil – penicillin (B – PEN), oxacillin (OXA), moxiflokszacin (MOX), eritromicin (ERY), klindamicin (CLIN), tetraciklin (TET), foszfomicin (FOM), fuzidinsav (FUS). Ezek közül a legtöbb izolátum a fuzidinsavra (FUS) és a foszfomicinre (FOM) volt rezisztens. A többi kilenc antibiotikumra érzékenynek bizonyultak a környezeti minták, ezek a cefoxitin (CEF), gentamicin (GEN), ciprofloxacín (CIP), linezolid (LIN), teikoplanin (TEI), vankomicin (VAN), tigeciklin (TIGE), rifampicin (RIF) és a trimetoprim (TRIM) voltak.

A borjúból vett izolátumokról azt lehet mondani, hogy összesen 10 antibiotikumra mutattak rezisztenciát, melyek a cefoxitin (CEF), benzil – penicillin (B – PEN), oxacillin (OXA), ciprofloxacín (CIP), moxiflokszacin (MOX), eritromicin (ERY), klindamicin (CLIN), tetraciklin (TET), foszfomicin (FOM) és fuzidinsav (FUS) voltak. A legtöbb izolátum a fuzidinsavra (FUS) volt rezisztens (69,23%). Az érzékenység hét antibiotikummal szemben jelentkezett, melyek a következők voltak: gentamicin (GEN), linezolid (LIN), teikoplanin (TEI), vankomicin (VAN), tigeciklin (TIGE), rifampicin (RIF) és trimetoprim (TRIM).

A tehenek esetében az izolátumok összesen hat antibiotikumra mutattak rezisztenciát, melyek a következők voltak: cefoxitin (CEF), benzil – penicillin (B – PEN), moxifloksacin (MOX), klindamicin (CLIN), foszfomicin (FOM), fuzidinsav (FUS). A legtöbb izolátum ebben az esetben is fuzidinsavra (FUS) volt rezisztens (66,7%). Az izolátumok nem mutattak rezisztenciát az oxacillinnel (OXA), gentamicinnel (GEN), eritromicinnel (ERY), linezolid (LIN), teikoplaninnal (TEI), vankomicinnel (VAN), tetraciklin (TET), tigeciklin (TIGE), rifampicin (RIF), trimetoprim (TRIM) szemben.

A tejből származó izolátumok három antibiotikumra voltak rezisztensek, melyek a benzil – penicillin (B – PEN), a foszfomicin (FOM) és a fuzidinsav (FUS) voltak (8. ábra).

8. ábra: A különböző antibiotikumokkal szembeni rezisztencia előfordulási aránya az egyes mintavételi helyeken.



Az egyes mintavételi élőhelyeken előforduló AMR tekintetében a hasonlósági indexek alakulásáról a 4. táblázat ad információt.

4. táblázat: Az AMR hasonlósága az egyes mintavételi helyeken.

(Forrás: saját munka)

Élőhelyek	SDI*
környezet – borj	0,89
környezet – tehén	0,71
környezet – tej	0,55
borjú – tej	0,46
borjú – tehén	0,75
tehén – tej	0,44

*Sørensen – Dice index

A baktérium fajokkal ellentétben az AMR előfordulás esetében az SDI minden esetben sokkal nagyobb átfedést mutatott. A legnagyobb hasonlóság (0,89) ebben az esetben a környezet – borjú párosításban volt megfigyelhető, míg a leggyengébb a tehén – tej párosításban (0,44).

5. Következtetések és javaslatok

Az eredmények alapján megállapítható volt, hogy az vizsgált tehenészeti telepen a környezeti mintákban lehetett a *Staphylococcus* fajok legnagyobb szintű diverzitását megfigyelni. A többi mintagyűjtési helyről származó mintákban (tehén, borjú, tejtank) az izolált fajok száma kevesebb volt. Ezt a megfigyelést támasztják alá a ROBERTS és mtsai (2018) által megfigyelt tendenciák is. A jelenség hátterében az áll, hogy a környezetben dúsulnak fel az állatokról és emberekről származó baktériumok. Az említett gazdákról az egyes fajok közvetlenül a közvetlen környezetükbe kerülhetnek, illetve a telepi munka során használt munkagépek, mint vektorok is közrejátszanak abban, hogy az egy telepi élőhelyeket összekössék, közöttük a fajok terjedését okozzák (PARK és RONHOLM, 2021).

Az izolált fajok antibiogramja alapján nagyobb átfedés volt kimutatható az eltérő eredetű izolátumok között. Három olyan antibiotikumot találtunk, amelyekkel szembeni rezisztencia mindegyik gyűjtési helyen előfordult. A legnagyobb arányban a fuzidinsavval szemben volt a rezisztencia tapasztalható (30 izolátum a 45-ből). Ilyen nagymértékű rezisztenciára nem találtunk adatokat a szakirodalomban. Humán klinikai *S. aureus* izolátumok esetében a rezisztencia mértéke jóval alacsonyabb szintet (kb. 5%) mutatott (HAJIKHANI és mtsai, 2021). Ennél rosszabb eredmények voltak igazolhatók egy európai vizsgálatban, mivel ugyanebben a fajban 1,5 – 52,5% között mozgott. Ugyanebben a vizsgálatban a CoNS csoportba tartozó fajok esetében sokkal magasabb rezisztenciát lehetett kimutatni (12,5 – 50%) (CASTANHEIRA és mtsai, 2010). Az említett vizsgálatok azt is igazolták, hogy a koaguláz negatív *Staphylococcus* fajok esetében a rezisztencia előfordulás nagyobb, mint a *S. aureus* esetében. Ez a tény részben magyarázhatja, miért találtunk ilyen nagy arányban rezisztens izolátumokat. Ugyanis az izolált fajok mindegyike a CoNS csoportba tartozik.

A második leggyakoribb rezisztencia szint a foszfomicin esetén volt megfigyelhető (18 izolátum a 45 –ből). Ez a tendencia teljes mértékben egybevág más kutatások eredményeivel (SCHOENFELDER és mtsai, 2017; MONTE és DE OLIVEIRA, 2024). Ennek a magas aránynak vélhetőleg az antibiotikum hatásmechanizmusa állhat. A foszfomicin ugyanis a baktériumok sejtfalában megtalálható foszfoglükánok beépüléséért felelős enzim működését gátolja. Mivel a sejtfal ezen komponense mind a Gram negatív, mind pedig a Gram pozitív fajokban is megtalálható, így az antibiotikum kiterjedt használat lehet a felelős a megfigyelt magas arányért (SCHOENFELDER és mtsai, 2017).

A harmadik leggyakoribb rezisztencia a penicillinekkel szembeni rezisztencia volt (16 izolátum a 45 –ből). A tapasztalt jelenség és arány sajnos nem meglepő. A penicillineket nagyon régóta használják mind a humán, mind pedig az állatgyógyászatban, aminek eredményeként sok baktérium faj törzseiben tapasztalható világszerte a rezisztencia (SREDNIK és mtsai, 2015; SCHOENFELDER és mtsai, 2017)

A borjakból izolált törzsek esetében a vizsgált 17 antibiotikumból összesen tízre voltak rezisztensek, ami azt jelenti, hogy a vizsgált szereknek kevesebb, mint a felére érzékenyek az előforduló fajok. A megtalált rezisztens izolátumok más problémát is felvetnek. Ez az a korcsoport, amellyel a legintenzívebb kapcsolatban vannak a dolgozók (az idősebb állatoknál, pl. növendék, tehén, kevesebb a kontaktus). A mindennapi ellátás során naponta többször is kapcsolatba kerülnek az állatokkal (pl. itatás, almolás, krotáliázás), aminek következtében feltételezhető, hogy sokkal nagyobb arányban történik meg az egyes baktériumfajok átadása az állatok és emberek között. Ez igazolja, hogy a borjak izolátumaiban olyan fajok is előkerülnek, amelyek inkább az emberre jellemzők, pl. *S. hominis* ssp. *hominis*. Feltételezésünk szerint ez az nagyon intenzív kontaktus az, ami a jelenség hátterében áll.

A tejtartály csonkjában lévő tejből kinyert izolátumból kimutattuk, hogy három antibiotikummal szemben (fuzidinsav, foszfomicin és penicillinek) mutattak rezisztenciát a benne megtalálható *S. saprohyticus* és *S. haemolyticus* fajok törzsei. Mivel a megmintázott csonkon keresztül szivattyúzzák ki a tejet, ez azt is jelentheti, hogy a rezisztens baktériumok bekerülnek a nyers tejbe. Innen pedig a tejfeldolgozási folyamatok során a rezisztenciát okozó gének akár az élelmiszerláncba is bekerülhetnek, amely komoly humán-egészségügyi problémát okozhatnak (DEDDEFO és mtsai, 2024).

A Sørensen – Dice hasonlósági index értékei alapján elmondható, hogy az egyes mintavételi helyek között a bakteriális átfedés (a környezet – tehén párosítás kivételével) elhanyagolhatónak mondható. Azonban az antibiotikumokkal szembeni rezisztencia esetében az átfedés jelentős. Ez a tény felhívja a figyelmet, hogy az egyes baktériumfajok a rezisztenciát okozó örökítőanyagaik terjesztésében nem feltétlen jelenlétükkel járulnak hozzá, hanem csak az adott gének átadásával (JIAN és mtsai, 2021).

Az eredmények tükrében elmondható, hogy a vizsgált tehenészeti telepen az egyes technológiai helyszíneken (borjúnevelés, tehéntartás, telepi környezet) a *Staphylococcus* fajok alacsony szintű átfedéssel, de viszonylag nagy diverzitással vannak jelen. A fenotípusos rezisztencia esetében azonban az volt megfigyelhető, hogy az egyes helyekről izolált törzsekben sokkal nagyobb volt az átfedés. Ennek következtében javasolható, hogy az állatok gyógykezelése során mindig olyan antibiotikumokat célszerű használni, amelyek hatékonyan tudják a megbetegedések hátterében álló kórokozókat eliminálni. Ennek érdekében célszerű – évente akár többször is – a telep különböző pontjairól bakteriológiai mintákat venni annak érdekében, hogy megállapítható legyen a telep baktériumfaunája, illetve az egyes fajok antibiogramja. Mivel a környezetben fordult elő a legtöbb faj, illetve innen izolált törzsekben nyolc antibiotikummal szemben tapasztaltunk rezisztenciát javasolható, hogy a telepi munkák során használt munkagépeket, illetve berendezések rendszeresen takarítani és fertőtleníteni kell. Ugyanez igaz az állatok által használt felhajtó utakra is, mivel azok használatakor jelentősen szennyeződhetnek vizelettel és bélsárral is, amelyekben akár kórokozó baktériumok is előfordulhatnak. Szükséges lenne továbbá a csapadékvíz megfelelő elvezetése, hogy az istállók felől kifolyó, trágyalével szennyezett víz ne okozhasson átfertőzést az állatok között.

6. Összefoglalás

Az antimikrobiális rezisztencia, mint globális probléma jelenik meg napjainkban, hiszen egyre gyakrabban találkozunk olyan baktériumokkal, melyek bizonyos antibiotikumokra nem mutatnak érzékenységet. Különösen nagy problémát jelent ez a lakosság körében, ugyanis bizonyos bakteriális megbetegedések nehezen kezelhetők, illetve sok esetben érzékenységi vizsgálatokat sem végeznek a problémák kezelése során. A rezisztenciával rendelkező baktériumok élelmiszer útján is bekerülhetnek az emberi szervezetbe, kiemelt fontossággal bír ebben a témakörben a tej és tejtermékek. Ennek az oka, hogy a tejelő tehenészetekben a sok esetben megjelenő tőgygyulladást nem megfelelően kezelik, ezáltal könnyedén bejuthatnak a nyers tejbe a kórokozók. A vizsgálatom célja az volt, hogy bemutassam a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem kaposvári Campusának Tangazdaságához tartozó tejelő tehenészeti telepen előforduló *Staphylococcus* fajokat és a hozzájuk kapcsolódó antibiotikum érzékenységi vizsgálat eredményeit.

A vizsgálatomhoz szükséges mintákat négy csoportba soroltam, ezek a környezet, a borjak, a tehenek és maga a tej volt. Mindenekelőtt fontosnak ítéltük a telep környezetében előforduló baktériumok vizsgálatát, melyből 16 mintát vettünk és összesen 20 izolátumot vizsgáltunk. A borjak esetében 15 minta levételére került sor az orrüreg nyálkahártyájából, melyekből 13 izolátumot elemeztünk. A tehenekből 12 mintát vettünk, melyekből kilenc izolátumot vizsgáltunk meg. A tejmintákat (hat darabot) a tejtartály kivezető csonkjából gyűjtöttük, melyen keresztül jut a tej az elszállító járműbe. A Magyar Agrár- és Élettudományi egyetem mikrobiológia laborjában végeztük el a vizsgálatot.

A gyűjtött mintákból először a fajok izolálására került sor, mely során megállapításra került, hogy mely *Staphylococcus* fajok fordulnak elő az egyes közegekben. A környezetből összesen nyolc fajt izoláltunk, melyek közül a *S. lentus* fordult elő legnagyobb arányban (25%). A borjakból gyűjtött mintákból öt baktériumfajt mutattunk ki, legnagyobb százalékban (39,46%) a *S. cohnii* ssp. *urealyticus* volt jelen. A tehenekből öt fajt mutattunk ki, legnagyobb arányban a *S. xylosus* fordult elő (45%). A hat tejmintákból két fajt, kimutatni a *S. saprophyticus*-t, illetve a *S. haemolyticus*-t tudtuk kimutatni.

Az antibiotikum érzékenységi vizsgálatokban összesen 17 antibiotikumra vizsgáltunk érzékenységet. Mindhárom mintavételi csoport esetében azt tapasztaltuk, hogy több antibiotikum is van melyre rezisztensek az izolátumok. A környezetben összesen nyolc antibiotikummal szemben találtunk rezisztenciát, míg a borjaknál tíz szerrel szemben mutattuk

ki. A tejből kimutatott két faj három antibiotikummal szemben mutat ellenállóságot. A tehenek esetében az izolátumok hat antibiotikumra voltak rezisztensek. A legnagyobb arányban a fuzidinsavval szemben jelentkezett rezisztencia, ezt követte a foszfomicin és a penicillinek.

Végeredményül megállapítható volt, hogy a baktérium fajok átfedése az egyes technológiai helyek között alacsonynak mondható, viszont az antibiotikumokkal szembeni rezisztencia esetén az átfedés jelentős volt. Ez felhívja a figyelmet arra a tényre, hogy a rezisztenciát okozó genetikai örökítőanyag terjedése nagy arányban fordulhat elő. Ennek következménye pedig akár klinikai tünetekben megnyilvánuló megbetegedés, illetve gazdasági kiesés is lehet.

7. Irodalomjegyzék

1. ACAR, J. és ROSTEL, B. (2001): Antimicrobial resistance: an overview. *Revue Scientifique et Technique-Office International des Epizooties*, 20(3), 797-810.
2. AIRES-DE-SOUSA, M. (2017): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among animals: current overview. *Clinical Microbiology and Infection*, 23(6), 373–380. DOI: [10.1016/j.cmi.2016.11.002](https://doi.org/10.1016/j.cmi.2016.11.002)
3. AKINEDEN, Ö., ANNEMÜLLER, C., HASSAN, A., LÄMMLER, C., WOLTER, W. és ZSCHÖCK, M. (2001): Toxin genes and other characteristics of *Staphylococcus aureus* isolates from milk of cows with mastitis. *Clinical Diagnostic Laboratory Immunology*, 8(5), 959-964. DOI: [10.1128/CDLI.8.5.959-964.2001](https://doi.org/10.1128/CDLI.8.5.959-964.2001)
4. ALBERT, E., SIPOS, R., PERRETEN, V., TÓTH, Á., UNGVÁRI, E., PAPP, M., DÁN, Á. és BIKSI, I. (2023): High Prevalence of Livestock-Associated Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Hungarian Pig Farms and Genomic Evidence for the Spillover of the Pathogen to Humans. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2023(1), 5540019. DOI: [10.1155/2023/5540019](https://doi.org/10.1155/2023/5540019)
5. ANDERSON, J. C. (1983): Veterinary aspects of staphylococci. In C. S. F. Easmon, & C. Adlam (Eds.), *Staphylococci and staphylococcal infections* (pp. 193–243). London: Academic Press.
6. ARGUDÍN, M. Á., MENDOZA, M. C., és RODICIO, M. R. (2010). Food poisoning and *Staphylococcus aureus* enterotoxins. *Toxins*, 2(7), 1751-1773. DOI: [10.3390/toxins2071751](https://doi.org/10.3390/toxins2071751)
7. ATEBA, C. N., MBEWE, M., MONEOANG, M. S. és BEZUIDENHOUT, C. C. (2010): Antibiotic-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from milk in the Mafikeng Area, North West province, South Africa. *South African Journal of Science*, 106(11), 1-6. DOI: [10520/EJC96992](https://doi.org/10.520/EJC96992)
8. BIEDENBACH, D. J., MOET, G. J. és JONES, R. N. (2004): Occurrence and antimicrobial resistance pattern comparisons among bloodstream infection isolates from the SENTRY Antimicrobial Surveillance Program (1997–2002). *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 50(1), 59-69. DOI: [10.1016/j.diagmicrobio.2004.05.003](https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2004.05.003)
9. BOEREMA, J. A., CLEMENS, R. és BRIGHTWELL, G. (2006): Evaluation of molecular methods to determine enterotoxigenic status and molecular genotype of bovine, ovine, human and food isolates of *Staphylococcus aureus*. *International Journal of Food Microbiology*, 107(2), 192-201. DOI: [10.1016/j.ijfoodmicro.2005.07.008](https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2005.07.008)

10. CASTANHEIRA, M., WATTERS, A. A., MENDES, R. E., FARRELL, D. J., és JONES, R. N. (2010): Occurrence and molecular characterization of fusidic acid resistance mechanisms among *Staphylococcus* spp. from European countries (2008). *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 65(7), 1353-1358. DOI: [10.1093/jac/dkq094](https://doi.org/10.1093/jac/dkq094)
11. CENCI-GOGA, B. T., KARAMA, M., ROSSITTO, P. V., MORGANTE, R. A., és CULLOR, J. S. (2003): Enterotoxin production by *Staphylococcus aureus* isolated from mastitic cows. *Journal of Food Protection*, 66(9), 1693-1696. DOI: [10.4315/0362-028X-66.9.1693](https://doi.org/10.4315/0362-028X-66.9.1693)
12. CHAJĘCKA-WIERZCHOWSKA, W., ZADERNOWSKA, A., NALEPA, B., SIERPIŃSKA, M. és ŁANIEWSKA-TROKENHEIM, Ł. (2015): Coagulase-negative staphylococci (CoNS) isolated from ready-to-eat food of animal origin—phenotypic and genotypic antibiotic resistance. *Food Microbiology*, 46, 222-226. DOI: [10.1016/j.fm.2014.08.001](https://doi.org/10.1016/j.fm.2014.08.001)
13. DADGOSTAR, P. (2019): Antimicrobial resistance: Implications and costs. *Infection and Drug Resistance* 12, 3903-3910 DOI: [10.2147/IDR.S234610](https://doi.org/10.2147/IDR.S234610)
14. DAVIES, J. és DAVIES, D. (2010): Origins and evolution of antibiotic resistance. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 74(3), 417–433. DOI: [10.1128/mmbr.00016-10](https://doi.org/10.1128/mmbr.00016-10)
15. DAVIS, M., LIU, T-L., TAYLOR, Y., DAVIDSON, L., SCHMID, M., YATES, T., SCOTTON, J., SPENCER D. M. (2017): Exploring patient awareness and perceptions of the appropriate use of antibiotics: a mixed-methods study. *Antibiotics*, 6(4), 23 DOI: [10.3390/antibiotics6040023](https://doi.org/10.3390/antibiotics6040023)
16. DAY, M. J. (2011): One health: the importance of companion animal vector-borne diseases. *Parasites Vectors* 4(49). DOI: [10.1186/1756-3305-4-49](https://doi.org/10.1186/1756-3305-4-49)
17. DE BUYSER, M.L., DUFOUR, B., MAIRE, M. és LAFARGE, V. (2001): Implication of milk and milk products in food-borne diseases in France and in different industrialised countries. *International Journal of Food Microbiology* 67, 1–17. DOI: [10.1016/S0168-1605\(01\)00443-3](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(01)00443-3)
18. DEDDEFO, A., MAMO, G., ASFAW, M., EDAO, A., HIKO, A., FUFU, D., JAFER, M., SOMBO, M. és AMENU, K. (2024): Occurrence, antimicrobial susceptibility, and resistance genes of *Staphylococcus aureus* in milk and milk products in the Arsi highlands of Ethiopia. *BMC microbiology*, 24(1), 127. DOI: [10.1186/s12866-024-03288-3](https://doi.org/10.1186/s12866-024-03288-3)
19. DEVRIESE, L. A., VAN DAMME, L. R., és FAMEREE, L. (1972): Methicillin (cloxacillin)-resistant *Staphylococcus aureus* strains isolated from bovine mastitis cases. *Zentralblatt für Veterinärmedizin Reihe B*, 19(7), 598-605. DOI: [10.1111/j.1439-0450.1972.tb00439.x](https://doi.org/10.1111/j.1439-0450.1972.tb00439.x)

20. DICE, L. R. (1945): Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26(3), 297–302. DOI: [10.2307/1932409](https://doi.org/10.2307/1932409)
21. EL-JAKEE, J. K., AREF, N. E., GOMAA, A., EL-HARIRI, M. D., GALAL, H. M., OMAR, S. A. és SAMIR, A. (2013): Emerging of coagulase negative staphylococci as a cause of mastitis in dairy animals: An environmental hazard. *International Journal of Veterinary Science and Medicine*, 1(2), 74-78. DOI: [10.1016/j.ijvsm.2013.05.006](https://doi.org/10.1016/j.ijvsm.2013.05.006)
22. EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION és CONTROL (ECDC) Surveillance of antimicrobial resistance in Europe – Annual report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net) 2017. Stockholm: ECDC; 2018.
23. EZEAMAGU, C., IMANATUE, I., DOSUNMU, M., ODESEYE, A., BAYSAH, G., AINA, D., ODUTAYO, F. és MENSAH-AGYEI, G. (2018): Detection of methicillin resistant and toxin-associated genes in *Staphylococcus aureus*. *Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences.*, 7(1), 92–97. DOI: [10.1016/j.bjbas.2017.07.010](https://doi.org/10.1016/j.bjbas.2017.07.010)
24. FENG, Y., CHEN, C. J., SU, L. H., HU, S., YU, J. és CHIU, C. H. (2008): Evolution and pathogenesis of *Staphylococcus aureus*: lessons learned from genotyping and comparative genomics. *FEMS Microbiology Reviews* 32(1), 23–37. DOI: [10.1111/j.1574-6976.2007.00086.x](https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2007.00086.x)
25. FITZGERALD, J. R. (2012): Livestock-associated *Staphylococcus aureus*: origin, evolution and public health threat. *Trends in Microbiology*, 20(4), 192-198. DOI: [10.1016/j.tim.2012.01.006](https://doi.org/10.1016/j.tim.2012.01.006)
26. FITZGERALD, J. R. és HOLDEN, M. T. (2016): Genomics of natural populations of *Staphylococcus aureus*. *Annual Review of Microbiology*, 70, 459-478. DOI: [10.1146/annurev-micro-102215-095547](https://doi.org/10.1146/annurev-micro-102215-095547)
27. FLEMING, A. (1929): On the antibacterial action of cultures of a penicillium, with special reference to their use in the isolation of *B. influenzae*. *British Journal of Experimental Pathology*, 10(3), 226.
28. FORSBERG, K. J., REYES, A., WANG, B., SELLECK, E. M., SOMMER, M. O. A. és DANTAS, G. (2012): The shared antibiotic resistome of soil bacteria and human pathogens. *Science* 337 (6098), 1107–1111. DOI: [10.1126/science.1220761](https://doi.org/10.1126/science.1220761)
29. FUDA, C., SUVOROV, M., VAKULENKO, S. B. és MOBASHERY, S. (2004): The basis for resistance to β -lactam antibiotics by penicillin-binding protein 2a of methicillin-resistant

Staphylococcus aureus. *Journal of Biological Chemistry*, 279(39), 40802-40806. DOI: [10.1074/jbc.M403589200](https://doi.org/10.1074/jbc.M403589200)

30. GARCÍA-ÁLVAREZ, L., HOLDEN, M. T. G., LINDSAY, H., WEBB, C. R., BROWN, D. F. J., CURRAN, M. D., WALPOLE, E., BROOKS, K., PICKARD, D. J., TEALE, C., PARKHILL, J., BENTLEY, S. D., EDWARDS, G. F., GIRVAN, E. K., KEARNS, A. M., PICHON, B., HILL, R. L. R., LARSEN, A. R., SKOV, R. L., PEACOCK, S. J., MASKELL, D. J. és HOLMES, M. A. (2011): Meticillin-resistant *Staphylococcus aureus* with a novel mecA homologue in human and bovine populations in the UK and Denmark: a descriptive study. *The Lancet Infectious Diseases*, 11(8), 595-603. DOI: [10.1016/S1473-3099\(11\)70126-8](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(11)70126-8)
31. HAJIKHANI, B., GOUDARZI, M., KAKAVANDI, S., AMINI, S., ZAMANI, S., VAN BELKUM, A., GOUDARZI, H. és DADASHI, M. (2021): The global prevalence of fusidic acid resistance in clinical isolates of *Staphylococcus aureus*: a systematic review and meta-analysis. *Antimicrobial Resistance & Infection Control*, 10(1), 75. DOI: [10.1186/s13756-021-00943-6](https://doi.org/10.1186/s13756-021-00943-6)
32. HNASKO, R., LIN, A. V., és MCGARVEY, J. A. (2019): Rapid detection of staphylococcal enterotoxin-B by lateral flow assay. *Monoclonal Antibodies in Immunodiagnosis and Immunotherapy*, 38(5), 209-212. DOI: [10.1089/mab.2019.0028](https://doi.org/10.1089/mab.2019.0028)
33. JIAN, Z., ZENG, L., XU, T., SUN, S., YAN, S., YANG, L., HUANG, Y., JIA, J. és DOU, T. (2021): Antibiotic resistance genes in bacteria: Occurrence, spread, and control. *Journal of basic microbiology*, 61(12), 1049-1070. DOI: [10.1002/jobm.202100201](https://doi.org/10.1002/jobm.202100201)
34. JØRGENSEN, H. J., MØRK, T. és RØRVIK, L. M. (2005): The occurrence of *Staphylococcus aureus* on a farm with small-scale production of raw milk cheese. *Journal of Dairy Science*, 88(11), 3810-3817. DOI: [10.3168/jds.S0022-0302\(05\)73066-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)73066-6)
35. JUHÁSZ-KASZANYITZKY, É., JÁNOSI, S., SOMOGYI, P., DÁN, Á., VANDERGRAAF VAN BLOOIS, L., VAN DUIJKEREN, E. és WAGENAAR, J. A. (2007): MRSA transmission between cows and humans. *Emerging Infectious Diseases*, 13(4), 630. DOI: [10.3201/eid1304.060833](https://doi.org/10.3201/eid1304.060833)
36. KARAHAN, M., AÇIK, M. N., és CETINKAYA, B. (2009): Investigation of toxin genes by polymerase chain reaction in *Staphylococcus aureus* strains isolated from bovine mastitis in Turkey. *Foodborne pathogens and disease*, 6(8), 1029-1035. DOI: [10.1089/fpd.2009.0304](https://doi.org/10.1089/fpd.2009.0304)
37. KASZANYITZKY, É. J., EGYED, Z., JÁNOSI, S., KESERŐ, J., GÁL, Z., SZABO, I., VERES, Z. és SOMOGYI, P. (2004): Staphylococci isolated from animals and food with phenotypically

- reduced susceptibility to β -lactamase-resistant β -lactam antibiotics. *Acta Veterinaria Hungarica*, 52(1), 7-17. DOI: [10.1556/avet.52.2004.1.2](https://doi.org/10.1556/avet.52.2004.1.2)
38. LARSSON, D.G. J. és FLACH, C. F. (2022): Antibiotic resistance in the environment. *Nature Reviews Microbiology* 20, 257–269. DOI: [10.1038/s41579-021-00649-x](https://doi.org/10.1038/s41579-021-00649-x)
 39. LAXMINARAYAN, R., DUSE, A., WATTAL, C., ZAIDI, A. K., WERTHEIM, H. F., SUMPRADIT, N., Vlieghe, E., HARA, G. L., GOULD, I. M., GOOSSENS, H., GREKO, C., SO, A. D., BIGDELI, M., TOMSON, G., WOODHOUSE, W., OMBAKA, E., PERALTA, A. Q., QAMAR, F. N., MIR, F., KARIUKI, S., BHUTTA, Z. A., COATES, A., BERGSTROM, R., WRIGHT, G. D., BROWN, E. D. és CARS, O. (2013): Antibiotic resistance—the need for global solutions. *The Lancet Infectious Diseases*, 13(12), 1057-1098. DOI: [10.1016/S1473-3099\(13\)70318-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(13)70318-9)
 40. LEE, J. H. (2003): Methicillin (oxacillin)-resistant *Staphylococcus aureus* strains isolated from major food animals and their potential transmission to humans. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(11), 6489-6494. DOI: [10.1128/AEM.69.11.6489-6494.2003](https://doi.org/10.1128/AEM.69.11.6489-6494.2003)
 41. LEEUWENHOEK, A. V. (1677): Observations, communicated to the publisher by Mr. Antony van Leewenhoeck, in a dutch letter of the 9th Octob. 1676. here English'd: concerning little animals by him observed in rain-well-sea-and snow water; as also in water wherein pepper had lain infused. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, 12(133), 821-831. DOI: [10.1098/rstl.1677.0003](https://doi.org/10.1098/rstl.1677.0003)
 42. LIM, D. és STRYNADKA, N. C. (2002): Structural basis for the β lactam resistance of PBP2a from methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Nature Structural Biology*, 9(11), 870-876. DOI: [10.1038/nsb858](https://doi.org/10.1038/nsb858)
 43. LIU, M., LIU, J., GUO, Y. és ZHANG, Z. (2010): Characterization of virulence factors and genetic background of *Staphylococcus aureus* isolated from Peking University People's Hospital between 2005 and 2009. *Current Microbiology*, 61, 435–443. DOI: [10.1007/s00284-010-9635-0](https://doi.org/10.1007/s00284-010-9635-0)
 44. LOWY, F. D. (1998): *Staphylococcus aureus* infections. *The New England Journal of Medicine* 339, 520–32. DOI: [10.1056/NEJM199808203390806](https://doi.org/10.1056/NEJM199808203390806)
 45. MARTINEZ, J. L. (2009): The role of natural environments in the evolution of resistance traits in pathogenic bacteria. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 276, 2521–2530. DOI: [10.1098/rspb.2009.0320](https://doi.org/10.1098/rspb.2009.0320)

46. MIDDLETON, J. R., FOX, L. K., PIGHETTI, G. és PETERSSON-WOLFE, C. (2017): Laboratory handbook on bovine mastitis, 3rd ed.. New Prague, MN: National Mastitis Council Inc.
47. MONTE, D. F. M., JÚNIOR, W. D. L., ABLEY, M., GEBREYES, W. A., és DE OLIVEIRA, C. J. B. (2018): Antimicrobial resistance and genotypic relatedness of environmental staphylococci in semi-extensive dairy farms. *Veterinary and Animal Science*, 6, 103-106. DOI: [10.1016/j.vas.2018.07.007](https://doi.org/10.1016/j.vas.2018.07.007)
48. MONTE, D. F., és DE OLIVEIRA, C. J. B. (2024): Global trends in the increasing prevalence of the fosfomycin resistance gene in *Staphylococcus aureus*. *The Lancet Microbe*, 5(2), e104. DOI: [10.1016/S2666-5247\(23\)00339-7](https://doi.org/10.1016/S2666-5247(23)00339-7)
49. MURTAUGH, M. P., STEER, C. J., SREEVATSAN, S., PATTERSON, N., KENNEDY, S. és SRIRAMARAO, P. (2017): The science behind One Health: at the interface of humans, animals, and the environment. *Annals of the New York Academy of Sciences* 1395(1) 12-32. DOI: [10.1111/nyas.13355](https://doi.org/10.1111/nyas.13355)
50. NAGASE, N., SASAKI, A., YAMASHITA, K., SHIMIZU, A., WAKITA, Y., KITAI, S. és KAWANO, J. (2002): Isolation and species distribution of staphylococci from animal and human skin. *Journal of Veterinary Medical Science*, 64(3), 245-250. DOI: [10.1292/jvms.64.245](https://doi.org/10.1292/jvms.64.245)
51. NORMANNO, G., LA SALANDRA, G., DAMBROSIO, A., QUAGLIA, N. C., CORRENTE, M., PARISI, A., SANTAGADA, G., FIRINU, A., CRISSETTI, E. és CELANO, G. V. (2007): Occurrence, characterization and antimicrobial resistance of enterotoxigenic *Staphylococcus aureus* isolated from meat and dairy products. *International Journal of Food Microbiology*, 115(3), 290-296. DOI: [10.1016/j.ijfoodmicro.2006.10.049](https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2006.10.049)
52. OLIVEIRA, C. J. B., TIAO, N., DE SOUSA, F. G. C., DE MOURA, J. F. P., SANTOS FILHO, L., és GEBREYES, W. A. (2016): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from Brazilian dairy farms and identification of novel sequence types. *Zoonoses and Public Health*, 63(2), 97-105. DOI: [10.1111/zph.12209](https://doi.org/10.1111/zph.12209)
53. PARK, S., és RONHOLM, J. (2021): *Staphylococcus aureus* in agriculture: lessons in evolution from a multispecies pathogen. *Clinical microbiology reviews*, 34(2), 10-1128. DOI: [10.1128/cmr.00182-20](https://doi.org/10.1128/cmr.00182-20)
54. PAWLOWSKI, A. C., WANG, W., KOTEVA, K., BARTON, H. A., MCARTHUR, A. G. és WRIGHT, G. D. (2016): A diverse intrinsic antibiotic resistome from a cave bacterium. *Nature Communications* 7(13803). DOI: [10.1038/ncomms13803](https://doi.org/10.1038/ncomms13803)

55. PEĆANAC, M., JANJIĆ, Z., KOMARČEVIĆ, A., PAJIĆ, M., DOBANOVAČKI, D., és MIŠKOVIĆ, S. S. (2013): Burns treatment in ancient times. *Medicinski Pregled*, 66(5-6), 263-267.
56. PELES, F., WAGNER, M., VARGA, L., HEIN, I., RIECK, P., GUTSER, K., KERESZTÚRI, P., KARDOS, G., TURCSÁNYI, I., BÉRI, B. és SZABÓ, A. (2007): Characterization of *Staphylococcus aureus* strains isolated from bovine milk in Hungary. *International Journal of Food Microbiology*, 118 (2), 186-193. DOI: [10.1016/j.ijfoodmicro.2007.07.010](https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2007.07.010).
57. PETRÓCZKI, F. M., PÁSZTOR, Á., SZÜCS, K. D., PÁL, K., KARDOS, G., ALBERT, E., HORVÁTH, B., UNGVÁRI, E., BÉRI, B. és PELES, F. (2021): Occurrence and characteristics of *Staphylococcus aureus* in a Hungarian dairy Farm during a control program. *Pathogens*, 10(2), 104. DOI: [10.3390/pathogens10020104](https://doi.org/10.3390/pathogens10020104)
58. RAINARD, P., FOUCRAS, G., FITZGERALD, J. R., WATTS, J. L., KOOP, G. és MIDDLETON, J. R. (2018): Knowledge gaps and research priorities in *Staphylococcus aureus* mastitis control. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65, 149-165. DOI: [10.1111/tbed.12698](https://doi.org/10.1111/tbed.12698)
59. ROBERTS, M.C., GARLAND-LEWIS, G., TRUFAN, S., MESCHKE, S.J., FOWLER, H., SHEAN, R.C., GRENINGER, A.L., RABINOWITZ, P.M. (2018): Distribution of *Staphylococcus* species in dairy cows, workers and shared farm environments. *FEMS Microbiology Letters*, 365(15). DOI: [10.1093/femsle/fny146](https://doi.org/10.1093/femsle/fny146)
60. SCHERRER, D., CORTI, S., MUEHLHERR, J. E., ZWEIFEL, C. és STEPHAN, R. (2004): Phenotypic and genotypic characteristics of *Staphylococcus aureus* isolates from raw bulk-tank milk samples of goats and sheep. *Veterinary Microbiology*, 101(2), 101-107. DOI: [10.1016/j.vetmic.2004.03.016](https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2004.03.016)
61. SCHLEGELOVA, J., VLKOVA, H., BABAK, V., HOLASOVA, M., JAGLIC, Z., STOSOVA, T. és SAUER, P. (2008): Resistance to erythromycin of *Staphylococcus* spp. isolates from the food chain. *Veterinarni Medicina-Praha*, 53(6), 307.
62. SCHOENFELDER, S. M., DONG, Y., FEBLER, A. T., SCHWARZ, S., SCHOEN, C., KÖCK, R., és ZIEBUHR, W. (2017): Antibiotic resistance profiles of coagulase-negative staphylococci in livestock environments. *Veterinary Microbiology*, 200, 79-87. DOI: [10.1016/j.vetmic.2016.04.019](https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2016.04.019)
63. SEEGER, H., FOURICHON, C., BEAUDEAU, F. (2003): Production effects related to mastitis and mastitis economics in dairy cattle herds. *Veterinary Research* 34(5), 475– 491. DOI: [10.1051/vetres:2003027](https://doi.org/10.1051/vetres:2003027)

64. SERGELIDIS, D. és ANGELIDIS, A. S. (2017): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: a controversial food-borne pathogen, *Letters in Applied Microbiology*, 64(6), 409-418. DOI: [10.1111/lam.12735](https://doi.org/10.1111/lam.12735)
65. SHIMAOKA, M., YOH, M., TAKARADA, Y., YAMAMOTO, K. és HONDA, T. (1996): Detection of the Gene for Toxic Shock Syndrome Toxin 1 in *Staphylococcus aureus* by Enzyme-Labelled Oligonucleotide Probes. *Journal of Medical Microbiology*, 44(3), 215–218. DOI: [10.1099/00222615-44-3-215](https://doi.org/10.1099/00222615-44-3-215)
66. SØRENSEN, T. (1948): A method of establishing group of equal amplitude in plant sociobiology based on similarity of species content and its application to analyses of the vegetation on Danish commons. *Kongelige Danske Videnskabernes Selskab*, 5(4), 1-34.
67. SREDNIK, M. E., GRIEBEN, M. A., BENTANCOR, A., és GENTILINI, E. R. (2015): Molecular identification of coagulase-negative staphylococci isolated from bovine mastitis and detection of β -lactam resistance. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 9(09), 1022-1027. DOI: [10.3855/jidc.5871](https://doi.org/10.3855/jidc.5871)
68. SZABÓNÉ PETRÓCZKI, F. M. (2021): A tej mikrobiológiai minőségére ható tényezők vizsgálata és a tejből izolálható *Staphylococcus aureus* törzsek jellemzőinek elemzése. *Doktori (PhD) értekezés tézisei*.
69. TENOVER, F. C., WEIGEL, L. M., APPELBAUM, P. C., MCDUGAL, L. K., CHAITRAM, J., MCALLISTER, S., CLARK, N., KILLGORE, G., O'HARA, M. C., JEVITT, L., PATEL, J. B. és BOZDOGAN, B. (2004): Vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus* isolate from a patient in Pennsylvania. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 48(1), 275-280. DOI: [10.1128/aac.48.1.275-280.2004](https://doi.org/10.1128/aac.48.1.275-280.2004)
70. THOMSON, P., GARCÍA, P., MILES, J., ISLA, D., YÁÑEZ, C., SANTIBÁÑEZ, R., NÚÑEZ, A., FLORES-YÁÑEZ, C., DEL RÍO, C. és CUADRA, F. (2022): Isolation and identification of *Staphylococcus* species obtained from healthy companion animals and humans. *Veterinary Sciences*, 9(2), 79. DOI: [10.3390/vetsci9020079](https://doi.org/10.3390/vetsci9020079)
71. WAKSMAN, S. A., és WOODRUFF, H. B. (1942): Streptothricin, a new selective bacteriostatic and bactericidal agent, particularly active against Gram-negative bacteria. *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine*, 49(2), 207-210. DOI: [10.3181/00379727-49-1351](https://doi.org/10.3181/00379727-49-1351)
72. WANG, D., WANG, Z., YAN, Z., WU, J., ALI, T., LI, J., LV, Y. és HAN, B. (2015): Bovine mastitis *Staphylococcus aureus*: Antibiotic susceptibility profile, resistance genes and

molecular typing of methicillin-resistant and methicillin-sensitive strains in China. *Infection, Genetics and Evolution*, 31, 9-16. DOI: [10.1016/j.meegid.2014.12.039](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.12.039)

73. ZEINHOM, M. M., AZIZ, R. L. A., MOHAMMED, A. N., és BERNABUCCI, U. (2016): Impact of seasonal conditions on quality and pathogens content of milk in Friesian cows. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 29(8), 1207. DOI: [10.5713/ajas.16.0143](https://doi.org/10.5713/ajas.16.0143)

8. Rövidítések jegyzéke

1. AB = antibiotikum
2. AMR = antimicrobial resistance, magyarul: antimikrobiális rezisztencia
3. AST = antibiotic sensitivity test, magyarul: antibiotikum érzékenységi teszt
4. B – PEN = benzil – penicillin
5. CEF = cefoxitin
6. CIP = ciprofloxacin
7. CLIN = klindamicin
8. CoNS = Coagulase-negative *Staphylococcus*, magyarul: koaguláz negatív *Staphylococcus*
9. ERY = eritromicin
10. FOM = foszfomicin
11. FUS = fuzidinsav
12. GEN = gentamicin
13. LIN = linezolid
14. MOX = moxiflokszacin
15. MRSA = methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, magyarul: meticillin rezisztens *Staphylococcus aureus*
16. OXA = oxacillin
17. PCA = plate count agar
18. RIF = rifampicin
19. *S. aureus* = *Staphylococcus aureus*
20. *S. fajok* = *Staphylococcus* fajok
21. SDI = Sørensen-Dice hasonlósági index
22. TEI = teikoplanin
23. TET = tetraciklin
24. TIGE = tigeciklin
25. TRIM = trimetoprim
26. VAN = vankomicin
27. MIC = minimum inhibitory concentration magyarul: minimum gátlási érték

9. Ábrák és táblázatok jegyzéke

1. ábra: A minták 48 órás inkubálás 36 °C – on (16. oldal).
 2. SEQ ábra * ARABIC: A szuszpenzió kikenéséhez használt eszközök (pipetták, kacsok, gázláng, maguk a minták) a mikrobiológia laborban (17. oldal).
 3. ábra: Gram festésre használt mikroszkóplemezek a festést és vizsgálatot követően (18. oldal).
 4. ábra: VITEK 2 Compact berendezés, mellyel az azonosítást és rezisztenciavizsgálatot végeztük (19. oldal).
 5. ábra: Az alkalmazott VITEK 2 GP kártyák (19. oldal).
 6. ábra: A bioMérieux gyártótól származó DensiCheck berendezés, mellyel a baktériumok koncentrációját mértük (19. oldal).
 7. ábra: Az egyes helyekről meghatározott *Staphylococcus* fajok előfordulásának aránya (24. oldal).
 8. ábra: A különböző antibiotikumokkal szembeni rezisztencia előfordulási aránya az egyes mintavételi helyeken (26. oldal).
-
1. táblázat: Az izolált baktériumfajok és előfordulásuk gyakorisága az egyes mintákban (22. oldal).
 2. táblázat: Az egyes mintavételi helyek bakteriális hasonlósága (23. oldal).
 3. táblázat: A különböző mintavételi csoportokban az egyes antibiotikumokra mutatott rezisztencia (25. oldal).
 4. táblázat: Az AMR hasonlósága az egyes mintavételi helyeken (26. oldal).

10. Nyilatkozatok

NYILATKOZAT

A szakdolgozat nyilvános hozzáféréséről és eredetiségéről

A hallgató neve: Agócs Jenni
A Hallgató Neptun kódja: SPUUUO
A dolgozat címe: One Health az Állattudományban: Antimikrobiális rezisztencia az ökoszisztémában
A megjelenés éve: 2024
A konzulens intézetének neve: Élettani és Takarmányozástani Intézet
A konzulens tanszékének a neve: Élettani és Állategészségügyi tanszék

Kijelentem, hogy az általam benyújtott záródolgozat/szakdolgozat/diplomadolgozat/portfólió¹ egyéni, eredeti jellegű, saját szellemi alkotásom. Azon részeket, melyeket más szerzők munkájából vettem át, egyértelműen megjelöltem, és az irodalomjegyzékben szerepeltettem.

Ha a fenti nyilatkozattal valótlan állítottam, tudomásul veszem, hogy a záróvizsga-bizottság a záróvizsgából kizár és a záróvizsgát csak új dolgozat készítése után tehetek.

A leadott dolgozat, mely PDF dokumentum, szerkesztését nem, megtekintését és nyomtatását engedélyezem.

Tudomásul veszem, hogy az általam készített dolgozatra, mint szellemi alkotás felhasználására, hasznosítására a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem mindenkor szellemi tulajdonkezelési szabályzatában megfogalmazottak érvényesek.

Tudomásul veszem, hogy dolgozatom elektronikus változata feltöltésre kerül a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem MATER Hallgatói Dolgozatok repozitóriumba. Tudomásul veszem, hogy a megvédett és

- nem titkosított dolgozat a védést követően
- titkosításra engedélyezett dolgozat a benyújtásától számított 5 év eltelte után

nyilvánosan elérhető és kereshető lesz az Egyetem MATER Hallgatói Dolgozatok repozitóriumban.

Kelt: VASKÚT, 2024 év október hó 24 nap


Hallgató aláírása

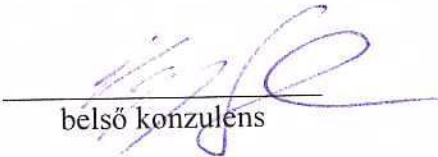
NYILATKOZAT

Agócs Levente (név) (hallgató Neptun azonosítója: SPU11110)
konzulenseként nyilatkozom arról, hogy a
záródolgozatot/szakdolgozatot/diplomadolgozatot/portfóliót² áttekintettem, a hallgatót az
irodalmi források korrekt kezelésének követelményeiről, jogi és etikai szabályairól
tájékoztattam.

A záródolgozatot/szakdolgozatot/diplomadolgozatot/portfóliót a záróvizsgán történő védelemre
javaslom / nem javaslom³.

A dolgozat állam- vagy szolgálati titkot tartalmaz: igen nem^{*4}

Kelt: Kaposvár, 2024 év október hó 16. nap


belső konzulens

² A megfelelő dolgozattípus meghagyása mellett a többi típus törölendő.

³ A megfelelő aláhúzendő.

⁴ A megfelelő aláhúzendő.