

One Health az állattudományban: Antimikrobiális rezisztencia az ökoszisztémában

Németh Dorka

Lótenyésztő, Lovassportszervező Agrármérnöki Szak, Bsc, Nappali tagozat

MATE Élettani és Takarmányozási Intézet

Élettani és Állategészségügyi Tanszék

Témavezető: Dr. Csivincsik Ágnes, tudományos munkatárs, MATE Kaposvári Campus

Társ-témavezető: Nagy Gábor, tudományos munkatárs, MATE Kaposvári Campus

A dolgozatomban különböző tartási körülmények 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 baktériumról 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 növekvő elkülöníthető telepekről 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 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 a feltételezéseinket fogalmaztuk meg, amelyek tisztázása további vizsgálatokat igényel.

Eredményeim felhívják a figyelmet a környezetünkben élő baktériumok hordozta kockázatokra, ugyanakkor dolgozatomban az 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.