

# **SZAKDOLGOZAT**

**Németh Dorka**

**Lótenyésztő, lovassportszervező agrármérnöki szak**

**2023**



**MAGYAR AGRÁR ÉS ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM**

**KAPOSVÁRI CAMPUS**

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

**Belső konzulens:** Dr. Csivincsik Ágnes

**Készítette:** Németh Dorka

Neptun kód: IJML6S

**Intézet/Tanszék: Élettani és Takarmányozástani  
intézet, Kaposvári Campus**

**Kaposvár**

**2023**

## Tartalomjegyzék

<b>1. Bevezetés</b>	4
<b>2. Szakirodalmi áttekintés</b>	5
2.1 A „One Health” szemléletmód	5
2.2 Az antimikrobiális rezisztencia áttekintése	6
2.3 A <i>Staphylococcus aureus</i>	7
2.4 A staphylococcusok által a lófélékben okozott egészségügyi problémák	9
<b>3. Anyag és módszer</b>	12
4.1 A vizsgált gazdaságok	12
4.2 Mintavétel	13
4.3 Inkubálás, identifikálás és fenotípusos rezisztencia meghatározása	14
4.4 Statisztikai analízis	18
<b>4. Eredmények és értékelésük</b>	19
4.1 Izolált fajok	19
4.2 Antibiotikum érzékenységi teszt (AST)	22
4.3 Statisztikai értékelés	23
4.3.1 <i>A Staphylococcus baktériumközösség összetételét befolyásoló tényezők vizsgálata</i>	23
4.3.2 <i>Az antimikrobiális rezisztenciát befolyásoló tényezők statisztikai vizsgálata</i>	25
<b>5. Következtetések és javaslatok</b>	27
<b>6. Összefoglalás</b>	29
<b>7. Irodalomjegyzék</b>	31
<b>8. Mellékletek</b>	39
1. sz. Melléklet: Hallgatói nyilatkozat	40
2. sz. Melléklet: Konzulensi nyilatkozat	41

# 1. Bevezetés

Szakedolgozatom témájának az antimikrobiális rezisztencia (AMR) vizsgálatát választottam. Az AMR napjainkra globális közegészségügyi problémává vált és a predikciós modellek tanúsága szerint néhány évtizeden belül az emberiség vezető halálokává léphet elő (REF).

Az AMR terjedésének egyik okaként az állatgyógyászat helytelen antibiotikum-használatát szokták megnevezni, ezért vizsgálatomban a lófélékben előforduló *Staphylococcus*-fajok rezisztencia-viszonyait kívántam vizsgálni.

A dolgozatom céljaként egyúttal azt is meghatároztam, hogy a bakteriológiai eredmények lehetséges hátterét is vizsgálom a One Health (Egy Egészség) szemléletmód alkalmazásával. Ezért az állományokról a közvetlen tartási és állategészségügyi adatok mellett a személyforgalomra, illetve a vadállománnyal való kapcsolatukra vonatkozó adatokat is igyekeztem összegyűjteni.

Az eredmények statisztikai elemzését követően javaslatokat fogalmaztam meg a további kutatási irányokra, illetve arra vonatkozóan, hogy milyen további tudományterületek ismeretanyagának bevonása válhat szükségessé a kapott eredmények pontosabb hátterének felderítése érdekében.

## 2. Szakirodalmi áttekintés

### 2.1 A „One Health” szemléletmód

Az Egy Egészség (One Health) eredete évszázadokra visszanyúl, mely az emberek és az állatok kölcsönös függőségén, valamint azon a felismerésen alapszik, hogy megosztják egymással nemcsak ugyanazt a környezetet, hanem számos fertőző betegséget is (Zinsstag és mtsai, 2012).

A One Health egy olyan a holisztikus megközelítés, amikor egy egészségügyi problémára úgy tekintünk, mint ami az emberek, állatok és a környezet egészségét egyaránt veszélyezteti. Tágabb értelemben ezt úgy is értelmezhetjük, hogy az emberi egészség függ az állatok és a környezet egészségétől is. Egyes betegségek lefolyása nagyon hasonló lehet az emberekben és állatokban egyaránt. Köztudott, hogy számos baktérium az emberekben és állatokban szintén előfordulhat, valamint a környezetünkben is jelen lehetnek, ahol fertőzéseket okozhatnak. Antroponózis alatt az emberről állatra terjedő betegségeket értjük, ugyanakkor az állatról emberre terjedő fertőzéseket zoonotikus pathogének okozzák, mely elnevezés a 19.századi orvostól, Rudolf Virchow-tól származik. Woolhouse és Gowtage-Sequeria (2005) becslései szerint az elmúlt évtizedekben felbukkanó vagy újra felbukkanó emberi fertőző betegségek mintegy 75%-a zoonotikus.

Éppen ezért, a One Health szemlélet integrált, több nézőpontú megközelítést igényel a zoonózisok és antroponózisok vizsgálatához, ezen betegségek terjedésének, illetve rezervoárjának meghatározásához, mivel a „rezervoár” és a gazdaszervezetek közötti átvitel azonosítása kulcsfontosságú lehet a hatékony közegészségügyi politika szempontjából. Az Egy Egészség koncepció egésze alatt az állatorvosok felelőssége a zoonózisok monitoringja, a társállatok hordozta járványtani kockázatok azonosítása, az élelmiszerekkel terjedő kórokozók és a szermaradványok vizsgálata annak érdekében, hogy biztosítsák a biztonságos állati termékeket, az emberi fogyasztásra szánt élelmiszereket, és nem utolsósorban, hogy javítsák az emberek egészségét (Lipman és van Kappen, 2009; World Veterinary Association, 2016).

Maga a „One Health” koncepció az elmúlt évtizedben nemzetközi lendületet vett, mely során több egészségügyi tudományi ágazat, valamint a hozzájuk kapcsolódó tudományágak és intézmények- legyen az helyi, nemzeti vagy globális szinten működő - az emberek, a házi állatok, a vadon élő állatok, a növények és a közös környezetünk optimális egészségének eléréséért és annak megőrzéséért tesznek erőfeszítéseket nap, mint nap (One Health

Commission, 2018).

Az Egy Egészség szemléletmód, az emberek, az állatok és a környezet interaktív "egészségügyi háromszögét" fogalmazza meg, széles körben elismert és támogatott az állategészségügyi jogszabályok és szervezetek által (Chaddock, 2012; Mazet és mtsai, 2006; Lipman és van Kappen, 2009; Burke és mtsai, 2013; Mor és mtsai, 2013; Smith, 2013; Villoch, 2013). Az USA által elindított és több mint 40 ország által támogatott globális egészségügyi agenda szintén az Egy Egészség megközelítést hangsúlyozza (Stärk és mtsai, 2015).

## **2.2 Az antimikrobiális rezisztencia áttekintése**

Az antimikrobiális rezisztencia (AMR) akkor lép fel, ha egy mikrobaközösség (baktériumok, vírusok, élősködők, gombák) ellenállóvá válik azokkal a gyógyszerekkel szemben, amelyekkel korábban kezelni lehetett őket, így a kezelés kevésbé hatásossá vagy teljesen eredménytelenné válik. Ez a jelenség világszerte komoly egészségügyi problémát és fenyegetést jelent (WHO, 2018).

Az antimikrobiális rezisztencia elleni küzdelem nagyon összetett. Nehéz biztosítani a fertőzések megfelelő megelőzését és annak elhárítását szolgáló intézkedések gyakorlati végrehajtását. Kihívást jelent az antimikrobiális szerek körültekintő alkalmazása, azaz a megfelelő hatóanyag helyes és csakis szükség esetén történő használata is. Az antimikrobiális rezisztencia természetes módon, általában genetikai módosulások révén alakul ki az idő előrehaladtával, viszont ez a folyamat felgyorsulhat, ha az antimikrobiális szereket túlzott mértékben és helytelenül használják, tehát amikor nem a megfelelő hatóanyagot és nem a megfelelő időben és dózisban alkalmazzák. (WHO, 2018.)

Mint azt már a korábbiakban részleteztem, az antimikrobiális rezisztencia (AMR) összetett és sokrétű probléma, amely veszélyezteti az emberi és állati egészséget, a globális gazdaságot, valamint a nemzeti és globális biztonságot. Ezt Klein és mtsai (2018) állítása is alátámasztja, miszerint az AMR jelensége világszerte növekszik, ezzel egy olyan globális szintű problémát okozva, ami a fent említett kockázatok mellett tovább veszélyezteti az egészségügyet, a fejlődést és az élelmiszer-biztonságot egyaránt.

Mikrobiológusok és szakemberek, akik a fertőző betegségekkel foglalkoznak, már régóta felismerték az AMR okozta gondokat. E gyógyszerkészítmények túlzott mértékű használata, mind a humán-, mind az állatgyógyászatban, valamint a mezőgazdaságban történő

felhasználása jelentheti a fő problémát, amit kezelni kell (O'Neill 2016; Aarestrup és mtsai, 2008).

A túlzott használat mellett vannak még olyan fő tényezők, amik elősegíthetik a rezisztens baktériumok és génjeik helyi és globális terjedését (Holmes és mtsai, 2016). Ezek közé tartozik például a rossz vagy a nem megfelelő higiéniai szemlélet, a környezetszennyezés, valamint a fertőzött emberek és állatok ki-be lépése az egyes országból (Burow és Käsbohrer, 2017; Marti és mtsai, 2014).

Bárhol, ahol antimikrobiális szereket alkalmaznak, kialakulhat egy környezeti rezisztencia rezervoár, ami egy olyan élőhely, amelyben a gyógyszerhatóanyagokkal szemben rezisztens kórokozó természetes módon él és szaporodik és ahonnan kikerülve betegséget képes előidézni. Ez a rezervoár lehet ember, állat, növény, talaj, de például az olyan szennyeződések is, mint a szennyvíz, gyógyszeripari hulladékok és a mezőgazdasági üzemekben lévő trágya is (Marti és mtsai, 2014; Huijbers és mtsai, 2015).

### **2.3 A *Staphylococcus aureus***

A *Staphylococcus aureus*, ezen belül is különösen a meticillinrezisztens *S. aureus* törzsek az olyan jelentős kórokozók közé tartoznak, amelyek képesek mind az embereket, mind az állatokat megfertőzni. A *S. aureus* az egyik legfontosabb opportunist kórokozó, ami azt jelenti, hogy a megfertőzött gazdaszervezetet csak bizonyos gyengítő tényezők hatására képes megbetegíteni. Gyakran társul szarvasmarhák, juhok és kecskék tüdőgyulladásához, krónikus fertőzéseket okozva a teheneknél, valamint klinikai és szubklinikai fertőzéseket előidézve a kecskék és juhok esetében. A legtöbb fertőzés a házi állatok körében a bőrt és lágszöveteket érinti, de a műtéti sebek posztoperatív fertőzései is igen gyakoriak (Peton és Le Loir, 2013)

A *Staphylococcus aureus* számos virulenciafaktort képes hordozni, amelyek elősegítik a szervezetben történő megtelepedést és a baktériumok növekedését. Ezek mindegyike összefüggésbe hozható a *S. aureus* eredetű fertőzések súlyosságával. Az egyik ilyen virulenciafaktor a Pantone-Valentine leukocidin (PVL). Ez egy citotoxin, ami a leukociták pusztulását és szöveti nekrozist okoz a *Staphylococcus* által kolonizált/fertőzött bőrön, súlyosabb esetekben még tüdőfertőzések kialakulásához is vezethet (Peton és Le Loir, 2013; Argudin és mtsai, 2010). Egyéb fontos virulenciafaktorok a toxikus sokk szindrómát okozó toxin (TSST-1) és a *Staphylococcus* enterotoxinok (SE), amelyek ételmérgezésért felelősek (Argudin és mtsai, 2010).

Fontos figyelembe venni a *S. aureus* antibiotikum rezisztencia megszerzésének képességét is. Legfőképpen a meticillin-rezisztens *S. aureus* (MRSA) okoz jelentős kihívást a terápiás kezelések során, de a gyógyszerszedés és adagolás szempontjából is fontos, ugyanis ez a jelenség növekvő gyakorisággal fordul elő a súlyosabb fertőzések következtében.

E baktériumfaj epidemiológiáját és ökológiáját az utóbbi években egyre nagyobb érdeklődés övezi, nem csak az állatgyógyászatban betöltött szerepe miatt, hanem a zoonózis-potenciáljára vonatkozó bizonyítékok miatt is. A *S. aureus* jelenléte az állatokban fontos szerepet játszik a járványtanban és a pozitív állatokkal, különösen az MRSA-hordozókkal való érintkezés kockázatot jelenthet az emberi egészségre (Weese, 2010; Graveland és mstai, 2011; Fitzgerald, 2012).

A molekuláris tipizálási technikák kimutatták, hogy az állatokból származó izolátumok hasonló tulajdonságokkal rendelkeznek, mint az azonos földrajzi régióban elhelyezkedő humán izolátumok (Haenni és mtsai, 2012).

Az orrnyálkahártyán előforduló *S. aureus* és az egyéb *Staphylococcus* fajok által okozott megbetegedések kapcsolatáról először Danbolt számolt be 1931-ben, aki többek között a furunkulózist (bőrtüszőgyulladást) tanulmányozta (Solberg, 1965). Az ok-okozati összefüggést a *S. aureus* nazális hordozása és a fertőzés között alátámasztja az a tény, hogy az orrban lévő *S. aureus* törzs és a fertőző törzs ugyanazzal a fágtípussal/faktortípussal vagy genotípussal rendelkezik (von Eiff és mtsai 2001; Valentine és Hall-Smith, 1952). A kezelésként a baktériumok ellen használt gyógyszerek ideiglenesen dekolonizálhatják a nyálkahártyát és más testrészeket, ami megakadályozza a további fertőzések kialakulását (Kluytmans és Wertheim, 2005). Williams (1963) szerint általában a vestibulum, vagyis az orrnyílás elülső része a leggyakoribb hordozóhely (Williams, 1963).

A longitudinális, orrnyálkahártyából történt izolálások eredményei alapján elmondható, hogy a vizsgált emberek kb. 20%-a állandó *S. aureus* hordozó, 30%-uk ideiglenes hordozó és körülbelül 50% nem hordozza egyáltalán a baktériumot (Kluytmans és mtsai, 1997; Eriksen és mtsai, 1995; Nouwen és mtsai, 2004; Hu és mtsai, 1995).

Crossley és Archer (1997) kutatásai rávilágítottak, hogy a *S. aureus* baktériumok hónapokig képesek túlélni bármilyen típusú felületen (Crossley és Archer, 1997). Az emberi fertőzések hátterében nagyon sok esetben a kezek játszanak elsősorban szerepet. Az orr környékének megérintésével könnyen elősegíthető az orrnyálkahártya kolonizációja is. Ritkább esetben a baktériumok közvetlenül, a levegőn keresztül is bekerülhetnek az orrjáratba (Solberg,



2000).

Számos tanulmány megállapította, hogy bizonyos polipeptid antibiotikumok csak csekély mértékben hatnak a *S. aureus* ellen, illetve a hatóanyagcsoportba tartozó más szerek szükségesek az antibakteriális hatás eléréséhez (Nagaoka és mtsai, 2000; Ong és mtsai, 2002). A nazális antimikrobiális peptidek nem mindig képesek mentesíteni az orrot a *S. aureus*tól. Erre a következő magyarázatok adhatók:

1. orr anatómiája

2. a staphylococcusok rezisztenciája a legtöbb antimikrobiális szerrel szemben (Cole és mtsai, 2001)

A *S. aureus* túlnyomórészt olyan területen kolonizálódik, mint a vestibulum nasi, ugyanis az orr ezen területe még mentes a csillóktól és többnyire az ornyálkahártya váladékától is, amelyekbe kiválasztódhatnak az antimikrobiális szerek, illetve amely tartalmazza a lokális immunválaszban szerepet játszó immunglobulinokat (Cole és mtsai, 2001).

## **2.4 A staphylococcusok által a lófélékben okozott egészségügyi problémák**

A staphylococcusok alkotják az egyik legfontosabb baktériumcsoportot, amelyek az emlősök bőréről és nyálkahártyáiról izolálható. A *S. aureus* lehet ártalmatlan, a bőrön és a nyálkahártya felszínén élő kommenzalista, de megbetegedések széles spektrumát is okozhatja, kezdve a viszonylag enyhe bőrfertőzésektől az életveszélyes tüdőgyulladásig, szepszisig és szívbelhártya-gyulladásig (Schwarz és mtsai, 2018; Oliveira és mtsai, 2018; Khan és mtsai, 2018).

Számos különböző *Staphylococcus* fajt mutattak ki lovakban, beleértve a *S. aureus* és a *Staphylococcus delphini*, koaguláz-pozitív fajokat, de számos koaguláz-negatív *Staphylococcus* is előfordul (Kaspar és mtsai, 2019; Schwarz és mtsai, 1998). Ezenfelül a *Staphylococcus delphini* és *Staphylococcus intermedius* a lófélék családjába tartozó szamarakban is észlelték (Bannoehr és mtsai, 2009; Ben Zakour, 2012). Egy korábbi vizsgálat során megfigyelték, hogy a *Staphylococcus aureus* az egészséges szamarak orrának gyakori kolonizálója. Több ilyen eset előfordulását is igazolták Tunéziában (Gharsa és mtsai, 2012). Vágóhídon gyűjtött szamar mintákban *Staphylococcus* fajokat izoláltak orrüregek nyálkahártyájáról. A kinyert izolátumokat a genetikai hátterük, az antimikrobiális rezisztencia és virulencia-génjeik alapján vizsgálták. A kutatás alapján kiderült, hogy a szamarak is gyakran kolonizálódnak olyan

koaguláz-pozitív staphylococcusokkal, mint például a *S. aureus* (40%) és *S. intermedius* (21%) (Gharsa és mtsai, 2012).

Az elmúlt évek folyamán több olyan tanulmány is készült, amely a *S. aureus*sal és különösen a meticillin-rezisztens *S. aureus*sal (MRSA) volt kapcsolatos (Cuny és mtsai, 2017; Aires-de-Sousa és mtsai, 2017). Az utóbbiról több kutató is arról számolt be, hogy sok esetben az MRSA és meticillin-rezisztens koaguláz negatív *Staphylococcus* (MRCNS) törzsek állnak az emberekben és állatokban kialakult fertőzések háttérében (Deurenberg és Stobbering, 2008; Haeni és mtsai., 2010).

A *Staphylococcus aureus* törzsek közül a meticillin-rezisztens törzsek a legjelentőségteljesebbek. Érkeztek MRSA-izolátumokról szóló jelentések Kanadából, az Egyesült Államokból (Hartmann és mtsai, 1997, Weese és mtsai., 2005), Írországból (O'Mahony és mtsai, 2005), Ausztriából (Cuny és mtsai, 2006) és Malajziából (Zunita és mtsai, 2008). Baptiste és munkatársai jelezték, hogy a meticillin-rezisztens *Staphylococcus aureus* fontos kórokozónak számít a lófélékben. Busscher és munkatársai (2006), valamint Vengust és munkatársai (2006) tanulmányaikban arról számoltak be, hogy a lovak esetében a lovak *S. aureus* fertőzöttsége 0-16% közé esett, ugyanakkor a lovakkal foglalkozó emberek esetében ez az arány 13% volt, míg az állatklinikákon dolgozó személyekben mérhető fertőzési prevalencia 9,7%-nak bizonyult. Corrente és munkatársai (2009) arról is beszámoltak, hogy meticillin-rezisztens *Staphylococcus epidermidis* törzset izoláltak egy csonttrikulással együtt élő lóból.

Kettőezer-öt óta az állattartással összefüggő MRSA (livestock associated LA-MRSA), ami Európában a CC398 variánshoz köthető, közegészségügyi kérdéssé vált, mivel állatokon és embereken is meg tud telepedni. Fontos megemlíteni, hogy a LA-MRSA törzsek gyakran okoznak a humán sebfertőzéseket, mély tályogokat, bőrgyulladást és nem ritkán bakteriémiát (Pantosi, 2012; Köck és mtsai, 2013).

Az elmúlt 20 év során számos átfogó és több esettanulmány jelent meg, melyek az MRSA világméretű elterjedésére utalnak. Számos baktériumot izoláltak lóból szűrővizsgálatok során. E vizsgálatok keretében a bőrből és ornyálkahártyából izolált baktériumok közül a *Staphylococcus sciuri* és a *Staphylococcus xylosus* kerültek elő legnagyobb számban. (Scott és Miller, 2011; Matsuo és mtsai, 2001)

Vizsgálattal igazolták, hogy a *S. aureus* a lovak normál bőrmikrobiótájának része (Marsella, 2019). Napjainkra igazolódott, hogy a *S. hyicus* és a *S. delphini* is a lovak bakteriális közösségének fő *Staphylococcus* fajai (Marsella, 2019; Scott és Miller, 2011).

Egy 2008-2018. között végzett retrospektív vizsgálatban québeci állatorvosi oktatókórházban tartott lovak mintáit vetették alá bakteriológiai vizsgálatnak. Ennek keretein belül egyrészt baktériumtenyésztést végeztek, másrészt meghatározták az izolált baktériumok antibiogramját. A beküldött mintából az izolált staphylococcusok közel 60%-a *Staphylococcus aureus* volt, amelyek 35%-a meticillin-rezisztens volt. Érdekes módon ebben a vizsgálatban az MRSA 87,5%-át a vizsgálati időszak utolsó négy évében (2015-2018.) között izolálták, ami azt mutatja, hogy e patogén előfordulási gyakorisága rendkívüli módon megnövekedett az elmúlt években (Roudaud és mtsai, 2020).

Egy másik, korábban közzétett tanulmány szerint, mely a nyugat-kanadai lovakban az MRSA, ornyálcakártyán történő előfordulási gyakoriságát vizsgálta. A 458 orrtamponból csak hat esetben igazolták MRSA jelenlétét (Tokateloff és mtsai, 2009).

Egy, a közelmúltban megjelent tanulmányból az is ismerté vált, hogy a *S. aureus* által okozott pyodermák súlyosságát nagyon sok esetben az befolyásolja, hogy a kórokozó milyen virulenciafaktorokkal, azon belül milyen toxintermelő képességgel rendelkezik (Lakhundi és Zhang, 2018).

A *Staphylococcus* fajok által okozott bőrfertőzés gyakran másodlagos, melynek megeredését a bőr védőrétegét károsító tényező teszi lehetővé. Ilyen lehet például valamilyen külső élősködő általi fertőzés, a bőr felázása, allergiás bőrgyulladás, vagy mechanikai sérülés. Immunológiai szempontból pedig beszélhetünk iatrogén, nem iatrogén vagy metabolikus rendellenességről (Scott és Miller, 2011).

### 3. Anyag és módszer

#### 4.1 A vizsgált gazdaságok

Vizsgálatunkat 2023. február és június között végeztük el Somogy megyében. Összesen négy állattartó helyről 86 állat ornyálkahártyájáról vettünk mintát, melyekből célzottan *Staphylococcus* fajok izolálását végeztük.

A mintákat biztosító állattartó telepek mind a környezetükben, mind pedig a tartott állatfajok számában és hasznosításában jól elkülönültek egymástól (1. Táblázat).

1. Táblázat. A mintavételi helyek jellegzetességei.

<b>mintavételi hely</b>	<b>vizsgált faj</b>	<b>mintaszám</b>
NDSZ	szamár	36 (22,5%)*
NDG	ló	8 (50%)
NDK	ló	17 (100%)
NDM	ló	25 (89,3%)

\*A zárójelben lévő szám a vizsgált állatok aránya a faj teljes állományhoz képest.

NDSZ: szamárállomány, Bószénfa; NDG: hidegvérű lóállomány, Gálosfa; NDK: lovardai sportlóállomány, Kaposvár, déli (zselici) városhatár; NDM: lovardai sportlóállomány, Kaposvár, nyugati városrész

A vizsgált állományok közül kettő (NDSZ, NDG) vidéki környezetben található. A gazdaságok Kaposvártól délre, a Zselicben fekszenek, környezetüket alapvetően a körülöttük fekvő erdők, gyepek és szántóföldek jellemzik. A NDSZ állományban parlagi szamarakat vizsgáltunk, ahol a fajt alapvetően a fajtafenntartás céljából tartják.

A NDG gazdaság alapvetően egy hobbi célú állomány. Az állatokat körbekerített, kis mértékben erdősült legelőkön tartják. Itt a vizsgált faj ló volt, amelyek húsmarhákkal voltak a közös legelőterületeken tartva. Az állatokkal a gondozókon és a tulajdonoson kívül csak az állatorvos, illetve a patkolókovács érintkezik rendszeresen, ami összesen kb. 8-10 embert jelent.

Az másik két vizsgált lóállományt Kaposváron (NDM), illetve a várost határoló erdei környezetben (NDK) tartják. Az állatokat mindkét gazdaságban sportcéllal tartják, a

lovasiskolákban napi rendszerességgel használják őket, illetve rendszeresen vesznek részt lovasversenyeken is.

## 4.2 Mintavétel

A mintavételhez az állatokat az őket gondozó személyek segítségével óvatosan rögzítettük. Az ismerős személy jelenléte miatt az egyedek gyorsan megnyugodtak, a beavatkozást jól tűrték. A mintavételhez steril Cary-Blair transzport táptalajt tartalmazó mintavételi szettet alkalmaztunk (Deltalab, Barcelona, Spanyolország). A mintavételi csomagot közvetlenül a mintavétel előtt bontottuk ki. A mintavevő pálcát megfelelően rögzített állat orrnyílásába helyeztük és az orrüreg nyálkahártyát óvatosan áttörölve levettük a mintát (1. Ábra).

1. Ábra. Mintavétel az orrnyálkahártyáról.



A mintavételi csőre feljegyeztük a mintavétel időpontját, a gazdaság és az állat azonosító kódját. A további feldolgozás során a mintákat az azonosító kódjuk alapján egyedileg kezeltük (2. Ábra). A mintavétel után az izolátumokat a lehető leghamarabb a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campusának mikrobiológiai laboratóriumába szállítottuk.



2. Ábra. Egyedileg jelölt minták a mikrobiológiai laboratóriumban.

### 4.3 Inkubálás, identifikálás és fenotípusos rezisztencia meghatározása

A laboratóriumi feldolgozás első lépéseként a mintavevő pálcákat kiemeltük a táptalajt tartalmazó csőből és steril ollóval elvagtuk annak szarát oly módon, hogy a lehulló, baktériumokat tartalmazó mintavételi fej egy steril, kb. 5 ml 10% NaCl-ot tartalmazó pufferelt pepton oldatot tartalmazó kémcsőbe essen. A magas sótartalom az egyéb baktériumok szaporodásának gátlását szolgálta, mivel a *Staphylococcus* nemzetségbe tartozó fajok halotoleránsak (sótűrők). Ezután a mintát tartalmazó csöveket 48 órán keresztül 36 °C-on inkubáltuk.

Az inkubálás után a mintákat Vortex segítségével alaposan összeráztuk, majd a homogenizált szuszpenzióból steril kaccsal kioltást végeztünk a *Staphylococcus* fajok tenyésztéséhez ajánlott 7,5% NaCl-ot tartalmazó mannitos sós agaron (MSA) (3. Ábra). Az MSA lemezeket 72 órán át 36 °C-on inkubáltuk, 24 óránként ellenőrizve a telepek növekedését. A lemezen kinövő telepek morfológiáját, illetve azok mannit-bontó képességét értékeltük. Az inkubációs idő elteltével a jellegzetes telepmorfológiát mutató telepeket (fehér vagy sárgás színű, szabályos kör alakú, ép szélű, fényes, domború, nem nyálkás) telepszámláló

agarra (PCA; plate count agar) oltottuk át. A PCA-n kinőtt, tiszta tenyészetekből végeztük el a Gram-festést.

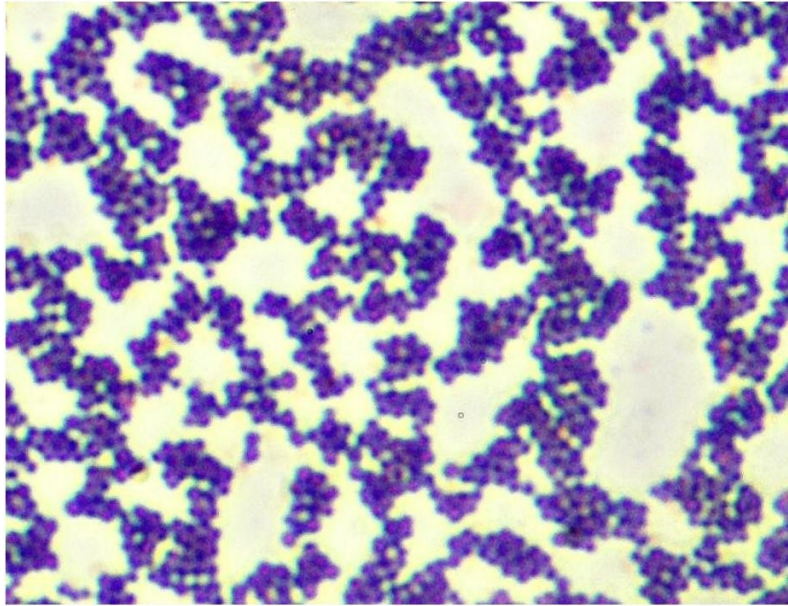
A Gram festéshez az MSA agaron kinőtt telepekről egy steril kaccsal egy-egy telepet leemeltünk, majd azt egy csepp desztillált vízzel egy tárgylemezen óvatosan szétterítettük. A kenet száradása után a keneteket láng felett fixáltik. A festést Gram-Nicolle Kit-tel végeztük el (RAL Diagnostics, Martillac, Franciaország) a következő lépésekkel:

1. A kenet lefedése kristályibolya oldattal (behatási idő 1 perc).
2. Óvatos, csapvizes lemosás.
3. A kenet lefedése jód oldattal (behatási idő 1 perc).
4. Óvatos, csapvizes lemosás.
5. A kenet csepegtetéses öblítése 96%-os etanollal (amíg a lemez felszínéről lecsepegő folyadék el nem színtelenedik).
6. A kenet lefedése fukszin oldattal (behatási idő 1 perc).
7. Óvatos, csapvizes lemosás, majd szárítás.



**3. Ábra.** Kioltás MSA (mannitol-salt-agar) agarra

A Gram festés eredményét biológiai mikroszkóppal 400x és 1000x nagyításon értékeltük. A további vizsgálatokba csak a sötétkéken/ibolya színűen festődő, gömb (coccus) formát mutató törzseket vontuk be (4. Ábra).



**4. Ábra.** Gram pozitív, gömb (coccus) alakú baktériumok.

Amennyiben egy izolált törzs *Staphylococcus* fajokra jellemző alakú, Gram pozitív baktériumokból állt, ismét PCA-ra oltottuk át, majd 18 órára (36 °C) inkubátorba helyeztük, hogy az identifikáláshoz és a fenotípusos rezisztencia meghatározásához szükséges korú tenyészeteket nyerjünk.

A fajmeghatározást és a fenotípusos rezisztencia meghatározását VITEK 2 Compact berendezéssel végeztük el (bioMérieux, Crappone, Franciaország). A két vizsgálat a gyártó cég protokollja szerint történt (Funke és Funke-Kissling; 2005, Pincus, 2006;). A készülék egy automatizált mikrobiológia rendszer, amely a baktériumok növekedésén alapuló mérési technológiát alkalmaz. A baktériumok fajsztintú izolálásához a készülékhez fejlesztett GP ID kártyát használtuk. Ezek a reagenskártyák 64 db kis üreggel rendelkeznek, amelyek mindegyike tartalmazhat egy egyedi szubsztrátot. A szubsztrátok a baktériumok növekedése és anyagcseréje révén átalakulnak: savasodásuk, lúgosodásuk, enzimatis le bomlásuk, vagy a baktériumok növekedését gátló hatásuk révén utalnak arra, hogy a kártya üregeiben milyen baktériumfaj kolóniája növekszik. A kártya mindkét oldalán áttetsző, optikailag tiszta fólia található, amely lehetővé teszi a megfelelő oxigénáteresztést, miközben egy olyan a zárt közeget teremt, amely megakadályozza a szubsztrát, egyéb anyagokkal és baktériumokkal való szennyeződését. Minden kártya rendelkezik egy előre behelyezett transzfercsővel, amelyet a



kártya beoltásához használnak. A kártyák vonalkóddal vannak ellátva, amelyhez a termék típusára, tételszámára, lejárat dátumára vonatkozó adatok vannak hozzárendelve, illetve a vonalkódok egyedi azonosító szerepet is betöltenek. Így a kártyákba juttatott minták a vizsgálat teljes ideje alatt és a kiértékelés során is teljes biztonsággal azonosíthatók maradnak. Az identifikáláshoz előzetesen egy baktérium szuszpenziót készítettünk, amelyhez 16-24 órás baktérium telepeket szükséges használni.

Első lépésként a baktériumok koncentrációját állítottuk be. Ehhez steril kaccsal általában egy telepet homogenizáltunk 3 ml 0,45%-os sóoldatban. A koncentrációmérést a gyártó (bioMérieux) DensiCheck berendezésével végeztük. A készülék a szuszpenzió McFarland turbiditását mérte. Amennyiben a mért érték a 0,5-0,63 közé esett, a minta alkalmas volt a további vizsgálat elvégzésére. A VITEK 2 Compact készülékbe helyezett szuszpenziót a gép egy vákuumkamrában a kártyába szivattyúzta, majd elkezdődött a fajmeghatározást elősegítő inkubálás. Ez a folyamat fajtól és a minta detektálhatóságának mértékétől általában 5-8 órát vett igénybe a gép által biztosított 35,5 °C-on. A folyamat során a készülék minden 15. percben minden egyes behelyezett kártya esetében kolorimetriás mérést végzett a 64 reakcióegységben. A fajmeghatározás az inkubálás során leolvasott színváltozások alapján történt, amihez a készülék a gyártó saját identifikáló adatbázisát használta.

Az antibiotikum érzékenységi teszthez (antibiotics sensitivity test – AST) a VITEK 2 Compact készülékhez fejlesztett AST-P592 jelű kártyát használtuk a gyártó ajánlása szerint. A teszt során először egy hasonló szuszpenziót készítettünk, mint amit az azonosításnál is alkalmaztunk (3 ml 0,45%-os sóoldat, 0,5-0,63 McFarland érték), majd ebből 270 µl-nyi mennyiséget 3 ml 0,45%-os sóoldatba pipettáztunk, és azt alaposan homogenizáltuk. Ezután helyeztük be az AST kártyával együtt a készülékbe. A használt kártya 17féle antibiotikumra való érzékenységet tudott egyszerre vizsgálni *Staphylococcus* fajokon (cefoxitin-CEF, benzilpenicillin-B-PEN, oxacillin-OXA, gentamicin-GEN, moxifloxacin-MOX, eritromicin-ERY, klindamicin-KLIN, linezolid-LIN, teikoplanin-TEI, vankomicin-VAN, tigecklin-TIGE, foszfomicin-FOM, fuzidinsav-FUZ, rifampicin-RIF, trimetoprim-TRI). Mindegyik antibiotikum három különböző koncentrációban volt megtalálható a kártyában, illetve egy olyan lyuk is volt, amelyben a baktériumok növekedését semmi nem gátolta (növekedés pozitív kontrollja). Az inkubálás során a gép rendszeresen (15 perc) végzett ellenőrző méréseket, melyek során a pozitív kontrollt tartalmazó lyukakat és a többi, antibiotikumot tartalmazó lyukakat ellenőrizte. A lyukakban található szaporodás következtében, az abban található szuszpenzió áttetszősége megváltozott, ami az izolátum, adott antibiotikummal szembeni

érzékenységét vagy rezisztenciáját jelezte. A leolvasások elemzéséből a készülék meghatározta az egyes szerekkel szembeni rezisztencia mértékét, amit a minimum gátlási értékkel (minimum inhibitory concentration -MIC) fejezet ki.

#### 4.4 Statisztikai analízis

Az elemzés során megállapítottuk, hogy az egyes tenyészetekből hányféle *Staphylococcus* fajt sikerült izolálni, illetve azt, hogy az egyes izolátumok mely antibiotikumra voltak rezisztensek. Ezeket az értékeket az előfordulási gyakoriságukkal fejeztük ki. A további elemzés során egy bináris lineáris regressziós modellt használtunk, hogy megismerjük milyen magyarázó változók okozhatták a *Staphylococcus* fajok sokféleségét. A különböző antibiotikumokkal szembeni rezisztencia alakulását egy általánosított lineáris modellt használva elemeztük. Az első modellben az egyes állományok egyedeiben előforduló baktériumfajok száma (STAPH) volt a függő változó. A másodikban – baktériumfajtól függetlenül – az egyes gazdaszervezetekből izolált törzsek hányféle antibiotikumra nézve voltak rezisztensek (REZ). A modellek építése során öt magyarázó változó hatását vizsgáltuk, amelyek közül három, a gazdafajt (FAJ), a tartási hely környezetét (DIV) és az állattartó telepet látogatók éves létszámát (HUM) jellemezte. Az egyes változók esetében a következő jelölési kategóriákat állapítottuk meg:

- FAJ: 1=szamar, 2=ló
- DIV: 1=az állattartás városi környezetben, zárt területen történik, 2=az állattartás városi környezetben, de a telep közvetlenül természetes élőhelyekhez kapcsolódik, 3= az állattartás vidéki, természetes élőhelyen történik,
- HUM: 1= 20-30 ember; 2= 30-60 ember; 3=60-100 ember; 4= több, mint ezer ember

Két változó metrikus volt, a gazdaszervezet életkora (KOR) és az adott tenyészetben a mintázott állatokkal foglalkozó emberek száma (DOLG). Utóbbi kiszámításhoz az elmúlt öt évet vettük alapul. Az egyes állatokhoz rendelt érték megállapításakor azokat a személyeket vettük számításba, akik: 1.) vagy napi kapcsolatban voltak az állatokkal, 2.) vagy legalább 2 hónapot foglalkoztak az állatokkal egy éven belül az öt éves periódus alatt. A statisztikai számításokat az SPSS szoftver 27 verziójával végeztük.

## 4. Eredmények és értékelésük

### 4.1 Izolált fajok

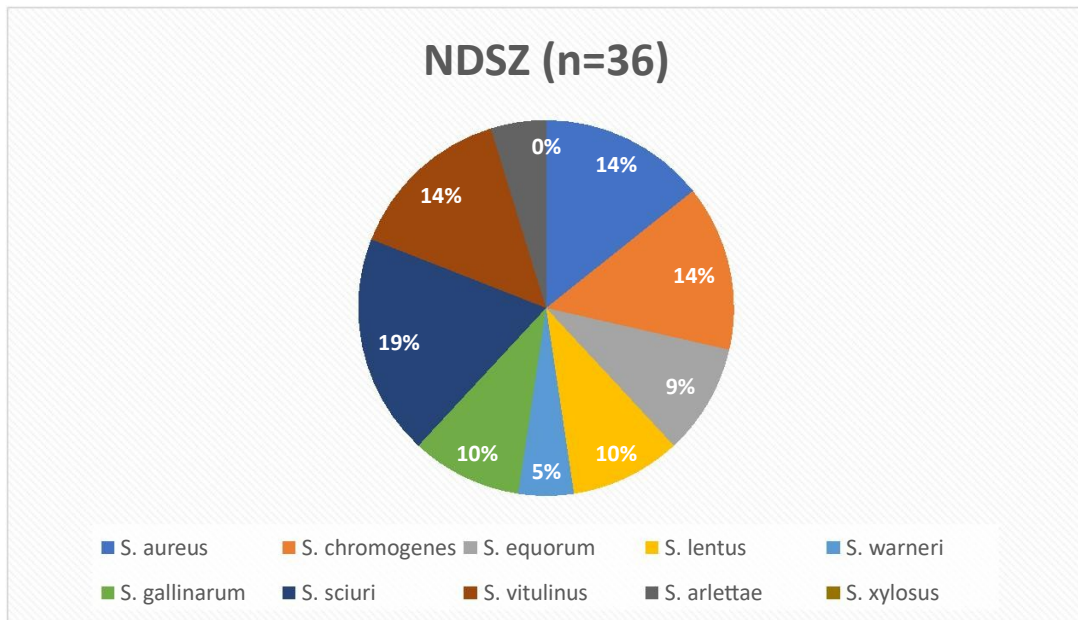
Az elemzés során összesen 10 féle *Staphylococcus* fajt sikerült izolálni: *S. aureus*, *S. chromogenes*, *S. equorum*, *S. lentus*, *S. warneri*, *S. gallinarium*, *S. sciuri*, *S. vitulinus*, *S. arlettae*, *S. xylosus* (2. táblázat). Ezen fajok előfordulását vizsgáltuk az egyes állományokon belül. A 86 egyedből összesen 3 szamarban találtuk meg a *S. aureus* fajt. A *S. lentus* faj szintén csak a szamarállományból került elő 2 egyedből. A *S. gallinariumot* és a *S. vitulinust* tekintve 6-6 egyedből tudtunk izolátumot nyerni. Az imént említett baktériumfajok szamarakban és lovakban is egyaránt megtalálhatóak voltak. Egyedül az NDM állományában nem találtunk rájuk példát. Mindössze 5 egyedből izoláltunk *Staphylococcus sciuri-t* és 1 egyedből *Staphylococcus arlettae-t*. Az utóbbi szintén csak szamarakból származik.

Az NDM állomány kitűnik a többi állomány közül, mivel ez esetben csak *Staphylococcus xylosust* tudtunk kimutatni. A legnagyobb számban izolált baktériumfaj szintén a *Staphylococcus xylosus* volt, melyet összesen 28 egyedből izoláltunk, valamint ez az egyetlen baktériumfaj, amit a szamarakból nem sikerült izolálni.

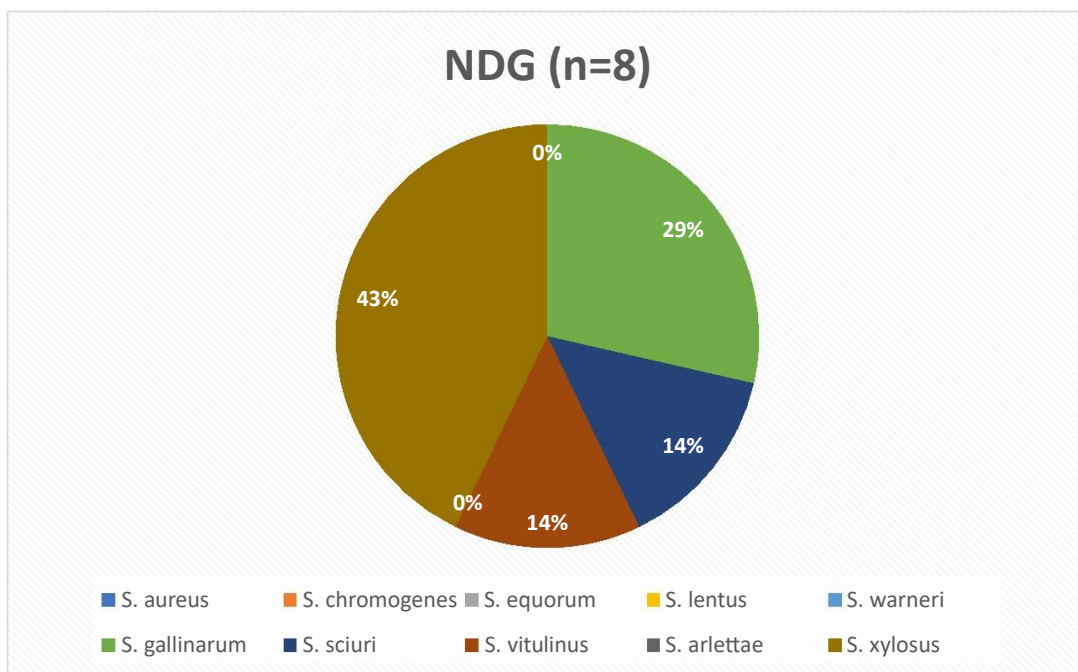
### 2. Táblázat. Izolált baktériumok és azok előfordulásának gyakorisága

izolált baktérium	NDSZ (n=36)	NDG (n=8)	NDK (n=25)	NDM (n=17)	izolált fajok előfordulásának gyakorisága
<i>S. aureus</i>	3	0	0	0	3
<i>S. chromogenes</i>	3	0	0	0	3
<i>S. equorum</i>	2	0	1	0	3
<i>S. lentus</i>	2	0	0	0	2
<i>S. warneri</i>	1	0	2	0	3
<i>S. gallinarum</i>	2	2	2	0	6
<i>S. sciuri</i>	4	1	0	0	5
<i>S. vitulinus</i>	3	1	2	0	6
<i>S. arlettae</i>	1	0	0	0	1
<i>S. xylosus</i>	0	3	11	14	28

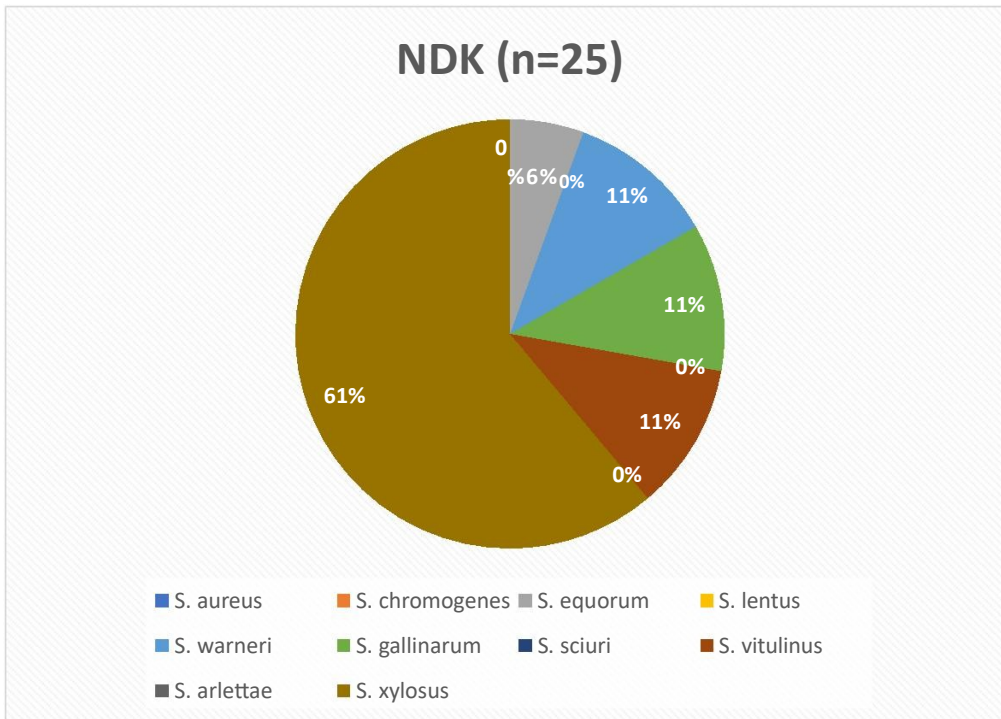
A 5-8. Ábra mutatja be, hogy az egyes állományokon belül százalékos arányban milyen mértékben voltak jelen az egyes baktériumfajok.



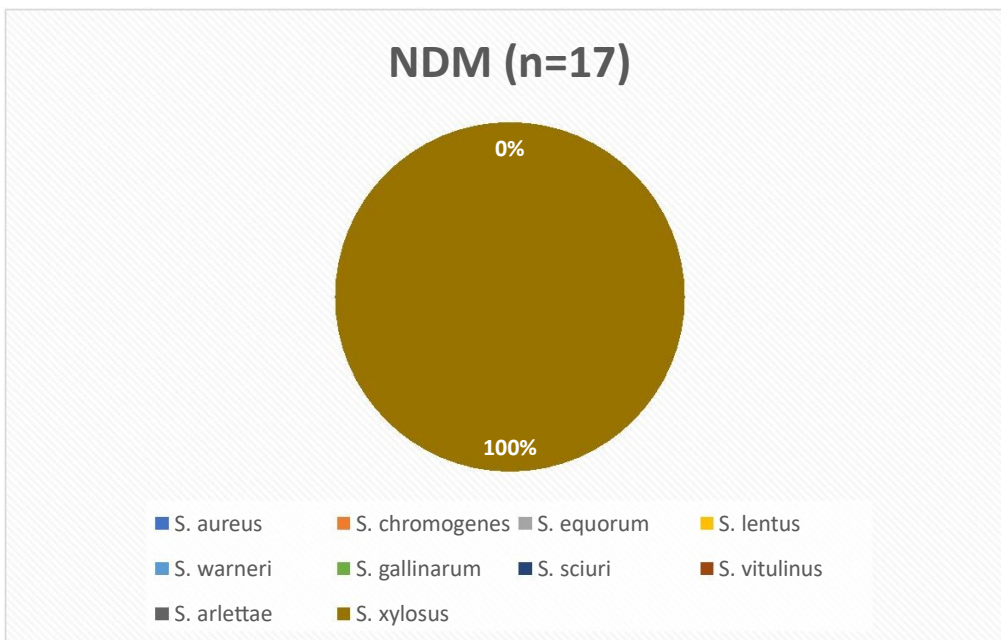
**5. Ábra** NDSZ állományon belül izolált baktériumfajok százalékos aránya



**6. Ábra** NDG állományon belül izolált baktériumfajok százalékos aránya



7. **Ábra** NDK állományon belül izolált baktériumfajok százalékos aránya



8. **Ábra** NDM állományon belül izolált baktériumfajok százalékos aránya

## 4.2 Antibiotikum érzékenységi teszt (AST)

Az antibiotikum érzékenységi eredmények alapján elmondható, hogy mindegyik állományból sikerült olyan *Staphylococcus* fajt izolálni, amely legalább egy antibiotikummal szemben rezisztens volt. A következő táblázat azt hivatott ábrázolni, hogy a 4 állományon belül vizsgált törzsek melyik antibiotikumokkal szemben mutatnak rezisztenciát (3. Táblázat).

**3. Táblázat.** Az egyes antibiotikumokkal szembeni rezisztencia előfordulása az *Staphylococcus* izolátumokban.

antibiotikum	NDSZ (n=26)*	NDG (n=5)	NDK (n=13)	NDM (n=7)	előfordulás
CEF	0	0	0	1	1
B-PEN	10	4	5	2	21
OXA	0	1	0	1	2
GEN	0	0	0	0	0
MOX	2	0	0	0	2
ERY	0	1	1	0	2
CLIN	4	1	1	0	6
LIN	0	1	0	0	1
TEI	1	0	0	0	1
VAN	0	0	0	0	0
TET	0	0	0	0	0
TIGE	0	0	0	0	0
FOM	11	2	5	2	20
FUS	4	5	2	0	11
RIF	0	0	0	0	0
TRIM	0	0	0	0	0

(\*A jelzett mintaszámok az állományokból *Staphylococcus* izolátumok számát jelölik.)

cefoxitin-CEF, benzil-penicillin-B-PEN, oxacillin-OXA, gentamicin-GEN, moxifloxacin-MOX, eritromicin-ERY, klindamicin-KLIN, linezolid-LIN, teikoplanin-TEI, vankomicin-VAN, tigeziklin-TIGE, foszfomicin-FOM, fuzidinsav-FUZ, rifampicin-RIF, trimetoprim-TRI

Az izolátumokban a penicillin (21 törzs) és a foszfomicin (20) rezisztencia fordult elő leggyakrabban. A GEN, VAN, TET, TIGE, RIF és TRIM esetében mindegyik izolátum

érzékeny volt. A fenotípusos rezisztencia diverzitása a két vidéki állományban volt kifejezett. Annak ellenére, hogy az NDG állományból csak nyolc lovat vizsgáltunk, a detektált törzsek közül összesen 7, míg az NDSZ-ben 6 antibiotikummal szemben igazoltunk rezisztenciát.

A *Staphylococcus* fajok közül a legtöbb hatóanyaggal szemben a *S. sciuri* és a *S. xylosus* tűnt ellenállónak. A két faj izolátumai 6-6 antibiotikummal szemben mutattak fenotípusos rezisztenciát (4. Táblázat).

**4. Táblázat.** Az egyes fajokban előforduló AMR diverzitása.

baktérium	antibiotikum
<i>S. aureus</i>	0
<i>S. chromogenes</i>	0
<i>S. equorum</i>	B-PEN (3)*, ERY (1), FOM (3), FUS (1)
<i>S. lentus</i>	B-PEN (1)*, MOX (1), FUS (2)
<i>S. warneri</i>	TEI (1), FOM (1)
<i>S. gallinarum</i>	B-PEN (5), FOM (5), FUS (2)
<i>S. sciuri</i>	B-PEN (5)*, MOX (1), CLIN (5), LIN (1), FOM (2), FUS (2)
<i>S. vitulinus</i>	B-PEN (3), FOM (6), FUS (2)
<i>S. arlettae</i>	B-PEN (1), CLIN (1), FOM (1)
<i>S. xylosus</i>	CEF (1), B-PEN (3), OXA (2), ERY (1), FOM (2), FUS (2)

\*A szám az adott antibiotikummal szembeni rezisztens izolátumok számát jelöli.

cefoxitin-CEF, benzil-penicillin-B-PEN, oxacillin-OXA, gentamicin-GEN, moxifloxacin-MOX, eritromicin-ERY, klindamicin-KLIN, linezolid-LIN, teikoplanin-TEI, vankomicin-VAN, tigeziklin-TIGE, foszfomicin-FOM, fuzidinsav-FUZ, rifampicin-RIF, trimetoprim-TRI

### 4.3 Statisztikai értékelés

#### 4.3.1 *A Staphylococcus baktériumközösség összetételét befolyásoló tényezők vizsgálata*

A *Staphylococcus* fajok sokféleségére ható tényezők meghatározása során a magyarázó változók közül (FAJ, DIV, HUM, KOR, DOLG) egy esetben sem igazolódott be szignifikáns hatás ( $p > 0,05$ ).

Az izolált *Staphylococcus* fajok számát tekintve a szamarállományból (NDSZ) származó izolátumok mutatták a legnagyobb diverzitást, míg a leginkább fajszegény baktériumközösséget a városi környezetben tartott lovardai lovakból (NDM) sikerült kimutatni.

Mivel a mintavételbe bevont állatok egyike sem mutatott a staphylococcusos fertőzöttségre utaló bármilyen tünetet, a szamarak változatos baktériumflórája nehezen magyarázható a faj nagyobb ellenálló-képességével. Ugyanígy a tartásmód sem ad a tapasztaltakra magyarázatot, mert a szamarállomány tartásmódja leginkább a gálosfai hidegvérű lóállománnyal (NDG) összehasonlítható, ugyanakkor ez az állomány jóval szegényesebb fajösszetételű baktériumflórával rendelkezett. A gálosfai lovak baktériumflórája leginkább a Kaposvár déli, zselici városszélén, üzemeltetett lovarda (NDK) lovaiéhoz hasonló változatosságú.

A legszegényesebb, mindössze egyetlen fajból, a *S. xylosuból* álló, *Staphylococcus* baktériumközösség a Kaposvár nyugati városrészében található lovarda lovaiból (NDM) volt kimutatható. Ez az állomány a tartásmód tekintetében abban különbözik a másik három állománytól, hogy ez az, amelyik a természeti környezettől a leginkább izolált, mert minden oldalról városi környezet veszi körül. Bár a lovarda közvetlen közelében folyik a Kapos folyó, amely kisebb méretű, jellemzően ragadozó emlősök számára zöldfolyosóként szolgálhat, jelentősebb vadmozgás a lovarda közelében nem tapasztalható. A többi állomány esetében nem zárható ki a patás nagyvadállománnyal való, legalább közvetett kapcsolat.

Az állatokkal rendszeresen érintkező emberek száma látszólag nem befolyásolta a kimutatható baktériumfajok változatosságát. Ugyanakkor fontos megjegyezni, hogy a szamarak tartási helyéül szolgáló gazdaság idegenforgalmi tevékenységet is végez, melynek keretében évente több ezer látogatót fogad. Bár a szamarak nem tartoznak a bemutató gazdasághoz, így az állatokkal közvetlenül érintkező személyek száma valószínűleg kicsi, de teljesen nem kizárható, hogy a változatos baktériumközösség forrása a gazdaságot látogató közönség.

Ennek ellentmond az a tény, hogy a szamarakból egyáltalán nem került elő a *S. xylosuból* baktériumfaj, amely a városi környezetben tartott, sok emberrel találkozó lovakból nagy számban volt izolálható.

A különböző állományokból izolálható baktériumközösség fajösszetételét befolyásoló tényezők azonosítása jelen vizsgálatban nem sikerült, ez további vizsgálatokat igényel.



#### 4.3.2 *Az antimikrobiális rezisztenciát befolyásoló tényezők statisztikai vizsgálata*

Az AMR előfordulásával kapcsolatban alkalmazott modell eredménye alapján megállapítható volt, hogy a kiválasztott független változók közül csak a lófélék tartásának környezete (DIV) befolyásolta azt statisztikailag (5. Táblázat). A HUM változó négy kategóriája a modell építése során redundanciát mutatott, így a bemutatott eredményekben nem szerepelnek.

**5. Táblázat.** Összefüggések az izolátumok AMR diverzitásának és a magyarázó változók között.

a modellben szereplő tényezők	$\beta$ koefficiens	p-érték	Exp( $\beta$ )*	Exp( $\beta$ ) 95%-os konfidencia intervallum	
				alsó határa	felső határa
konstans	2,015	<0,0001	7,504	2,496	22,558
FAJ (1)	-0,441	0,424	0,643	0,218	1,897
FAJ (2)	0**		1		
DIV (1)	-1,918	0,001	0,147	0,48	0,454
DIV (2)	-1,524	0,007	0,218	0,071	0,665
DIV (3)	0		1		
KOR	0,012	0,74	1,012	0,941	1,087
GOND	0,018	0,398	1,018	0,977	1,06

\*esélyhányados \*\*A hatás az DIV (3)-hoz képes lett állapítottuk meg.

Az AMR előfordulását vizsgáló modell alapján megállapítható, hogy a vizsgált változók közül egyedül az állatok tartási helyének diverzitását meghatározó faktor hatása bizonyult statisztikailag szignifikánsnak. A legtöbb rezisztenciagént hordozó baktériumközösséget abban a tartási környezetben sikerült kimutatnunk, ahol az állatok legelői közvetlenül érintkeztek a természeti környezettel, így a vadállománnyal való érintkezés nem volt kizárható.

A rezisztenciagének diverzitása látszólag azzal párhuzamosan csökkent, ahogy a tartási környezet mindinkább városiassá vált. A természetes élőhelyekkel csak részben érintkező

lovarda lovaiból már lényegesen kevesebb rezisztenciagén került elő, de a legkevesebbet a városi környezetben élő lovakban találtunk.

Érdekes, hogy egyik állományban sem rendszeres az antibiotikum-használat, sőt az egyik, vidéki környezetben, az erdőtömbök között elhelyezkedő lóállományban egyáltalán nem történt antibiotikus kezelés már legalább 10 éve. A hasonlóan külterjesen tartott szamarállományban is azt az információt kaptuk, hogy a szamarak bármilyen gyógyszeres kezelése rendkívül ritka esemény. Ennek ellenére elmondható, hogy az egyes *Staphylococcus*-fajokból kimutatott rezisztenciagének 50-100%-a ebből a két állományból került elő.

Ennek az eredménynek a tisztázása további vizsgálatokat igényel. A természeti környezet egyes elemeiből, így a talajból, a felszíni vizekből és a vadászatokon elejtett vadból szükséges mintákat venni annak tisztázására, hogy ennek a nagyon diverz rezisztenciagén-állománynak mi lehet a hátterében.

A rezisztens baktériumok forrása azonban nem csupán a természeti környezet, de az állatokat ellátó gondozók közössége is lehet. Ennek tisztázása például a körükben elvégzett kérdőíves felméréssel volna lehetséges, amelynek során a szociális helyzetükre, az egészségi állapotukra, a gyógyszeres kezeléseik gyakoriságára, valamint a gyógyszerhasználattal kapcsolatos tudásukra és szokásaikra irányuló kérdésekkel értékelhetnénk a gondozók hordozta járványtani kockázatot.

Bár a vidéki környezetben jelentősen több és változatosabb rezisztenciagén fordult elő, érdekes ugyanakkor, hogy a meticillin-rezisztencia indikátorának tekinthető cefoxitin-rezisztenciát egyedül a városi lovarda egyik lovából, *S. xylosus* baktériumfajból mutattunk ki. Mivel ez egyetlen baktériumtörzsből került elő, így messzemenő következtetés levonására nem alkalmas. Ugyanakkor érdemes volna további mintavételeket végezni a városi környezetben is, pl. talajból, esővízből, levegőből és különböző köztéri felületekről, hogy megállapíthassuk a városi környezetben előforduló meticillin-rezisztencia előfordulási gyakoriságát.

Vizsgálatunk további érdekessége, hogy a *S. aureus* baktériumfajban, amely csupán 3 szamárból volt kimutatható, egyáltalán nem sikerült igazolnunk fenotípusos rezisztencia jelenlétét egyetlen vizsgált antibiotikummal szemben sem.

## 5. Következtetések és javaslatok

A vizsgálatok során talált eredmények alapján megállapítható, hogy a Kaposvár város környékén tartott négy állomány mindegyikéből kimutatható volt valamilyen *Staphylococcus*-faj, ezáltal elmondható, hogy a *Staphylococcus* nemzetségbe tartozó baktériumok alkalmas modelljei lehetnek az egyes egészségdomének között áramló rezisztenciagének nyomon követésére. Megállapítható továbbá, hogy az általunk használt mintafeldolgozási eljárás, melynek során 10% konyhasót tartalmazó pufferolt peptonvizet használtunk, alkalmas az ornyálkahártyáról történő baktérium-izoláláshoz.

Az egyes állományokból izolált baktériumközösség diverzitását elemezve megállapítható, hogy a vidékiesebb környezetben, illetve a szamár fajban izolálható több *Staphylococcus* faj, szemben a városi környezetben tartott lovak baktériumflórájával. Ezt az eredményünket nem sikerült statisztikailag igazolni, ezért mindenképpen javasolható a vizsgálat nagyobb mintaszámmal, esetleg más földrajzi területen történő megismétlése a megfigyelés statisztikai igazolására. A tartási helyek környezetének, így a talajnak, a felszíni vizeknek, a takarmánynak, illetve a természeti környezetben tartott állományok esetén a környező vadállománynak a bakteriológiai vizsgálata szintén szolgáltathat információkat a jelenség okának tisztázásához. Ugyanígy a városi lovarda egyoldalú, kizárólag *S. xylosus*-ból álló *Staphylococcus*-közösségének további vizsgálata is javasolható környezeti mintavételekkel.

A rezisztencia esetében szintén a diverzebb, vidékies környezet kockázatát sikerült igazolni, de ez esetben a statisztikai modell is megerősítette az eredményt. Bár a hipotézisünk az volt, hogy a városi környezet valószínűleg terheltebb lehet rezisztenciagénekkel, ebből csupán annyi igazolódott, hogy az egyetlen cefoxitin-rezisztens *S. xylosus* törzs innen került elő. Az egyes baktériumfajokban előforduló rezisztens törzsek 50-100%-a a vidéki környezetből volt kimutatható.

Ennek a látszólagos ellentmondásnak a további vizsgálata javasolható környezeti mintavételezéssel, illetve a környezetben élő vidéki lakosság kérdőíves egészségügyi felmérésével. A környezeti mintavételek során, a baktériumfóra diverzitásának vizsgálatánál leírtak szerint, a talaj, a felszíni vizek, a takarmány és a környező vadállomány vizsgálata javasolt. A kérdőíves felmérés során a szociális helyzet, az egészségügyi állapot, az antibiotikum-használat felderítésével lehetne meghatározni, hogy a tartási hely környezetében élő vidéki népesség milyen mértékű kockázatot jelenthet a háziállatokra.

A vizsgálatok elvégzése és értékelése során megállapítottam, hogy az olyan összetett, sok tényező által befolyásolt jelenségek tanulmányozása során, amilyen az antimikrobiális rezisztencia terjedése is, elengedhetetlen az Egy Egészség, holisztikus szemléletmód alkalmazása. Dolgozatom elkészítéséhez 86 állatból gyűjtöttem mintákat egy viszonylag kis kiterjedésű földrajzi területen. A vizsgálat bakteriológiai eredményeinek statisztikai elemzése azonban csak részleges eredményeket hozott, így a vizsgálatból csak kevés közvetlen következtetés vonható le, ugyanakkor ráirányítja a figyelmet a további vizsgálati irányokra, amelyek kivitelezéséhez további tudományterületek szakembereinek bevonása szükséges.

## 6. Összefoglalás

A dolgozatomban különböző tartási körülmények között lóféléket tartó gazdaságok állatállományából kimutatható, a *Staphylococcus* nemzetségbe tartozó baktériumtörzsek rezisztencia-viszonyait vizsgáltam. A vizsgálat célja az volt, hogy egy modellként használható baktérium-nemzetség vizsgálatával általános következtetéseket vonhassunk le a One Health egészségdoménjei közötti rezisztencia-áramlás lehetséges kockázati tényezőivel kapcsolatban.

A vizsgálathoz azért választottuk a *Staphylococcus* nemzetséget, mert ubikviter elterjedésű baktériumokról van szó, tehát gyakorlatilag bármely környezetben, bármely állatfajból kimutathatók, klinikailag egészséges egyedek bőrén és nyálkahártyáin is megtalálhatóak. A nemzetség tagjainak izolálása viszonylag egyszerű, mert sótűrésük (halotoleranciájuk) okán a magasabb sótartalmú táptalajokban könnyedén elődúsíthatók.

A vizsgálati állományokban kizárólag klinikailag egészséges lovak és szamarak orrnyálkahártyájáról vettünk tamponmintákat, amelyeket Cary-Blair transzport táptalajban juttattunk a laboratóriumba. Ott 10% sótartalmú pufferolt peptonvízben inkubáltuk a mintákat 36 °C-on, 24 órán át. Az így elvégzett elődúsítást követően *staphylococcusok* szelektív tenyésztéséhez használt, 7,5% konyhasót és szénforrásként mannitot tartalmazó MSA (mannitol-salt-agar) táptalajra oltottunk ki. Az MSA-n növekedő elkülöníthető telepekből Gram-festést végeztünk és a Gram-pozitív, coccoid formát mutató baktériumok telepeiből kioltást végeztünk a telepszámláláshoz használt (PCA, plate count agar) általános táptalajra. Az így tisztított telepekkel végeztük el a VITEK 2 Compact laboratóriumi automatával az izolált törzsek identifikálását és az antimikrobiális rezisztencia meghatározását.

A laboratóriumi vizsgálattal kimutattuk, hogy a vidéki környezetben tartott szamarállomány hordozza a legváltozatosabb *Staphylococcus*-flórát, illetve ebben az állományban fordul elő a rezisztens baktériumok jelentős része. A legkevesebb, kizárólag *S. xylosus* tartalmazó *Staphylococcus*-közösség a városi környezetben tartott lovakból került elő, illetve ebben a környezetben találtuk a legkevesebb rezisztens törzset, ugyanakkor innen került elő az egyetlen, cefoxitin rezisztens baktériumtörzs. A vizsgálat során a *S. aureus* faj csupán 3 számból került elő. A *S. xylosus* valamennyi lóállományban előfordult, de nem volt kimutatható a szamarakban.

A vidéki környezet látszólagosan nagyobb fajgazdagságát a statisztikai elemzés nem igazolta, de az ugyancsak a vidéki környezetre jellemző rezisztencia-változatosságot a statisztikai modell is megerősítette.

A vidéki környezet hordozta kockázat háttérének elemzése a vizsgálatban összegyűjtött adatokra alapozva nem volt lehetséges. Csupán feltételezéseinket fogalmztuk meg, amelyek tisztázása további vizsgálatokat igényel.

Eredményeim felhívják a figyelmet a környezetünkben élő baktériumok hordozta kockázatokra, ugyanakkor dolgozatom azt is jól illusztrálja, hogy egy viszonylag nagyobb mintaszámmal elvégzett vizsgálat sem feltétlenül képes reprezentálni egy viszonylag kisebb kiterjedésű földrajzi terület baktériumközösségében előforduló rezisztenciaviszonyokat, valamint arra is felhívja a figyelmet, hogy a szakirodalmi tapasztalatok alapján járványtanilag relevánsnak minősített környezeti faktorok elemzése önmagában nem képes feltárni a rezisztenciagének halmozódásának pontos okait. A járványtani összefüggések átfogóbb elemzéséhez más tudományterületek, így az ökológia, vadgazdálkodás, szociológia és a humán egészségügy szakembereinek bevonása is szükséges.

## 7. Irodalomjegyzék

Aarestrup, F. M., Wegener, H. C., Collignon, P. 2008. Resistance in bacteria of the food chain: epidemiology and control strategies. *Expert Rev. Anti. Infect. Ther.* 6, 733–750.

Aires-de-Sousa, M. 2017. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among animals: Current overview. *Clin. Microbiol. Infect.* 23, 373–380.

Andersson, D. I., Hughes, D. 2014. Microbiological effects of sublethal levels of antibiotics. *Nat. Rev. Microbiol.* 12, 465–478.

Argudin, M. A., Mendoza, M. C., Rodicio, M. R. 2010. Food poisoning and *Staphylococcus aureus* enterotoxins. *Toxins.* 2, 1751–1773.

Bannoehr, J., Franco, A., Iurescia, M., Battisti, A., Fitzgerald, J. R. 2009. Molecular diagnostic identification of *Staphylococcus pseudintermedius*. *J. Clin. Microbiol.* 47, 469–471.

Barna, J., Lengyel, K., Takács, V., K., Billes, V., Sigmond, K., T., Varga, M., Horváth, P., Ari, E., Vellai, T. 2013: Genetikai gyakorlatok, *Eötvös Loránd Tudományegyetem*, Budapest

Ben Zakour, N. L., Beatson, S. A., Van den Broek, A. H. M., Thoday, K. L., Fitzgerald, J. R. 2012. Comparative genomics of the *Staphylococcus intermedius* group of animal pathogens. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2, 1–7

Boyle, A. G., Rankin, S. C., Duffee, L. A., Morris, D. 2017. Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from equine nasopharyngeal and guttural pouch wash samples. *J. Vet. Intern. Med.* 31, 1551–1555.

Burke, R. L., Mann, K. A., Richards, S., Stevenson, T. H. 2013. US veterinary support to standardization of food and water safety and animal care and use within NATO. *U.S. Army. Med. Departm. J.*, 1–3, 86–91.

Burow, E., Käsbohrer, A. 2017. Risk factors for antimicrobial resistance in *Escherichia coli* in pigs receiving oral antimicrobial treatment: a systematic review. *Microb. Drug Resist.* 23, 194–205.

Busscher, J. F., van Duijkeren, E., Sloet van Oldruitenborgh-Oosterbaan, M. M. 2006. The prevalence of methicillin-resistant staphylococci in healthy horses in the Netherlands. *Vet. Microbiol.* 113, 131–136.

- Chaddock, M. 2012. Academic veterinary medicine and One Health education: it is more than clinical applications. *J. Vet. Med. Ed.*, 39, 241–246.
- Cole, A. M., Tahk, S., Oren, A., et al. 2001. Determinants of *Staphylococcus aureus* nasal carriage. *Clin. Diagn. Lab. Immunol.* 8, 1064–69.
- Corrente, M., D’Abramo, M., Latronico, F., Greco, M. 2009. Methicillin-resistant coagulase negative staphylococci isolated from horses. *New Microbiol.* 32, 311–314.
- Crofts, T. S., Gasparini, A. J., Dantas, G. 2017. Next-generation approaches to understand and combat the antibiotic resistome. *Nat. Rev. Microbiol.* 15(7), 422
- Crossley, K. B., Archer, G. L. 1997. The staphylococci in human disease, 1st edn. New York: *Churchill Livingstone Inc.*
- Cuny, C., Kuemmerle, J., Stanek, C. 2006. Emergence of MRSA infections in horses in a veterinary hospital: strain characterization and comparison with MRSA from humans: *Eurosurveillance.* 11, 44–47.
- Cuny, C., Witte, W. 2017. MRSA in equine hospitals and its significance for infections in humans. *Vet. Microbiol.* 200, 59–64.
- Deurenberg, R. H., Stobbering, E. E. 2008. The evolution of *Staphylococcus aureus*. *Infect., Gen. and Evol.* 8, 747–763
- Eriksen, N. H., Espersen, F., Rosdahl, V. T., Jensen, K. 1995. Carriage of *Staphylococcus aureus* among 104 healthy persons during a 19-month period. *Epidemiol. Infect.* 115, 51–60.
- Feßler, A.T., Schug, A.R., Geber, F., Scholtzek, A.D., Brombach, J., Hensel, V., Meurer, M., Michael, G.B., Reinhardt, M., Speck, S., et al. 2018. Development and evaluation of a broth macrodilution method to determine the biocide susceptibility of bacteria. *Vet. Microbiol.* 223, 59–64.
- Fitzgerald, J. R. 2012. Livestock-associated *Staphylococcus aureus*: origin, evolution and public health threat. *Trends in Microbiol.* 20, 192–198
- Funke, G., Funke-Kissling, P. 2005. Jan. Performance of the new VITEK 2 GP card for identification of medically relevant gram-positive cocci in a routine clinical laboratory. *J. Clin. Microbiol.* 43(1), 84-88.



- Gálfi, P., Csikó, Gy., Jerzsele, Á. 2015. Állatorvosi gyógyszerteran III., Budapest, Robbie-Vet Kft..
- Gharsa, H., Ben Sallem, R., Ben Slama, K., Gómez-Sanz, E., Lozano, C., Jouini, A., Klibi, N., Zarazaga, M., Boudabous, A., Torres, C. 2012. High diversity of genetic lineages and virulence genes in nasal *Staphylococcus aureus* isolates from donkeys destined to food consumption in Tunisia with predominance of the ruminant associated CC133 lineage. *BMC Vet. Res.* 8, 203.
- Gómez-Sanz, E., Torres, C., Lozano, C., Zarazaga, M. 2013. High diversity of *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus pseudintermedius* lineages and toxigenic traits in healthy pet-owning household members. Underestimating normal household contact? *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* 36, 83–94.
- Graveland, H., Wagenaar, J., Bergs, K., Heesterbeek, H., et al. 2011. Persistence of livestock associated MRSA CC398 in humans is dependent on intensity of animal contact. *PLoS ONE.* 6, e16830.
- Haenni, M., Saras, E., Châtre, P., Médaille, C., et al. 2012. USA300 variant and other human-related methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains infecting cats and dogs in France. *J. Antimicrob. Chemoth.* 6, 326–329.
- Haenni, M., Targant, H., Forest, K., Sévin, C., Tapprest, J., Laugier, C., Madec, J. Y. 2010. Retrospective study of necropsy-associated coagulase-positive staphylococci in horses. *J. of Vet. Diagn. Invest.* 22, 953–956.
- Hardy, K., Sunnucks, K., Gil, H., Shabir, S., Trampari, E., Hawkey, P., Webber, M. 2018. Increased usage of antiseptics is associated with reduced susceptibility in clinical isolates of *Staphylococcus aureus*. *MBio.* 9, e00894–e00918.
- Hartmann, F. A., Trostle, S. S., Klohnen, A. A. 1997. Isolation of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from a postoperative wound infection in a horse. *J. of the American Vet. Med. Assoc.* 211, 590–592.
- Holmes, A. H., Moore, L. S. P., Sundsfjord, A., Steinbakk, M., Regmi, S., Karkey, A., Guerin, P. J., Piddock, L. J. 2016. Understanding the mechanisms and drivers of antimicrobial resistance. *Lancet* 387, 176–187.
- Hu, L., Umeda, A., Kondo, S., Amako, K. 1995. Typing of *Staphylococcus aureus* colonising human nasal carriers by pulsed-field gel electrophoresis. *J. Med. Microbiol.* 42, 127–32.

- Huijbers, P. M. C., Blaak, H., de Jong, M. C. M., Graat, E. A. M., VandenbrouckeGrauls, C. M. J. E., de Roda Husman, A. M. 2015. Role of the environment in the transmission of antimicrobial resistance to humans: *a rev. Environ. Sci. Technol.* 49, 11993–12004.
- Kaspar, U., von Lützu, K., Schlattmann, A., Rösler, U., Köck, R., Becker, K. 2019. Zoonotic multidrug-resistant microorganisms among non-hospitalized horses from Germany. *One Health*, 7, 100091.
- Khan, A., Wilson, B., Gould, I.M. 2018. Current and future treatment options for community-associated MRSA infection. *Expert Opin. Pharmacother.* 19, 457–470.
- Klein, E. Y., T., P., Van Boeckel, E. M., Martinez, S., Pant, S., Gandra, S. A., Levin, H., Goossens, and R., Laxminarayan. 2018. Global increase and geographic convergence in antibiotic consumption between 2000 and 2015. *Proceed. of the Nat. Ac. of Sc.* 115, E3463-3470.
- Kluytmans, J. A., Wertheim, H. F. 2005 Nasal carriage of *Staphylococcus aureus* and prevention of nosocomial infections. *Infect.* 33, 3–8.
- Kluytmans, J., van Belkum, A., Verbrugh, H. 1997. Nasal carriage of *Staphylococcus aureus*: epidemiology, underlying mechanisms, and associated risks. *Clin. Microbiol. Rev.* 10, 505–20.
- Köck, R., Schaumburg, F., Mellmann, A., Köksal, M., Jurke, A., Becker, K., Friedrich, A. W. 2013. Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) as causes of human infection and colonization in Germany. *PLoS ONE.* 8, e55040.
- Kristian, S. A., Durr, M., Van Strijp, J. A., Neumeister, B., Peschel, A. 2003. MprF mediated lysinylation of phospholipids in *Staphylococcus aureus* leads to protection against oxygen-independent neutrophil killing. *Infect. Immun.* 71, 546–49.
- Lakhundi, S., Zhang, K. 2018. Methicillin resistant *Staphylococcus aureus*: Molecular characterization, evolution, and epidemiology. *Clin. Microbiol. Rev.* 31, e00020–18.
- Lipman, L. J. A., van Knapen, F. 2009. Integrating the issues of global and public health into the veterinary education curriculum: a European perspective. *Scientific and Technic. Rev. of the Office Internat. des Epizooties*, 28, 745–752.
- Marsella, R. 2019. Manual of Equine Dermatology. Oxfordshire, UK: *CABI Internat.*

- Marti, E., Variatza, E., Balcazar, J. L. 2014. The role of aquatic ecosystems as reservoirs of antibiotic resistance. *Trends Microbiol.* 22, 36–41.
- Matsuo, E., Kawano, J. 2001. Species distribution of staphylococci in the nares and skin of horses. *J. Equine Sci.* 12, 127–134.
- Mazet, J. A., Hamilton, G. E., Dierauf, L. A. 2006. Educating veterinarians for careers in free-ranging wildlife medicine and ecosystem health. *J. Vet. Med. Educ.* 33, 352–360.
- Mor, S. M., Robbins, A. H., Jarvin, L., Kaufman, G. E., Lindenmayer, J. M. 2013. Curriculum asset mapping for One Health education. *J. of Vet. Med. Educ.* 40, 363–369.
- Nagaoka, I., Hirota, S., Yomogida, S., Ohwada, A., Hirata, M. 2000. Synergistic actions of antibacterial neutrophil defensins and cathelicidins. *Inflamm. Res.* 49, 73–79.
- Nemeghaire, S., Argudin, M. A., Haesebrouck, F., Butaye, P. 2014. Epidemiology and molecular characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* nasal carriage isolates from bovines. *BMC Vet. Res.* 10, 153.
- Nouwen, J. L., Ott, A., Kluytmans-Vandenbergh, M. F., et al. 2004. Predicting the *Staphylococcus aureus* nasal carrier state: derivation and validation of a “culture rule”. *Clin. Infect. Dis.* 39, 806–811.
- O’Mahony, R., Abbott, Y., Leonard, F. C., Markey, B. K., Quinn, P. J., Pollock, P. J., Fanning, S., Rossney, A. S. 2005. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from animals and veterinary personnel in Ireland. *Vet. Microbiol.* 109, 285–296.
- O’Neill, J. 2016. Tackling drug-resistant infections globally: Final report and recommendations. Review on antimicrobial resistance. Wellcome Trust and HM Government.
- Oliveira, D., Borges, A., Simões, M. 2018. *Staphylococcus aureus* toxins and their molecular activity in infectious diseases. *Tox.* 10, 252.
- One Health Commission. 2018. What is One Health? DOI: [https://www.onehealthcommission.org/en/why\\_one\\_health/what\\_is\\_one\\_health/](https://www.onehealthcommission.org/en/why_one_health/what_is_one_health/). Letöltés:2023. október 29.)
- Ong, P. Y., Ohtake, T., Brandt, C., et al. 2002. Endogenous antimicrobial peptides and skin infections in atopic dermatitis. *N. Engl. J. Med.* 347, 1151–60.

- Pantosti, A. 2012. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* associated with animals and its relevance to human health. *Front. Microbiol.* 3, 127.
- Peton, V., Le Loir, Y. 2013. *Staphylococcus aureus* in veterinary medicine. *Infect. Genet. Evol.* 21, 1567–1581.
- Pincus, D. H. 2006. Microbial identification using the bioMérieux VITEK2 system. Hazelwood, MI: *Encyc. of Rapid Microbiol. Meth.*
- Roudaud, M., Allano, M., Fairbrother, J. H., Sauvé, F. 2020. A retrospective study on methicillin-resistant *Staphylococcus* spp. isolated from horses admitted to a Canadian veterinary teaching hospital between 2008 and 2018. *Can. Vet. J.* 61, 1197–1202.
- Schwarz, S., Feßler, A. T., Loncaric, I., Wu, C., Kadlec, K., Wang, Y., Shen, J. 2018. Antimicrobial resistance among staphylococci of animal origin. In *Antimicrobial Resistance in Bacteria from Livestock and Companion Animals*, 1st ed.; Schwarz, S., Cavaco, L., Shen, J., Eds. *American Soc. for Microbiol.* Washington, DC, USA, pp. 127–157.
- Schwarz, S., Roberts, M.C., Werckenthin, C., Pang, Y., Lange, C. 1998. Tetracycline resistance in *Staphylococcus* spp. from domestic animals. *Vet. Microbiol.* 63, 217–227.
- Scott, D. W., Miller, W. H 2011. Bacterial skin diseases. *Equine Dermatol.* 2nd ed. St. Louis, Missouri: Elsevier Saunders.
- Smith, M. V. 2013. The role of veterinary medicine regulatory agencies. *Scientific and Technic. Rev. of the Office Internat. des Epizooties*, 32, 393–408.
- Solberg, C. O. 1965. A study of carriers of *Staphylococcus aureus* with special regard to quantitative bacterial estimations. *Acta. Med. Scand. Suppl.* 436, 1–96.
- Solberg, C. O. 2000. Spread of *Staphylococcus aureus* in hospitals: causes and prevention. *Scand J. Infect. Dis.* 32, 587–95.
- Stärk, K. D. C., Kuribreña, M. A., Dauphin, G., Vokaty, S., Ward, M. P., Wieland, B., Lindberg, A. 2015. One Health surveillance – More than a buzz word? *Prev. Vet. Med.* 120, 124–130.
- Taylor, S. 2015. A review of equine sepsis. *Equine. Vet. Educ.* 27, 99–109.

Tokatelloff, N., Manning, S. T., Weese, J. S. 2009. Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* colonization in horses in Saskatchewan, Alberta, and British Columbia. *Can. Vet. J.* 50, 1177–1180.

Valentine, F. C., Hall-Smith, S. P. 1952. Superficial staphylococcal infection. *Lancet* 2, 351–54.

Van Duijkeren, E. V., Wolfhagen, M. J. H. M. 2005. Heck MEOC, Wannet WJB. Transmission of a Panton-Valentine leucocidin-positive, methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strain between humans and a dog. *J. Clin. Microbiol.* 43, 6209–6211.

Villoch, A. M. 2013. Formación y responsabilidad de los veterinarios para la producción de alimentos de Origen animal con calidad e inocuidad. *Rev. Electr. de Vet.* 15, 1-23.

Vitale, C. B., Gross, T. L., Weese, J. S. 2006. Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* in cat and owner. *Emerg. Infect. Dis.* 12, 1998–2000.

von Eiff, C., Becker, K., Machka, K., Stammer, H., Peters, G. 2001. Nasal carriage as a source of *Staphylococcus aureus* bacteremia. *N. Engl. J. Med.* 344, 11–16.

Walther, B., Hermes, J., Cuny, C., Wieler, L. H., et al. 2012. Sharing more than friendship—nasal colonization with coagulase-positive staphylococci (CPS) and co-habitation aspects of dogs and their owners. *PLoS One.* 7, e35197.

Weese, J. S. 2010. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in animals. *Ilar. Journ.* 51, 233–244.

Weese, J. S., Archambault, M., Willey, B. M., Hearn, P., Kreiswirth, B. N., Said-Salim, B., McGeer, A., Likhoshvay, Y., Prescott, J. F., Low D. E. 2005. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in horses and horse personnel, 2000–2002. *Emerg. Infect. Dis.* 11, 430–435.

Wertheim, H. F. L., Kleef, M., Vos, M. C., Ott, A., Verbrugh, H., Fokkens, W. 2006. Nosepicking and nasal carriage of *Staphylococcus aureus*. *Infect Control Hosp Epidemiol.* 27(8), 863-7.

WHO, 2018. február Antimicrobial resistance – Key facts (Antimikrobiális rezisztencia – alapadatok)

Williams, R. E. O. 1963. Healthy carriage of *Staphylococcus aureus*: its prevalence and importance. *Bacteriol. Rev.* 27, 56–71.

Woolhouse, M. E. J., Gowtage-Sequeria, S. 2005. Host range and emerging and reemerging pathogens. *Emerg. Infect. Dis.* 11, 1842–1847.

Zinsstag, J., Meisser, A., Schelling, E., Bonfoh, B., Tanner, M. 2012. From ‘two medicines’ to ‘One Health’ and beyond. *Onderstepoort J. Vet. Res.* 79:492 DOI: <http://dx.doi.org/10.4102/ojvr.v79i2.492>.)

## **8. Mellékletek**

## 1. sz. Melléklet: Hallgatói nyilatkozat

### NYILATKOZAT

#### a szakdolgozat nyilvános hozzáféréséről és eredetiségéről

A hallgató neve: Németh Dorka  
A Hallgató Neptun kódja: IJML6S  
A dolgozat címe: **ONE HEALTH AZ ÁLLATTUDOMÁNYBAN: ANTIMIKROBIÁLIS  
REZISZTENCIA AZ ÖKOSZISZTÉMÁBAN**  
A megjelenés éve: 2023.  
A konzulens intézetének neve: MATE Élettani és Takarmányozástani Intézet  
A konzulens tanszékének a neve: Élettani és Állategészségügyi Tanszék

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

Ha a fenti nyilatkozattal valótlanul 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 mindenkori szellemitulajdon-kezelési szabályzatában megfogalmazottak érvényesek.

Tudomásul veszem, hogy dolgozatom elektronikus változata feltöltésre kerül a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem könyvtári repozitori rendszerébe. Tudomásul veszem, hogy a megvédett és

- nem titkosított dolgozat a védelmet követően
- titkosításra engedélyezett dolgozat a benyújtásától számított 5 év eltelté után nyilvánosan elérhető és kereshető lesz az Egyetem könyvtári repozitori rendszerében.

Kelt: 2023. év november hó 5. nap



---

Hallgató aláírása



## 2. sz. Melléklet: Konzulensi nyilatkozat

### NYILATKOZAT

Németh Dorka (hallgató Neptun azonosítója: IJML6S) konzulenseként nyilatkozom arról, hogy a szakdolgozatot áttekintettem, a hallgatót az irodalmi források korrekt kezelésének követelményeiről, jogi és etikai szabályairól tájékoztattam.

A szakdolgozatot a záróvizsgán történő védelemre **javaslom**.

A dolgozat állam- vagy szolgálati titkot tartalmaz:                      nem

Kelt: 2023. év november hó 5. nap



belső konzulens