

Doktori (PhD) értekezés

Halász Tibor

Kaposvár

2024



Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem
Élettani és Takarmányozástani Intézet

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

DOI: 10.54598/004520

Halász Tibor

Kaposvár

2024

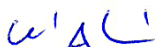
A doktori iskola

megnevezése: Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

tudományága: állattenyésztési tudományok

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

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



.....
Az iskolavezető jóváhagyása



.....
A témavezető jóváhagyása

TARTALOMJEGYZÉK

1. BEVEZETÉS	5
2. CÉLKITŰZÉSEK	7
3. IRODALMI ÁTTEKINTÉS	9
4. ANYAG ÉS MÓDSZER	24
4.1 A vizsgálati területek	24
4.1.1 Első mintaterület: Külső-Somogy	25
4.1.2 Második mintaterület: Zselic.....	25
4.1.3 Harmadik és negyedik mintaterület: Belső-Somogy déli része.....	26
4.1.4 Ötödik mintaterület: Belső-Somogy északi része	26
4.2 Mintagyűjtés	28
4.3 A máj minták boncolásos vizsgálata.....	29
4.4 A paraziták morfológiai azonosítása.....	30
4.5 Molekuláris diagnosztikai módszerek.....	31
4.6 Szövetteni vizsgálatok	32
4.7 Fényképes útmutató készítése és a vadászati szakszemélyzet oktatása	32
4.8 A zsigereléskor gyűjtött bélsárminták ülepítéssel vizsgálata.....	33
4.9 Pete keltetés	34
4.10 A fényképes útmutatóra és az ülepítéssel eljárásra alapozott surveillance-módszerek összehasonlítása	37
4.11 A nagy amerikai májmétely dél-dunántúli terjedésének elemzése	37
4.12 Statisztikai elemzés	38
4.12.1 A teljes vizsgálati időszakra vonatkozó periódus prevalencia megállapítása gímszarvas gazdafajban	38
4.12.2 Pete kelési adatok elemzése	38
4.12.3 Surveillance módszerek összehasonlítása.....	40
5. EREDMÉNYEK ÉS AZOK MEGBESZÉLÉSE	42
5.1 Eredmények	42
5.1.1 A kutatás teljes időtartamára vonatkozó <i>F. magna</i> fertőzési periódus prevalencia megállapítása a gím gazdafajban	42
5.1.2 Pete keltetési vizsgálat	43
5.1.3 <i>Fascioloides magna</i> surveillance módszerek összehasonlítása.....	48

5.1.4	A nagy amerikai májmétely dél-dunántúli terjedésének vizsgálata	51
5.2	Megbeszélés	54
6.	KÖVETKEZTETÉSEK ÉS A JAVASLATOK	64
7.	ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK.....	68
8.	ÖSSZEFOGLALÁS.....	69
9.	SUMMARY	72
10.	KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	75
11.	IRODALOMJEGYZÉK.....	76
12.	AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK 86	
13.	AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ NEM KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK	87
14.	MELLÉKLET	88

1. BEVEZETÉS

A nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) első, a Dél-Dunántúl Dunától távol eső területén történő előfordulása 2016-ban igazolódott (Nagy és mtsai., 2018). A korábbi vélekedés szerint a parazita hazánkban a Duna völgyében a folyásiránynak megfelelően képes természetes úton terjedni, míg a folyóvölgyektől távolabbi megjelenés elsősorban mesterséges behurcolásoknak köszönhető (Majoros és Sztojkov, 1994). Már az első, nem a Duna völgyéhez köthető esetet követő járványtani vizsgálatok rámutattak, hogy a *F. magna* dél-dunántúli terjedésében mind mesterséges, mind természetes folyamatok közrejátszhatnak (Nagy és mtsai., 2018).

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

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

A 2016-os észlelés azonban a Zselicben, a Dél-Dunántúl közepén, a Dunától mintegy 100 km távolságban történt. A hazai ökoszisztémában korábban nem volt tapasztalható, hogy

a nagy amerikai májmétely jelentősebb mértékben eltávolodott volna a Dunától. A parazita új területeken való megjelenése, a korábbi járványokban tapasztalt kártétele miatt, jelentős vadgazdálkodási kockázatnak minősül. A jelen vizsgálatsorozat legfontosabb célja az volt, hogy tisztázza, az újonnan felfedezett elterjedési területen mely gazdafajok játszhatnak szerepet a fertőzés fenntartásában, hogyan követhető a járványmenet az endémia határán, merre és milyen sebességgel terjed a fertőzés.

2. CÉLKITŰZÉSEK

A Dél-Dunántúl és az azzal közvetlenül kapcsolódó Zalai-dombság az ország legértékesebb gímszarvas-populációinak otthon adó régió: az Országos Vadászati Adattár által nyilvántartott legjobb 50 gímszarvas trófea kétharmada ebből a régióból származik (http://www.ova.info.hu/trofeab/Magyar_trofea_ranglista-gimszarvas-20210930.pdf, letöltés dátuma: 2024. május 24.).

A szarvasgazdálkodás a 2021-2022. vadászati évben Somogy vármegyében 9.931, Baranya vármegyében 6.272, míg Zala vármegyében 8.607 gímszarvas egyedet hasznosított vadászattal. A három vármegye együtt a teljes hazai gímszarvas-teríték 33 %-át adta. A három vármegye vadászatból származó árbevétele pedig a hazai, összesen 33,7 milliárd Ft-ot kitevő vadászati árbevétel 25%-át termeli (Országos Vadgazdálkodási Adattár, letöltés dátuma 2023. 10. 23.: http://www.ova.info.hu/vg_stat/VA-2021-2022m.pdf). A vadászat a helyi közösségek fontos bevételi forrása, az egyik legfontosabb munkahelyteremtő ágazat a régió hátrányos helyzetű településein. A vadállomány egészségét veszélyeztető bármilyen tényező közvetett hatást gyakorol a régióban élő humán népesség szociális helyzetére, ezáltal jóllétére és életminőségére is (Németh, 2019; Pešić, 2020; Kupren és Hakuć-Błażowska, 2021).

A nagy amerikai májmétely megjelenése a Szigetközben és Gemencen, a vadgazdálkodók megfigyelései szerint jelentős mértékben rontotta az ottani gímszarvas trófeaminőségét. Az új elterjedési területek őzállományaiban pedig még ennél is nagyobb hatást, kifejezett populációcsökkenést tapasztaltak. A nagy amerikai májmétellyel fertőzött őzek általában a fertőzést követő 4-6 hónapon belül elhullottak (Malcicka, 2015; Králová-Hromadová és mtsai., 2016). A Dél-Dunántúl központi területén történő megjelenés (Nagy és mtsai., 2018) komoly riadalmat keltett a régió vadgazdálkodóiban. A korábbi járványok tapasztalatai alapján ugyanis számítani lehetett a gímszarvas- és őzgazdálkodásból származó bevételek jelentős csökkenésére, amennyiben a parazita sikeresen megtelepedik a Zselicben. A zselici megjelenés azért is vonta magára a figyelmet, mert olyan helyen került elő az első fertőzött egyed, amely vizes élőhelyekben szegény, a legtöbb vízfolyás időszakos, a legjellemzőbb vizes élőhelyek a mesterséges halastavak (Salamon-Albert és mtsai., 2010).

Vizsgálatunk célja az volt, hogy felmérjük, a zselici endémia kiterjedését, illetve a terjedés kockázatait. Tekintettel arra, hogy a vizsgálati terület, tudomásunk szerint, a *F. magna* legújabb európai endémiája, ezért nem tartottuk kizárhatónak, hogy a gazdafajok és a parazita közötti interakciók a virulencia kedvezőtlen irányú változását eredményezik. Ez a somogyi és

a zalai gímszarvas-gazdálkodás eredményességét hátrányosan érintené. A trófeaminőség romlása, rosszabb esetben a populációk szaporodási képességének csökkenése kedvezőtlenül érintené a térség jövedelemtermelő képességét. A kutatási célokat az alábbi vizsgálatokon keresztül terveztük megvalósítani:

1. A parazita előfordulásának vizsgálata gímszarvas és őz gazdafajban az egyéni és társas vadászatokon elejtett egyedek boncolásával.
2. Az ülepítékes bélsárvizsgálat hatékonyságának vizsgálata az elejtett egyedek máj boncolási leletének (féregszám, féregbiomassza) és a bélsárból kimutatható peteszám összehasonlításával.
3. A vadgazdálkodók bevonása a parazita elterjedésének monitorozásába: fényképes útmutató kidolgozása a májelváltozások felismerésének elősegítésére a zsigerelést végző személy számára. A vadászok által pozitívnak, illetve negatívnak minősített májak boncolása, minősítése, a módszer érzékenységének és specifikusságának meghatározása.
4. Az őz fertőzésfenntartó szerepének tisztázása: az új elterjedési területen elejtett őzek kórbonctani és kórszövettani vizsgálata, az elváltozások összehasonlítása a gímszarvasban tapasztaltakkal. A máj állományából kinyerhető peték keltetése, a túlélőképesség összehasonlítása a két gazdafajból származó peték esetében.
5. Az elterjedési terület változásának monitorozása a kutatás négy éve alatt.

3. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A nagy amerikai májmetely (*Fascioloides magna*) a laposférgek (Platyhelminthes) törzsébe, metelyek (Trematoda) osztályába, a közvetett fejlődésű metelyek (Digenea) alosztályába, a Fasciolidae családba tartozik (Kassai, 2011). A Fasciolidae család evolúciója a 90-100 millió évvel ezelőtti időszakra vezethető vissza. A család valószínűleg már a Gondwana őskontinens feldarabolódása után alakulhatott ki, mert az Újvilágban való megjelenésük első nyomai jóval későbbre tehetőek (Lotfy és mtsai., 2008; Mas-Coma és mtsai., 2009).

Tekintettel arra, hogy a paraziták jelenleg ismert végleges gazdafajai, illetve azok közvetlen ősei a Fasciolidae család kialakulásakor még nem léteztek, így jelenleg nem áll rendelkezésre ismeret arról, hogy az evolúciójuk ezen szakaszában milyen gazdafajokban élhözökdhettek. Van olyan feltételezés is, hogy ekkoriban kizárólag puhatestűekben zajlott a teljes fejlődési ciklusuk (Lockyer és mtsai., 2004).

A fasciolidák evolúciós fejlődése során következett be a kréta-tercier kihálási esemény, amely mai tudásunk szerint a Chixhulub aszteroida becsapódása következtében kialakult klímakatasztrófa eredménye volt. A becsapódás hatására hatalmas mennyiségű törmelék került a légkörbe, amely megakadályozta a napsugarak áthatolását a légkörön, ami több hónapig tartó sötétséget és szélsőséges hőmérsékletcsökkenést okozott. A hirtelen kialakuló tél a szárazföldi élet 90%-át elpusztította, azonban az édesvízi élőhelyeken a fajok alig 10%-át érintette a kihálás (Kaiho és mtsai., 2016; Chiarenza és mtsai., 2020).

A Fasciolidae családba tartozó paraziták, illetve a fejlődési ciklusukban jelenleg is résztvevő Basommatophora csigák feltételezhetően az édesvízi élőhelyekhez kötődő életmódjuk miatt éltek túl a kihálási eseményt (Los Huertos, 2020). A csigafajok esetében azok öntermékenyítésre való képessége is alkalmassá teszi őket, hogy a jelentős populációcsökkenéseknek és az élőhelyek feldarabolódásának tulajdonítható veszteségeket túléljék (Lockyer és mtsai., 2004; Lounnas és mtsai., 2017). Ez a tulajdonságuk jelenleg is lehetővé teszi, hogy akár néhány egyedből is regenerálódjon a populációjuk (Correa és mtsai., 2010; Neubauer és Gerorgopoulou, 2021; Palasio és mtsai., 2023). A kréta-tercier kihálási eseményt tehát mind a parazita, mind a jelenlegi köztigazdák túléltek.

A kihálási eseményt is előidéző aszteroida-becsapódás következtében megélnkülő szeizmikus tevékenység, különösen a Dekkán fennsík vulkánjai jelentős mennyiségű széndioxidot bocsátottak a légkörbe (Renne és mtsai., 2015; Sprain és mtsai., 2019), amely a

sötétség visszahúzódása után hozzájárult az üvegházhatás erősödéséhez és a klíma kb. 30 év alatt helyreállt, sőt erőteljes felmelegedés kezdődött (Turner, 2018; Chiarenza és mtsai., 2020; Hull et al, 2020). Ebben az időszakban alakult ki az emlősök egyik legősibb rendje, az ormányosoké (Proboscidea). Az akkori ormányosok a mocsaras élőhelyeket benépesítő, a jelenlegi sertésfélékhez hasonló méretű növényevők voltak. A környezeti igényeik jelentős átfedést mutattak a Fasciolidae család tagjaival (Liu és mtsai., 2008; Saarinen, 2019).

A fasciolidák filogenetikai jellemzői, biológiai sajátosságai és gazdaspektrumuk alapján feltételezhetően a Proboscidea rendbe tartozó fajokhoz adaptálódva váltak alkalmassá az emlős gazdafajokban történő fejlődésre. A parazita taxon legősibb faja, a *Protofasciola robusta* az afrikai elefánt (*Loxodonta africana*) vékonybelében élősöködik és a Planorbidae családba tartozó vízicsigák a köztigazdái. A következő ősi faj a *Fasciolopsis buski*, amely szintén a bélesatornában élősöködik és planorbidák a köztigazdái (Lotfy és mtsai., 2008). A *Fasciola* és a *Fascioloides* nemzetséget magába foglaló, májban élősöködő klád kb. 56-65 millió évvel ezelőtt, a Proboscidea rend legintenzívebb evolúciós fejlődése idején vált el a fasciolidák ősi fejlődési vonalától (Lotfy és mtsai., 2008; Mas-Coma et al, 2009; Choi és mtsai., 2020).

A *F. magna* legközelebbi rokona a *Fascioloides jacksoni* az indiai elefánt (*Elephas maximus*) májában élősöködő parazita (Le és mtsai., 2020; Rajapakse, 2020). A rendelkezésre álló közvetett bizonyítékok alapján valószínűsíthető, hogy a fasciolidák az ormányosok elterjedésével jutottak el az afrikai őshazájukból Euráziába, majd Észak-Amerikába (Lotfy, 2008). Az ormányosok visszaszorulása 15-18 millió évvel ezelőtt kezdődött, amikor az éghajlat hűvösebbé és szárazabbá vált. Ez azt eredményezte, hogy az ormányosoknak otthont adó erdei és mocsaras élőhelyek lassan átadták a helyet a füves pusztáknak, ahol ezek a nagytestű növényevők kevésbé találták meg az életfeltételeiket (Saarinen, 2019; Sheil, 2020; Cantalapiedra és mtsai., 2021). A füves puszták térnyerésével párhuzamosan megjelentek és terjedni kezdtek a kérődző fajok, amelyek jobban alkalmazkodtak a változatos élőhelyekhez (Codron, 2019; Mennecart és mtsai., 2022).

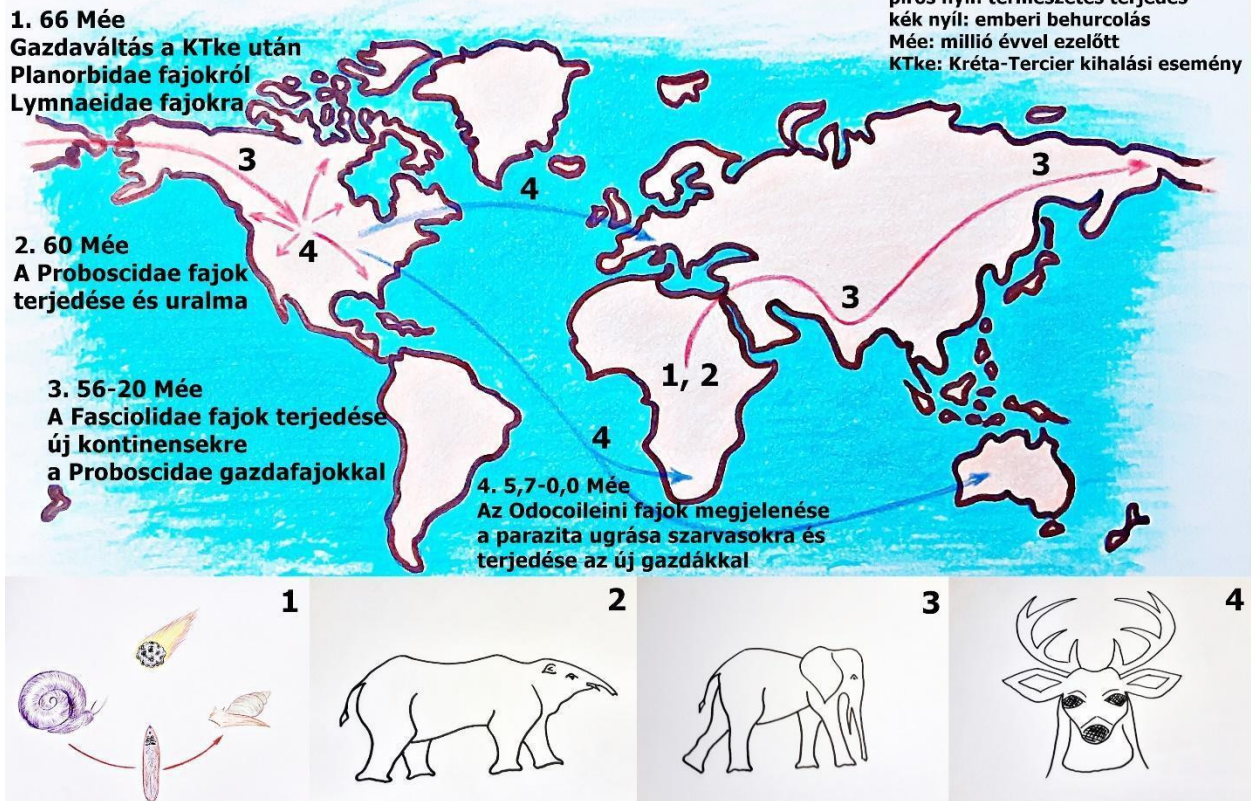
A nagy amerikai májmétely természetes végleges gazdájának ismert fehér farkú szarvas (*Odocoileus virginianus*) ősei kb. 5,3 millió évvel ezelőtt jelentek meg az észak-amerikai kontinensen és vették birtokukba mind Észak-, mind Dél-Amerikát (Gilbert és mtsai., 2006). A parazita gazdaváltása a proboscidák közé tartozó eredeti végleges gazdáról a fehér farkú szarvas ősére valószínűleg Észak-Amerikában történt, és az eredeti gazda populációjának az

összeomlása kényszeríthette ki (Lotfy és mtsai., 2008; Mas-Coma és mtsai., 2009; Codron, 2019; Menecart és mtsai., 2022).

A fehérfarkú szarvas évezredekén keresztül a legnagyobb populációval rendelkező potenciális gazdafaj volt Észak-Amerikában. Az európai telepesek érkezésekor mintegy 23-40 millió egyed élhetett az északi kontinensen. Az intenzív vadászatok hatására azonban kb. 500.000 egyedre csökkent az állományuk az 1800-as évek végére. Ekkor több USA állam is jogszabályi védelemmel próbálta megfékezni a további fogyást, amely intézkedés sikeresnek bizonyult, hiszen mostanra 14-20 millió egyedre becsülik a fehérfarkú szarvas állományát az Egyesült Államokban (Malcicka, 2015).

A nagy amerikai májmetely Észak-Amerikában öt fókuszterületen fordul elő, melyek a következők: a Nagy-tavak régiója (1), a Mexikói-öböl, a Mississippi alsó folyása és az Atlanti-óceán déli partszakasza (2), a Csendes-óceán északi partszakasza (3), a Sziklás-hegység Árok (4), Észak-Quebec és Labrador (5) (Pybus, 2021). Az egyes fókuszterületeken belül előforduló *F. magna* populációk genetikai vizsgálata azt igazolta, hogy a területek viszonylag nagy távolsága és/vagy földrajzi izolációja ellenére az egymástól távoli populációk közeli rokonságban vannak egymással. A mitokondriális DNS citokrom C oxidáz (cox1) és nikotinamid dehidrogenáz (nad1) génfragmenteken alapuló vizsgálata bizonyította, hogy a *F. magna* genetikai diverzitása az észak-amerikai elterjedési területeken is alacsony mértékű, a haplotípus mintázatban mérsékelt elkülönülés csupán a Sziklás-hegység által elválasztott populációrészek között detektálható (Králová-Hromadová és mtsai., 2008; Králová-Hromadová és mtsai., 2011; Parker és David, 2021). A parazita szigetszerű elterjedése és az ennek ellentmondó kismértékű genetikai elkülönülés arra enged következtetni, hogy a parazitafaj visszaszorulása a gazdapopuláció viszonylag gyorsan bekövetkezett összeomlásának az eredménye. Valószínű, hogy ez a folyamat vezetett az újabb gazdaváltáshoz, amelynek során egyéb szarvasfélékhez adaptálódott a parazita. Ez a jelenség gyakorta megfigyelhető a parazitikus életmódot folytató fajok esetében, amikor azok a gazdapopuláció zsugorodása következtében a vele szoros filogenetikai rokonságban lévő fajokra váltanak (Engelstädter és Fortuna, 2019).

A nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) utazása egy folyamatosan változó világban



1. ábra. A nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) evolúciója és terjedése. (Forrás: Cshivincsik és mtsai., 2023 alapján adaptálva a szerzők hozzájárulásával)

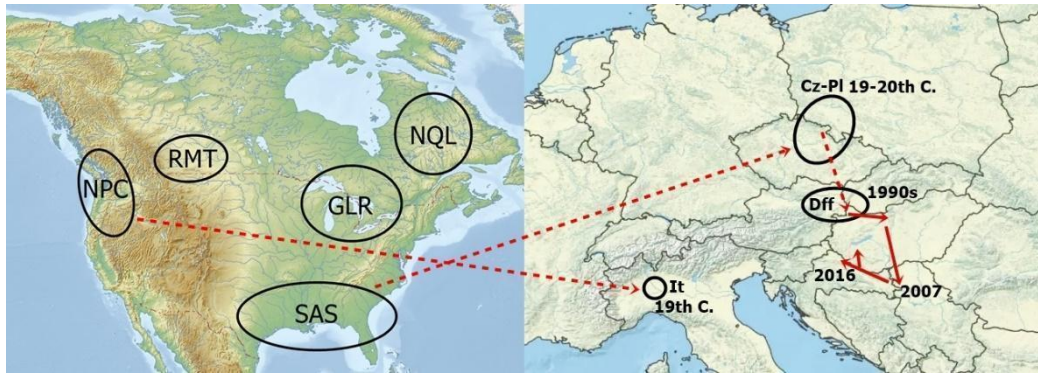
A nagy amerikai májmétely valószínűleg a XIX. század során került Európába, fertőzött szarvasfélék betelepítésével (Swales, 1935; Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022). A faj első leírása is egy európai élőhelyhez köthető. A Torinó közelében található La Mandria Vadasparkban a májmétely-kórhoz hasonló tünetekben beteg szarvasokat figyeltek meg, de az állatok boncolása során előkerült paraziták egyértelműen különböztek a közönséges májmétely (*Fasciola hepatica*) egyedektől. Az új fajt Bassi írta le *Distomum magnum* néven (Bassi, 1875). A parazita, európai felfedezését követően, a század végéig több amerikai élőhelyről is előkerült, ezzel egyértelműen bebizonyosodott az észak-amerikai eredete (Swales, 1935; Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022).

Az észak-olaszországi endémia napjainkig nem mutat terjedési hajlamot, továbbra is a zárt vadasparkon belül maradt (Juhász és Stothard, 2022; Králová-Hromadová, 2016; Malcicka, 2015). A második európai endémiát a német-cseh-lengyel határ közelében fedezték fel a XX. század első harmadában (Salomon, 1932), illetve később mindhárom érintett országból előkerült (Erhardová, 1961; Erhardová-Kotrlová, 1971). Valószínű, hogy ez az

endémia terjedt át a Duna vízgyűjtő területére valamikor a század második felében (**1. ábra**). A cseh-lengyel és a dunai endémiából származó mótelyek genetikai összehasonlítása alapján megállapítható, hogy a Duna mentén terjedő populáció genetikailag kevésbé diverz, ami arra utal, hogy a fertőzést kevés egyed vihette át az új elterjedési területre. Ez a tény pedig felveti a mesterséges behurcolás lehetőségét (Bazsalovicsová és mtsai., 2015).

A Duna mentén az 1990-es években írták le először szlovák (Rajsky és mtsai., 1994), majd hazai kutatók (Majoros és Sztojkov, 1994; Sztojkov és mtsai., 1995). A parazita megtelepedését összefüggésbe hozták a Dunán létesült Gabčíkovo-Nagyymaros vízlépcsőrendszer építésével (Králová-Hromadová és mtsai., 2011), amely megváltoztatta a folyó áramlási sebességét, ezáltal kedvezőbb élőhelyet biztosított a köztigazda csigáknak, ahogy ez megfigyelhető más mótelyfajok járványtanában is (Barakat, 2013; Sokolow és mtsai., 2017). A Duna völgyében rendelkezésre álló kedvező körülmények lehetővé tették a parazita folyamatos terjedését a folyásiránynak megfelelően. A 2000-es évekre már Horvátországból (Marinkulić és mtsai., 2002; Slavica et al, 2006), majd Szerbiából (Trailovic és mtsai., 2012; Mirčeta és mtsai., 2018) jelentették a megjelenését. A Dél-Dunántúl Régióban a Dunától távoli területen, a Kaposvártól délre eső Zselic Tájvédelmi Körzetből került elő, majd az első felfedezést követő vizsgálatok igazolták, hogy a Dráva völgyében is megtalálható. Ekkorra már Barcs város magasságában (Nagy és mtsai., 2018).

Az európai gócból származó mótelyek amerikai eredetének tisztázására irányuló vizsgálatok igazolták, hogy az olaszországi és a kelet-közép-európai populációk más-más észak-amerikai fókuszterületről származnak (Králová-Hromadová és mtsai., 2016), így bebizonyosodott, hogy több állatszállítás során érkezett meg a parazita a kontinensre. Az olaszországi gócban élő mótelyek a Csendes-óceán északi partvidékéről, míg a közép-kelet-európai populáció Dél-Karolina állam területéről, a Mexikói-öböl, alsó Mississippi, Atlanti-óceán déli partvidék fókuszterületről származik (Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022) (**2. ábra**).



2. ábra. A nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) természetes (Észak-Amerika, bal oldali térkép) és behurcolással fertőzött (Európa, jobb oldali térkép) elterjedési területe a behurcolás valószínűsíthető idejével. Folytonos nyíl: természetes terjedés. Szaggatott nyíl: behurcolás állatszállítással. Észak-amerikai elterjedési körzetek megnevezése: NPC= a Csendes-óceán északi partvidéke, RMT= Sziklás-hegység árka, NQL= Észak-Quebec & Labrador, GLR= Nagy tavak vidéke, SAS= az Atlanti-óceán déli partvidéke. (Forrás: Cshivincsik és mtsai., 2023)

A parazita Európában inváziós fajnak tekinthető. Az európai szarvasfélékhez látszólag nehézség nélkül adaptálódta behurcolását követően. Ebben valószínűleg az a körülmény is közrejátszhatott, hogy a faj evolúciója során többször is alkalmazkodni kényszerült a potenciális gazdák megfogycsoportjához. A Fasciolidae család evolúciójának kezdetén a kréta-tercier kihálási esemény csökkentette a rendelkezésre álló gazdák számát és diverzitását (Farrell és mtsai., 2021), később a proboscidák visszaszorulása miatt vált szükségessé az egyre gyarapodó kérdődzök felé történő váltás (Lotfy és mtsai., 2008).

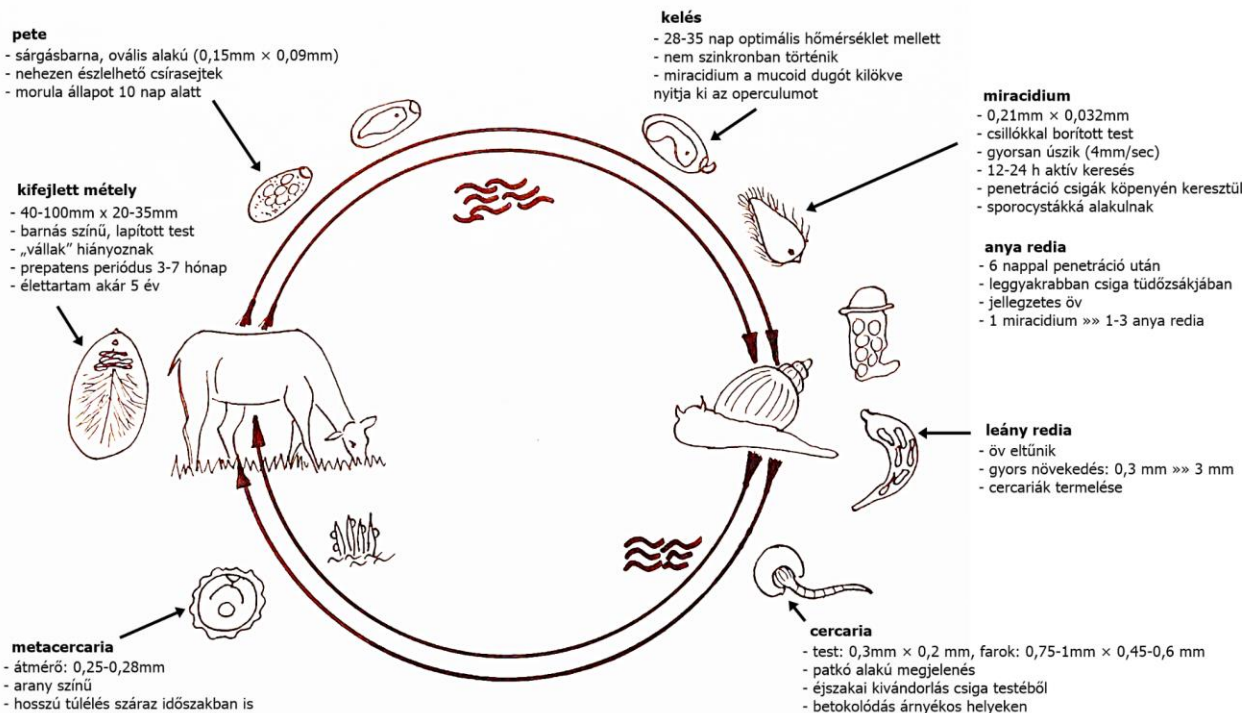
A *F. magna* észak-amerikai fennmaradását és elterjedését lehetővé tevő fehérfarkú szarvasok túlvadászása lehetett a következő kényszerítő tényező, amely részleges gazdaváltást okozott egyéb, észak-amerikai szarvasfajok, így a wapiti (*Cervus elaphus canadensis*) és a karibu (*Rangifer tarandus*) felé (Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022). A faj európai megtelepedését valószínűleg egészen kicsi populációhányad áttelepítésének köszönheti, amely valószínűleg erős palacknyak-hatást gyakorolt a populációra (Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022). Ezekhez a kedvezőtlen körülményekhez mindig nagyon jól alkalmazkodott és a genetikai diverzitásának csökkenése ellenére képes terjedni Európában.

A parazita fejlődési ciklusa patás végleges gazda fajokban és a Basommatophora alrendbe tartozó tüdőcsigák köztigazda fajokban játszódik le (Correa és mtsai., 2010; Kassai, 2011). A gazdák májában élnek a kifejlett mételyek, amelyek petéi a gazda bélsarával jutnak a külvilágra. A belőlük kikelő lárvastádium, a miracidium fertőzi a köztigazda csigát (**3. ábra**).



3. ábra. Szabadon úszó miracidium a kikelést követően – a cercariák mellett a *Fascioloides magna* környezetben előforduló fejlődési stádiuma, amelynek a 22-25 °C víz hőmérséklet a legfontosabb környezeti igénye. (Forrás: saját fotó)

A csigában aszexuális szaporodás zajlik, amelynek során a miracidiumokból anyarediák lesznek, amelyek leányrediákat hoznak létre, ezek cercariává alakulva hagyják el a csiga testét. Egy-egy miracidiumból akár 1000 cercaria is létrejöhet (Pybus, 2021). A cercariák a vízi növényzethez úszva metacercariává alakulnak, vagyis burkot fejlesztenek maguk köré és nyugalmi állapotba kerülnek. A végleges gazdák a metacercariákkal fertőzött növényzet legelésével fertőződnek (Swales, 1935; Campbell, 1961; Kassai, 2011) (4. ábra).



4. ábra. A *Fascioloides magna* fejlődési ciklusa. (Forrás: Csivincsik és mtsai., 2023 alapján adaptálva a szerzők hozzájárulásával)

A végleges gazdáiban a fiatal mótelyek átfúrják a bélfalat és a hasüregen keresztül vándorolva megérkeznek a máj állományába. A máj állományában intenzíven vándorolva keresik a szaporodási partnerüket (Houszka és mtsai., 2016). Ha sikerül a vándorlás közben partnert találniuk, vagy más okból függesztik fel a vándorlást, a gazdaszervezet kötőszövetes tokot, úgynevezett pszeudocisztát képez körülöttük. A tokban 1-3 mótely, szövettörmelék, illetve a mótelyek anyagcsere-termékei találhatóak (Marinkovic és mtsai., 2013).

A friss fertőzések következtében a máj felszínén és az állományában jól láthatóak a parazita vándorlásának nyomai (**5. ábra**). A vándorlási útvonalak mentén a szövetsérülés következtében vér lép ki, amely idővel feketésen elszíneződik és hematin formájában lerakódik a sérült szövetben (Sommer és mtsai., 2022).



5. ábra. Barnás-fekete csíkolat a megnagyobbodott máj felszínén: a juvenilis mótelyek vándorlásának nyoma. (Forrás: saját fotó)

A régebb óta fennálló fertőzésekben a máj felszínére is elődomborodó, a szerv fiziológiás formáját eltorzító pszeudociszták láthatóak (**6. ábra**). A pszeudociszták fala szívós, szürkésfehér színű kötőszövet, a ciszták üregét megnyitva abból zöldesbarna, sűrű folyadék ömlik a felszínre. A pszeudociszták közötti májszövetben a májsejtek károsodása, illetve fibrózis detektálható a kórszövettani vizsgálatokkal (Marinkovic és mtsai., 2013).



6. ábra. Extrém nagyságú, vastag falú pszeudociszta gímszarvas (*Cervus elaphus*) májában: a cisztatartalom nagy mennyiségű, szürkésbarna színű szövettörmeléket tartalmaz. (Forrás: saját fotó)

A végleges gazdákat a bennük megfigyelhető kórtani elváltozások, valamint a parazita ciklusában betöltött szerepük alapján három csoportba soroljuk (Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022). A valódi, az angolszász szakirodalomban definitív gazdaként említett, gazdafajok közé tartozik a fehérfarkú szarvas, illetve minden olyan szarvasféle, amelyben a parazita képes befejezni a fejlődési ciklusát. Ezekben a fajokban a kialakuló kötőszövetes tok fala kevésbé vastkos, a körülötte található epeereket beolvasztja, ezáltal a pszeudociszta falán apró nyílások keletkeznek, amelyeken keresztül a mételyek által termelt peték eléri a nagyobb epeutakat, ezáltal bejutnak a bélcsatornába, onnan pedig a gazda bélsarával a külvilágba (Králová-Hromadová, 2016). A valódi gazdákra jellemző, hogy súlyosabb klinikai tüneteket csak olyan populációikban lehet tapasztalni, ahol a fertőzés még csak rövid ideje van jelen (Juhász és Stothard, 2022). A megnyugodott endémiákban a valódi gazdák fertőzöttsége, éppen a kórbonctani tünetek enyhe volta miatt, alul detektált (Sommer és mtsai., 2022). Az európai ökoszisztémákban a gímszarvast és a dámszarvast (Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016) és újabban az őzet (Konjevic és mtsai., 2021; Halász és mtsai., 2023) tekintik valódi gazdáknak.

A végleges gazdák második csoportjába tartoznak a zsákutca (dead-end) gazdák. Ezekben a fajokban olyan erős szöveti reakció alakul ki a májbeli vándorlásukat befejezett mételyek körül, hogy a tok tökéletesen izolálja a parazitákat a külvilágtól. Ha képesek is befejezni a fejlődésüket és elkezdenek petét termelni, azok nem képesek a külvilágra jutni, így a zsákutca gazdák közé tartozó fajok nem járulnak hozzá a féreg terjedéséhez. Ebbe a csoportba tartozik a szarvasmarha (Juhász és Stothard, 2022), a ló (McClanahan és mtsai., 2005), és a sertésfélék (Migaki és mtsai., 1971). A zsákutca gazdákra is jellemző, hogy nem mutatnak

súlyosabb klinikai tüneteket, de egy adott terület fertőzöttségét jól jellemzi az onnan származó vágóállatok vágóhídi májkobzásának aránya (Swales, 1935; Juhász és Stothard, 2022). A pszeudociszták esetleges mechanikai sérülése alkalmanként hozzájárulhat ahhoz, hogy a zsákutca gazda is petéket ürítsen (Malcicka, 2015). A hazai természetes ökoszisztémákban a vaddisznó tölti be a zsákutca gazda szerepét. A vaddisznó járványtani kockázatát növeli az a tény, hogy vadászata során a zsigerek sokszor az erdőterületen maradnak, melyeket aztán dögevő ragadozók hurcolhatnak szét, így terjesztve az esetleg életképes petéket (Juhász és Stothard, 2022).

További kockázatot jelent az a kórtani változás, amelyről Konjevic és mtsai számoltak be, horvátországi vaddisznók boncolását követően. A kutatók leírtak egy olyan pszeudocisztát, amelynek szerkezete a valódi gazdáiban tapasztaltakhoz hasonló felépítésű volt és a ciszta belsejében érett petéket is találtak. A vizsgálati eredmények alapján nem zárták ki annak lehetőségét, hogy a vaddisznó gazdafaj és a parazita között zajló koevolúciós folyamat eredményeként a vaddisznó gazdaszerepe megváltozhat (Konjevic és mtsai., 2017).

A harmadik csoportba sorolhatóak az aberráns gazdák. Ezekben a parazita nem képes befejezni a fejlődését, mert a gazda szervezetében okozott kórtani elváltozások olyan súlyosak, hogy a fejlődési ciklus befejezését megelőzően a gazda pusztulását okozzák. Ebbe a gazdacsoportba sorolhatók a kisebb testméretű kérődzők, így a házi juh és kecske, a muflon (*Ovis aries musimon*) (Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016), a zerge (*Rupicapra rupicapra*) (Erhardová-Kotrlá és Blazer, 1970; Konjevic és mtsai., 2017), illetve az európai endémiát elemző korai tanulmányok ide sorolták az őzet is (Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016).

Az őzről azóta kiderült, hogy képes a fertőzést pszeudociszta képzésével helyhez kötni, illetve szervezete alkalmas a parazita fejlődési ciklusának befejezésére (Demiaszkiewicz és mtsai., 2018; Konjevic és mtsai., 2021; Filip-Hutsch és mtsai., 2022; Halász és mtsai., 2023). Feltételezhető, hogy az őz kis testmérete miatt nehezebben tolerálja a sok métellyel történő fertőződést (Malcicka, 2015). Ugyanakkor meg kell jegyezni, hogy az Európában őshonos szarvasfélék közül az őz áll rendszertanilag legközelebb a nagy amerikai májmétely természetes végleges gazdájához, a fehérfarkú szarvashoz (Gilbert és mtsai., 2006).

A végleges gazdáiban látott riasztóan látványos májelváltozások miatt a vadgazdálkodókban felmerült az igény a betegség elleni gyógyszeres védekezésre. A közönséges májmétely (*F. hepatica*) gyógykezelésében alkalmazott triklabendazol hatóanyag

bizonyult a leginkább hatékonyak a zárt állományokban, egyedi adagolással elvégzett gyógykezelési kísérletekben (Konjevic és mtsai., 2018). Az állománykezelések és még inkább a szabad területi gyógykezelések azonban csupán átmeneti és részleges sikereket hoztak, a parazita megtelepedését és továbbterjedését nem lehetett megakadályozni (Konjevic és mtsai., 2018; Juhász és Stothard, 2022), ugyanakkor jelentős élelmiszerlánc-biztonsági kockázatot jelent a szabad területre kihelyezett parazitaellenes hatóanyag ellenőrizetlen felvétele a nem a célfajba tartozó vadon élő állat által.

A parazita elleni védekezési stratégiák jelenlegi fókuszterülete a köztigazda csigáknak élőhelyet biztosító vizes élőhelyeket célozzák. A tócsák kikerítése a vadasparki szarvasok legelőterületéből, illetve a legeltetett háziasított kérődzők legelőinek izolálása a vadállományok élőhelyétől (Swales, 1935; Slavica és mtsai., 2006) csökkenti a parazita terjedésének kockázatát az ember alkotta környezetben tartott állatok esetében. A természeti környezetben történő terjedés lassítására jelenleg nem rendelkezünk hatékony módszerekkel.

A parazita fejlődésében köztigazda szerepet betöltő csigák a Lymnaeidae családba tartozó iszapcsigák. Európában elsősorban a *Galba truncatula* vesz részt a parazita ciklusában, de a *Radix labiata/peregra* fajban is képesek fertőzőképes cercariák fejlődni (Correa és mtsai., 2010). Észak-Amerikában több csigafaj, így a *Lymnaea modicella*, *L. caperata*, *Galba* (syn. *Lymnaea*) *bulimoides*, *Fossaria* (syn. *Lymnaea*) *parva*, *Stagnicola* (syn. *Lymnaea*) *palustris nuttalliana*, és a *Pseudosuccinea columella* képes a köztigazda szerepét betölteni (Rondelaud és mtsai., 2014; Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016; Pankrác és mtsai., 2016; Juhász és Stothard, 2022). Ezek a csigák mind nagyon hasonló környezeti igényekkel rendelkeznek. Alapvetően az álló vagy lassú folyású felszíni vizek partmenti, jól felmelegedő részein élnek (7. ábra), és jellemzően a parti iszapban és a vízi növényzet levelein felhalmozódó szerves törmelékekkel táplálkoznak (Soldánová és mtsai., 2010; Selbach és mtsai., 2020).



7. ábra. Tavi ökoszisztéma sekély partmenti régiója gazdag vízinövény-társulással, amely ideális élőhelyet biztosít a Lymnaeidae iszapcsigák számára. Kis kép: törpe iszapcsiga (*Galba truncatula*). (Forrás: Nagy Eszter, a szerző hozzájárulásával)

Bár elterjedésük a mérsékelt égöv alacsonyabb tengerszint feletti magasságú régiókban jellemző (Malcicka, 2015; Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022; Juhász és Majoros, 2023), megtaláljuk őket a magashegységi (Bargues és mtsai., 2012; Sturm, 2012) és a trópusi (Grabner és mtsai., 2014; Alba és mtsai., 2019; Ngcamphalala és mtsai., 2022) területeken is.

A csigák környezeti igényeinek tanulmányozása során elsődlegesen a víz áramlási sebességéről bizonyosodott be, hogy jelentős mértékben növeli a csigapopuláció méretét, ezáltal a csigákban élősködő mételyfajok fertőzési kockázatát a végleges gazdáikban (Lockyer és mtsai., 2004). Hasonló hatása van a vizek mezőgazdasági eredetű szennyeződésének, amely eutrofizációt okoz, megnövelve ezzel a csigák számára hasznosítható táplálékbázis, az aljzaton és a vízi növényeken felhalmozódó szerves törmelék mennyiségét (Soldánová és mtsai., 2010; Sturm, 2012) (**8. ábra**).



8. ábra. Az eutrofizáció látható jelei az endémiás terület egyik halastaván (Ropolyi tó, Zselic): a szerves szennyeződés miatt kialakult vastag, parti iszapréteg gazdag vízínövényzet számára nyújt tápközeget, a tó felszínét békalencse (*Lemnoidae*) borítja. Ez az élőhelytípus megfelel a köztigazda iszapcsigák számára, emiatt a mezőgazdasági szennyezés növeli a fascioloidosis kockázatát az európai szarvaspopulációkban. (Forrás: saját fotó)

Az ipari eredetű szennyeződések, elsősorban a nehézfémek, ugyanakkor kedvezőtlenül hatnak mind a csigák, mind a vízben úszó cercariák túlélésére (Outa és mtsai., 2020). A savas karakterű vizekben pedig akadályozott a csigaház felépülése, ezért az ilyen vizeket is kerülik a *Lymnaeidae* fajok (Skowronska-Ochmann és mtsai., 2012; Juhász és Stothard, 2022).

Az eutrofizációs folyamatok erősödésében fontos szerepet töltenek be a víz felszínén lebegő, azt beborító hínárfajok, amelyek lebegő gyökereikkel lelassítják a víz áramlását, búvó- és szaporodóhelyet biztosítanak a csigáknak, növelik a víz szervesanyag-tartalmát, ezáltal a csigák táplálékbázisát (**9. ábra**). Ezek közül a növények közül azok jelentenek kifejezetten magas kockázatot, amelyek az érintett ökoszisztémában inváziós fajként terjednek, természetes ellenségek nélkül, szinte korlátlanul. Az inváziós lebegő hínárok elszaporodása és egyes mételyfajok endémiáinak felerősödése között már több esetben is sikerült egyértelmű ok-okozati kapcsolatot bizonyítani (Plummer, 2005; Abe és mtsai., 2018; Garcia-Murillo, 2023).



9. ábra. Az úszóhínárok, mint a fotón is látható tündérfátyol (*Nymphoides peltata*) felgyorsítják az eutrofizációt, mert lebegő gyökereik lelassítják a vízáramlás sebességét és elősegítik az üledékképződést. Néhány ilyen faj inváziós fajként viselkedik a természetes elterjedési területén kívül, a klímaváltozás pedig felgyorsítja ezt a folyamatot. A kép az Ó-Dráva egyik csatornáján készült. (Forrás: saját fotó)

A klímaváltozás hatására folyamatosan melegebb környezeti hőmérséklet növeli a kockázatát az idegenhonos fajok megtelepedésének és inváziós fajjává válásának, ami a jövőben növelheti egyes indirekt fejlődésű, vizes élőhelyekhez kötődő paraziták fertőzési kockázatát a végleges gazdáiban (Hussner, 2012; Hrivnák és mtsai., 2019). A nagy amerikai májmétely és az inváziós vízinövények esetleges kapcsolatát, tudomásom szerint, még nem vizsgálták.

Az inváziós képességű csigafajok közül azonban a *Pseudosuccinea columella* esetében már több mételyfaj fejlődési ciklusát vizsgálva is bebizonyosodott, hogy megjelenése jelentősen növeli a végleges gazda fertőződésének kockázatát. A *P. columella* megtelepedése az egyiptomi öntözőcsatorna-rendszerekben a *Fasciola gigantica* helyi endémiájának felerősödéséhez vezetett (Grabner és mtsai., 2014), míg a Zambézi folyón létesített Kariba tavon a vízilovak között kezdődött súlyos, *Fasciola nyanzae* járvány a csigafaj elszaporodása következtében (Schols és mtsai., 2021). Mindkét esetben a Dél-Amerikából betelepített, invazív vízijácint (*Eichhornia crassipes*) nagymértékű elszaporodása tette lehetővé a természetest meghaladó méretű csiga-populáció kialakulását (Grabner és mtsai., 2014; Schols és mtsai., 2021). A hazai ökoszisztémában egyelőre nem azonosítható egyetlen olyan inváziós növény vagy csiga sem, amely egyértelműen hozzájárulhatna a nagy amerikai májmétely járványtani kockázatának növekedéséhez. Ugyanakkor meg kell jegyezni, hogy az édesvízi ökoszisztémákat veszélyeztető inváziós növényfajok szempontjából Magyarország az egyik leginkább veszélyeztetett ország az Európai Unióban (Hrivnák és mtsai., 2019).

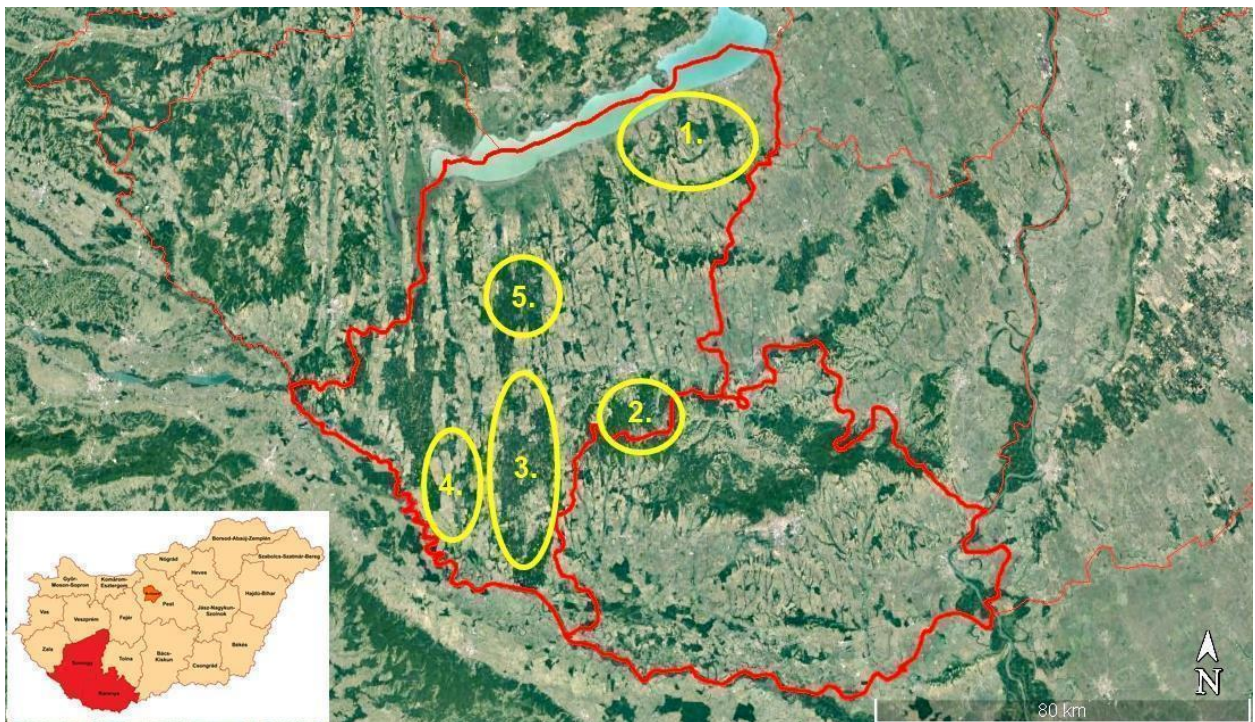
A *P. succinea* csiga jelenlétét már több hazai vizes élőhelyen is észlelték (Vignoles és mtsai., 2018; Varga és Lókkös, 2021). A csiga Észak-Amerikában őshonos, első európai előfordulásai zárt botanikus kertekhez kötődtek. Feltételezik, hogy jellemzően vízínövényekkel importálták véletlenszerűen. Az első szabad területi megjelenést Franciaországban írták le egy 2004-2006. között zajlott vizsgálat eredményeként (Pointier és mtsai., 2007), amely után a faj gyors terjeszkedésbe kezdett az érintett vízrendszerben, kiszorítva az őshonos fajokat, így a *Galba truncatula*t is (Vignoles és mtsai., 2018). A mesterséges fertőzési kísérletek azt mutatják, hogy a *P. succinea* kifejezetten fogékony a *F. magna* fertőzésre, benne nagyszámú cercaria tud kifejlődni és az allopatrikus fertőzések is eredményesek, amikor eltérő területről származó csigákat és mótelyeket használnak a fertőzési kísérletben (Pankrác és mtsai., 2016).

Az eredményes védekezési stratégia kialakításához szükséges a parazita környezeti igényeinek megfelelő ismerete, amelyeket nagyrészt a köztigazda fajok környezeti igényei határoznak meg (Lockyer és mtsai., 2004). A végleges gazdafajokban zajló biológiai ciklus sajátosságainak ismerete pedig lehetővé teszi az egyes vadpopulációk hordozta járványtani kockázat becslését, illetve az új területeken történő megtelepedés és terjedés előre jelzését. A hazai ökoszisztémában való terjedés tanulmányozása ráirányíthatja a figyelmet azokra a környezeti tényezőkre, amelyek növelhetik vagy éppen csökkenthetik a járványtani kockázatot, illetve a betegség kártételét a vadon élő és a házasított gazdapopulációkban.

4. ANYAG ÉS MÓDSZER

4.1 A vizsgálati területek

A vizsgálatok alapját képező mintákat jellemzően Somogy vármegye, kisebb hányadát pedig Baranya vármegye területén fekvő, kb. 800 km²-nyi területet reprezentáló vadászterületekről gyűjtöttük. A területekből öt a SEFAG Erdészeti és Faipari Zártkörűen Működő Részvénytársaság, a hatodik pedig a nagybajomi székhellyel működő Dél-Dunántúli Fauna Vadászati Társaság kezelésében áll (10. ábra).



10. ábra. A vizsgálati területek elhelyezkedése. (Megjegyzés: piros vonal=vármegyék határai, sárga vonal=mintát szolgáltató vadászterületek, 1. SEFAG Zrt. Szántódi Erdészete, 2. SEFAG Zrt. Zselici és Kaposvári Erdészete, 3. SEFAG Zrt. Lábodi Vadászterdészete, 4. SEFAG Zrt. Iharosi Erdészete (Zsitfapuszta), 5. Dél-Dunántúli Fauna Vadászati Társaság) (Forrás: saját ábra a Google Earth Pro applikáció felhasználásával)

A SEFAG Zrt. Zselici és Kaposvári Erdészete irányítási szempontból két különálló egység, de a továbbiakban egy egységként hivatkozunk rá, mivel helyileg mindkettő a Zselic-dombságban helyezkedik el, illetve az előzetes adataink alapján (Nagy és mtsai., 2018) egy járványtani egységet képeznek. Hasonlóan az előbb említett két erdészethez, a Lábodi Vadászterdészet és az Iharosi Erdészet zsitfapusztai területeit, a nagyon hasonló jellegzetességeik miatt szintén egyben mutatjuk be.

Somogy vármegye a Dél-Dunántúli Régió legnagyobb vármegyéje, a Dél-dunántúli Vadgazdálkodási Táj része (letöltés időpontja: 2024. május 24. <https://cdn.kormany.hu/uploads/document/4/4f/4f1/4f16a1ebe9cb787ee399308587957811315c0b5b.pdf>). A területre jellemző a gímszarvas és a vaddisznó vadfajok dominanciája. A dámszarvas és az őz jelentősége alárendelt a térség vadgazdálkodásában. A vizsgálati területre jellemző terítékadatok az **1. táblázat** tartalmazza.

4.1.1 Első mintaterület: Külső-Somogy

A Külső-Somogyban fekvő Szántódi Erdészet területe 18 000 ha. A terület tengerszint feletti magassága jellemzően 150-250 m között változik. A völgyekre alapvetően az É-D-i irányultság jellemző. A terület klímája az összes vizsgálatba bevont terület közül a legszárazabb. Az éves középhőmérséklet 10,2 °C, az éves átlagos csapadékmennyiség 650 mm, amelynek valamivel több, mint fele (365 mm) a tenyészidőszakban hullik le. A terület erdő- és mezőgazdasági területekkel való borítottsága kb. 50-50%. Az állandó hozammal rendelkező felszíni vizek száma csekély, a mintavételi területen a vízháztartás enyhén veszteséges. Az állományalkotó fafajok közül legjellemzőbbek a tölgy fajok (*Quercus* spp.), azon belül is jellemzően a csertölgy (*Q. cerris*), a gyertyán (*Carpinus betulus*), valamint az állandó vízfolyások partjain az ártéri égeresek (*Alnus* spp.).

4.1.2 Második mintaterület: Zselic

A Zselici és a Kaposvári Erdészetek összevont nagysága megközelíti a 17 000 ha nagyságot. A két vadászterület a Zselici-dombságban található. Felszíne igen változatos, magas dombhátak és szűk völgyek jellemzik. Az átlagos tengerszint feletti magassága 130-270 méter között változik. Klímája nagyon változatos, alapvetően szubmediterrán és szubmontán klímahatás alakítja. Az éves átlagos középhőmérséklet 10 °C körül alakul. A csapadék átlagos mennyisége 730-760 mm, amelynek kb. kétharmada (420-440 mm) a tenyészidőszakban esik. Az erdőborítás nagysága kb. 45-50%, a fennmaradó hányadon jellemzően mezőgazdasági tevékenység folyik.

A nagy kiterjedésű erdős területek inkább a Zselici Erdészet területén fordulnak elő. Jellegzetes állományalkotó fafajok a különböző tölgyek (*Quercus* spp.), a hársfélék (*Tilia* spp.), a gyertyán (*Carpinus betulus*), a mély völgyekben és az északi kitettséggű lejtőkön a bükk (*Fagus sylvatica*), illetve a völgytalpakon az égerfélék (*Alnus* spp.). A mezőgazdasági területek

aránya kb. 45%. A fennmaradó borítást vizes élőhelyek, felszíni vizek, illetve a szórványosan előforduló kisebb települések adják.

A Zselici Erdészet területének jellegzetességét egy 6000 ha-os erdőtömb adja. A mezőgazdasági területek jellemzően az erdészet periferiáján helyezkednek el. A Kaposvári Erdészet területén a két fő felszínborítási kategória egyenletesebb mozaikossággal van jelen. A vizsgálati területen a felszíni vizek, illetve vizes élőhelyek (mocsárrétek, égeresek stb.) alapvetően a völgytalpakon találhatók. Vizek tekintetében a két erdészet közötti alapvető különbség, hogy a nyugati területeken az időszakos vízfolyások dominálnak, míg a keleti részen a vízellátottságot egy állandó vízfolyás, a Surján-patak biztosítja.

4.1.3 Harmadik és negyedik mintaterület: Belső-Somogy déli része

A Belső-Somogy déli részén található lábodi és zsitfapusztai területek jellemzően síkvidéki jellegűek. A tengerszint feletti magasság 107-193 m között változik. Az alacsonyabb fekvésű területeket jellemzően a Dráva folyóhoz közel találjuk. A vizsgálati terület klímáját 10,3 °C átlagos középhőmérséklet és 700-730 mm éves csapadék jellemzi. A terület vízellátottsága nagy jónak mondható, a területen sok, állandó hozammal rendelkező felszíni vízfolyás és az ezeken kialakított halastó található. Arányuk a terület kb. 5%-a. Mivel a talajvíz viszonylag közel helyezkedik el a felszínhez, a területeken jelentős a vizes élőhelyek (mocsarak, láprétek, égeresek (*Alnus* spp.)) aránya.

A Lábodi Vadászterület területe 47 000 ha, míg Zsitfapusztán és környékén 6500 ha-on gazdálkodnak. Az éger mellett dominánsak a különböző tölgy fajok (*Quercus* spp.), a fehér akác (*Robinia pseudoacacia*), a vizes élőhelyeken előforduló puhafa ligeteket alkotó fűzek (*Salix* spp.) és nyárok (*Populus* spp.), illetve a kisebb arányban előforduló állományalkotó faj az erdeifenyő (*Pinus sylvestris*) is. Az erdővel borított és a mezőgazdasági műveléssel hasznosított területek aránya kb. 45-45%.

4.1.4 Ötödik mintaterület: Belső-Somogy északi része

A Dél-Dunántúli Fauna Vadászati Társaság kezelésében lévő 11000 ha-os terület szintén Belső-Somogy északi peremén található. A vizsgálati helyszín jellegzetesen síkvidéki, átlagos tengerszint feletti magassága 120-160 m között változik. A vadászterületet magába foglaló tájegység klímája szubmediterrán jellegű. Az éves átlaghőmérséklet 10,2 °C, míg az évente lehulló csapadék jellemzően 700-760 mm között alakul. Az 55-60% közötti átlagos júliusi

relatív páratartalomnak köszönhetően a terület a gyertyános-tölgyes erdészeti klímakategóriába tartozik. A területre jellemző egyik természetes fás társulás a gyertyános – kocsányos tölgyes (*Quercus robur* – *Carpinetum*), amely azonban csak a területnek mintegy 1,5%-át borítja (Führer, 2018). A terület legjellemzőbb erdős társulása (a terület 25,5 %-án) az égeres, a teljes erdőborítottság pedig kb. 40%, de viszonylag jelentős állományalkotó fafaj az erdeifenyő (*Pinus sylvestris*) és az akác (*Robinia pseudoacacia*). A vidék legjellemzőbb tájhasználati módja a mezőgazdálkodás (szántó- és gyepgazdálkodás), 60% körüli aránnyal. A mezőgazdasági területeket alapvetően a gyepek és a szántók jelentik. Ez utóbbiak sok esetben a patás vad számára telepített kultúrák.

A talajfelszínen nagyon sok időszakos és állandó vízfolyás található, amelyek több, régen halastóként hasznosított tavat táplálnak. Az időszakos vízfolyások hozamát alapvetően a talajvíz mennyisége befolyásolja. Jelentős vízhozamok azonban csak a tavaszi-kora nyári időszakban figyelhetők meg. Az állandó felszíni vizek előfordulása Belső-Somogy e részén elhanyagolható.

A vadgazdálkodást a nagyvadfajok dominanciája határozza meg. A terület további vadgazdálkodási jellegzetessége, hogy nagy és manapság is folyamatosan növekvő aranysakál-populáció él itt, amely betölti a csúcsragadozó, illetve a legfontosabb dögevő szerepét. Az aranysakál nagyvad-populációkra ható állományszabályozó szerepe folyamatosan vitatott. Nagyobb testű ragadozófaj jelenléte a területen nem bizonyított.

1. táblázat. A 2019-2023. közötti időszakot jellemző terítékadatok (egyed/km²) a mintavételi területeken.

	2019/2020 vadászati év	2020/2021 vadászati év	2021/2022 vadászati év	2022/2023 vadászati év
gímszarvas				
Zselic	2,38	2,56	3,1	1,63
Szántód	3,41	3,14	4,16	3,92
Lábod	1,23	1,05	1,55	1,16
Zsitfapuszta	1,22	1,51	1,69	1,58
Nagybajom	4,38	2,45	2,77	2,60
dámszarvas				
Zselic	0,14	0,27	0,21	0,21
Szántód	0,64	0,62	0,81	0,44
Lábod	0,77	0,85	0,95	0,58
Zsitfapuszta	0,02	0,02	0	0,03
Nagybajom	0,22	0,18	0,30	0,32
őz				
Zselic	0,81	0,77	0,59	0,24
Szántód	0,34	0,31	0,42	0,39
Lábod	0,22	0,19	0,21	0,12
Zsitfapuszta	0,25	0,06	0,18	0,33
Nagybajom	0,23	0,27	0,20	0,05

4.2 Mintagyűjtés

A vizsgálat mintáit a 2016. során felfedezett dél-dunántúli endémia területéről (Nagy és mtsai., 2018) gyűjtöttük össze a 2018-2022. közötti időszakban. Valamennyi, a vizsgálatba bevont minta olyan vadtestekből származott, amelyeket a vadászterület rendes vadászati tervének keretében hasznosítottak, az egyedek elejtésének célja nem a tudományos vizsgálat elvégzése volt.

Az állatok zsigerelesét követően a májat boncoló kést használva a környező szövetektől megtisztítottuk és úgy választottuk le, hogy a májkapui nyirokcsomók ne sérüljenek. Az egész szervet műanyag zsákba helyeztük és a zsákot a vadtest nagyvadazonosító számával jelöltük meg. A mintakísérő feljegyzésekben pedig rögzítettük az elejtés helyét, idejét, az állat ivarát, becsült korát, illetve az egészségi állapota szempontjából releváns egyéb körülményeket. A jelölést és a dokumentáció kitöltését követően a mintákat laboratóriumba szállítottuk a vizsgálatok elvégzése céljából. Amennyiben nem volt azonnal megoldható a májminták vizsgálata, azokat 2-4 °C-os hőmérsékleten hűtőben tároltuk (legfeljebb 5 napig). A pete keltetési vizsgálathoz gyűjtött májmintákat az elejtést követő zsigereleskor a lehető leghamarabb leválasztottuk, azonnal laboratóriumba szállítottuk, és 24 órán belül feldolgoztuk.

Az ülepítéses vizsgálat hatékonyságának ellenőrzése céljából a zsigereleskor bélsármintát gyűjtöttünk a végbélből. A mintát azonnal laboratóriumba szállítottuk és a feldolgozásig 4 °C-on tároltuk, majd 48 órán belül feldolgoztuk.

4.3 A máj minták boncolásos vizsgálata

A laboratóriumba szállított minták kórbonctani feldolgozása során Shury és mtsai. (2019) munkájában leírt módszertant követtük. A laboratóriumban a mintát megtisztítottuk, eltávolítottuk a szervről a faggyút, majd a felszínét lemostuk, hogy egyértelműen elbírálnak a májfelszíni elváltozások. A pszeudociszták és az azokban előforduló mételyek számának meghatározásához a szerveket 0,5-1 cm széles szeletekre vágtuk. A vágási felszín minden egyes bemetszést követően közepes erősségű vízszugárral alaposan lemostuk. Amennyiben a vágás egy pszeudocisztát is feltárt, annak tartalmát 5 ml-es steril fecskendővel azonnal összegyűjtöttük, majd 100 µm pórusátmérőjű szitán átmostuk. A leszűrt tartalmat desztillált vízzel 15 ml-re egészítettük ki és a vizsgálat megkezdéséig steril műanyag csövekben tároltuk. A keltetéshez a két gazdafajból származó petéket külön-külön gyűjtöttük oly módon, hogy elkülönítettük az egy és a több mételyt tartalmazó pszeudocisztákból kinyert tartalmat. A feldolgozás során feljegyeztük, hogy egy-egy májban hány darab pszeudociszta volt megtalálható, illetve közülük hány tartalmazott egy, két vagy három mételyt.

Ezt követően a máj mintát műanyag vödörben kb. 5 liter 37 °C-os vízbe helyeztük, ahol a szerv szövet állományát kézzel szétmorzsoltuk. A beavatkozás után a nagyobb szövetdarabokat eltávolítottuk. Az így széttroncsolt szervből a vödör aljában lévő üledéket pedig egy szita segítségével felfogtuk, amelyből az izolált férgeket összegyűjtöttük.

A májból izolálható, szabad szemmel is felismerhető és azonosítható *F. magna* egyedek jelenléte alapján az egyes mintákat “fertőzött” és “nem fertőzött” kategóriákba soroltuk, a májkárosodás mértéke szerinti további csoportokat nem képeztünk. A kizárólag a fiatal mételyek vándorlása nyomán kialakult vérzéses elváltozásokat és a hematin lerakódását nem tekintettük a fertőzés egyértelmű jelének, mert nem rendelkezünk olyan kiegészítő diagnosztikai módszerrel, amellyel kétséget kizáróan megerősíthetnénk a nagy amerikai májmétely kórtani szerepét. Ez főként az enyhe fertőzések esetében okozhat diagnosztikai bizonytalanságot, ezért az a döntés született, hogy a csupán a parazitavándorlás jeleit mutató mintákat, a kiterjedés súlyosságától függetlenül a “nem fertőzött” kategóriába soroljuk. Ez a megközelítés megegyezik a legtöbb parazitológiai szakirodalmi forrásban közöltekkel (Tóth, 2012).

4.4 A paraziták morfológiai azonosítása

Az izolált parazitákat elsősorban morfológiai sajátosságaik, így a jellegzetes testalakulás, a testhossz és szélesség alapján határoztuk meg, amelyhez Králová-Hromadová és mtsai. (2016) munkáját használtuk (**2. táblázat**). A mételyek ivarérettségét a kavernákból, fecskendő segítségével gyűjtött cisztatartalom mikroszkópos vizsgálatával bíráltuk el, melyekben petéket kerestünk.

2. táblázat. A *Fasciola hepatica* és *Fascioloides magna* morfológiai jellegzetességei (Majoros, 2018).

	<i>Fasciola hepatica</i>	<i>Fascioloides magna</i>
testméret (hossz, szélesség)	hossz: 2-3 cm szélesség: 1-1,5 cm	hossz: 6-10 cm szélesség: 2-3,5 cm
testalakulás	fűz levél szerű	bükk levél szerű
szín	szürkésbarna	sötét vörösbarna
egyéb jellegzetesség	jellegzetes fejkúp, amely “vállakkal” megy át a testbe (11. ábra)	“vállak” és fejkúp hiányzik, teste duzzadtabb, vaskosabb



11. ábra. A *Fasciola hepatica* és *Fascioloides magna* testalakulása. (Forrás: saját fotó)

4.5 Molekuláris diagnosztikai módszerek

A molekuláris diagnosztikai vizsgálatokat a Houszka és mtsai., (2016) által leírt módszertant követve végeztem el. Molekuláris vizsgálatokat elsősorban a nagyon apró, kétséget kizáró morfológiai azonosításra kevésbé alkalmas mótely egyedekkel fertőzött mintákon végeztünk. Ennek során minden, *F. magnával* fertőzött egyedből egy-egy mótelyt véletlenszerűen kiválasztottunk. A férgek kb. 10-10 mg szövetet használtunk fel, amelyekből 100 µl 5%-os Chelex 100 szuszpenzió segítségével DNS extrakciót végeztünk. Az azonosításhoz fajspecifikus primereket alkalmaztunk, amelyek segítségével a *Fascioloides magna* (forward: 5'-ACCAGTTATCGTTGTGTTG-3'; reverse: 5'-CCGCTTTTAAACAACAG-3') és a *Fasciola hepatica* (forward: 5'-CTTATGATTTCTGGGATAATT-3'; reverse: 5'-CCGTCGCTATATGAAAA-3') fajok

egymástól egyértelműen megkülönböztethetők (Houszka és mtsai., 2016). A PCR reakció során kapott termékeket (*Fascioloides magna* 152 bp; *Fasciola hepatica* 112 bp) gélelektroforézissel (90 mV, 1 h) értékeltük 2%-os agaróz gélen.

4.6 Szöveti vizsgálatok

A gazdafajokban megtalálható pszeudociszták szöveti jellegzetességeinek összehasonlításához Marinković és mtsai. (2013) által alkalmazott módszertant követtük. A boncoláskor gyűjtött gím és őz eredetű májszövet darabokat (kb. 1,5×1,5 cm) 10%-os pufferelt formalinban fixáltunk. A hematoxin-eozin festés előtt a mintákat paraffinba ágyztuk és 4 µm vastag szeletekre vágtuk. Az így előkészített metszeteket fénymikroszkópban 400× és 1000× nagyításon vizsgáltuk.

4.7 Fényképes útmutató készítése és a vadászati szakszemélyzet oktatása

A vizsgálatsorozat előkészítésekor, a boncolások során észlelt különböző elváltozásokról fényképfelvételeket készítettünk. A fényképekből sorozatokat állítottunk össze, hogy azok minél jobban illusztrálják a fascioloidosisra jellemző lehetséges elváltozásokat.

Az elváltozásokat három csoportba osztottuk a laikus számára elkülöníthető megjelenésük szerint. Az első csoportba azok tartoztak, ahol a máj megnagyobbodása mellett a szerv felszínén már láthatóvá váltak a kezdeti parazitavándorlás nyomai, a felszínen kirajzolódó vörösbarna, vagy a már régebben lezajlott vándorlási útvonalak nyomán megfigyelhető barnásfekete vagy grafitszürke csíkolatot mutató mintákról készült fotók kerültek. A második csoportba soroltuk azokat a mintákat, ahol a máj megnagyobbodása mellett, annak alakja többé-kevésbé megtartott volt, de a szerv felszínére elődomborodó pszeudociszták jelezték a *F. magna* fertőzés gyanúját. A harmadik csoportba az a kórforma került, ahol a máj alakját a parazitaferőzés következtében kialakult kötőszövetesedés már teljesen eltorzította, a máj felszín egésze kékes színűvé változott, a szerv kötőszövetes burka megvastagodott, illetve sok esetben a hasüregben is látható volt a hematin lerakódása. A szakszemélyzet oktatására használt, különböző elváltozásokat bemutató fényképes útmutató néhány jellegzetes ábrája a dolgozat Mellékletében található.

Az elkészült fotók felhasználásával képzést tartottunk a vizsgálatba bekapcsolódó szakembereknek. Azokon a területeken, ahol már tudottan jelen volt a fertőződés, a helyben

elejtett vadtesteken mutattuk be a máj megfelelő eltávolításának módszerét. Külön kitérve a májkapui tájék és a szerv felszínének épségét megőrző zsigerelési technika alkalmazására. Kértük a vizsgálatban résztvevőket, hogy a máj állományába ne metszenek bele, követve az Európai Unióban érvényben lévő, kizárólag megtekintésen alapuló vadhús vizsgálati módszertant (Hill és mtsai., 2014).

Az olyan vizsgálati területeken gazdálkodó szakemberek számára, ahol még nem volt ismert a nagy amerikai májmétely jelenléte, a zselici endémiás területen elejtett vadtesteken mutattuk be a máj mintavétel technikáját, illetve a jellegzetes kórbonctani elváltozásokat.

Az előkészítő szakaszban elkészült fotókat megosztottuk a mintagyűjtésben résztvevő szakemberekkel elektronikus formában is, így azok a zsigereléskor is hozzáférhetőek voltak számukra az elektronikus eszközeiken.

A szakemberek azt a feladatot kapták, hogy a máj mintákat, eltávolításuk után "fertőzött" vagy "nem fertőzött" kategóriákba sorolják kizárólag megtekintés alapján, vagy jelezzék azt, ha nem tudták egyértelműen besorolni a mintát. A felkészítő képzés során ismertettük a résztvevőkkel a mintavételkor rögzítendő adatokat. A mintagyűjtés helyszínén az alábbi adatokat gyűjtötték össze a mintáról: lelövés helye (település) és ideje, az elejtés pontos földrajzi koordinátái, az elejtett vad faja, ivara, becsült kora, kondíciója három fokozatú (sovány. tenyészkonció, dőhér) skálát alkalmazva, egyéb, az állat egészségi állapotára vonatkozó információ (pl. megváltozott viselkedés vagy mozgás, megkésett vedlés, szőrhiány, sérülések...). A mintákat nagyvadazonosító számmal és a fertőzött/nem fertőzött/kétes minősítéssel ellátott mintakísérő lappal kiegészítve adták át laboratóriumi vizsgálatra.

A laboratóriumba érkezett mintákat ezután a 4.3 pontban részletezett kórbonctani vizsgálattal, mint gold standard módszerrel minősítettük és hasonlítottuk össze a szakszemélyzet által végzett minősítés eredményével.

4.8 A zsigereléskor gyűjtött bélsárminták ülepitéses vizsgálata

A módszer során a bélsárral ürülő peték számának meghatározását végeztük el (Zajac és Conboy, 2012). A vizsgálathoz 5 gramm hullatékot használtunk, amelyet kisméretű 1×1 mm lyukméretű szitán 200 ml csapvízzel alaposan átmostunk. A bélsár szuszpenziót ezután kúpos aljú műanyag pohárban 5 percig állni hagytuk, hogy a peték a pohár aljára leüljenek. A felülúszó leöntése után az üledéket újra felöntöttük. A műveletet addig végeztük, amíg a víz elég tiszta nem lett a peték mikroszkópos detektálásához. A peteszámláláshoz

fénymikroszkópot használtunk (40× és 100× nagyítással). A peteszámot egy grammra hullatékra (EPG-egg per gram) vetítve határoztuk meg.

4.9 Pete keltetés

A pete keltetési teszt során a közönséges májmétely (*Fasciola hepatica*) petéinek keltetésére kidolgozott eljárást alkalmaztuk (Rowan, 1956; Beesley és mtsai., 2017). A pszeudocisztából nyert, szűrt tartalmat desztillált vízzel 15 ml-re egészítettük ki, majd centrifugáltuk 800 rpm sebességgel, 5 percen át. A centrifugálás során keletkezett felülúszót pipettával leszívtuk, majd ismét desztillált vízzel hígítottuk a szuszpenziót. A centrifugálási lépést addig ismételtük, míg áttetsző szuszpenziót kaptunk, amely így alkalmassá vált a fénymikroszkópos értékelésre. Az egy-egy pszeudocisztából származó petéket tartalmazó centrifugacsöveket 12 ml-ig feltöltöttük, majd az így kapott szuszpenziót homogenizáltuk és három felé osztottuk.

A peteszuszpenziót hatlyukú lemezbe helyeztük, az egyes lyukaban lévő folyadékot 10 ml-re egészítettük ki, és 25 °C-on inkubáltuk. Az elpárolgott vizet folyamatosan ellenőriztük és újratöltöttük. A keltetés hat hétig tartott, amely folyamat során a 10. nap után ellenőriztük először az embriók jelenlétét. A 10. naptól hetente egy alkalommal történt a peték és a bennük lévő embriók fejlődésének ellenőrzése. Az ellenőrzéskor a keltető lemez egyes celláiban lévő folyadékot leszívtuk, centrifugacsőbe helyeztük, az üres cellát kevés desztillált vízzel alaposan átöblítettük és az öblítővizet is a centrifugacsőbe adagoltuk. A 800 rpm sebességen 5 percig tartó centrifugálás során képződött felülúszót leszívtuk, majd a szuszpenzió üledékét mélyedéssel ellátott tárgylemezen, fénymikroszkóp alatt vizsgáltuk 40× és 100× nagyításon.

A fejlődési stádiumok meghatározásához Swales (1935) és Campbell (1961) munkáit használtuk fel. A fejlődési szakaszokat öt kategóriába soroltuk (**3. táblázat, 12. ábra**). A keltetést mintánként három, párhuzamos ismétléssel végeztük, az egyes ismétlésekben kapott eredményekből átlagot számoltunk.

3. táblázat. A *F. magna* peték fejlődésének értékelésére szolgáló szakaszok (Swales, 1935 és Campbell, 1961 nyomán).

fejlődési állapot	főbb jellegzetesség
nem embrionálódott pete	1. nem tapasztalható fejlődés, 2. a pete gyakran üresnek tűnik vagy károsodott (12. ábra A kép)
embrionálódott pete	3. az embrió formálódása jól látható 4. az embrió a pete központjában helyezkedik el, (12. ábra B kép)
szemfolt megjelenése	5. szemfolt megjelenése 6. megfigyelhető az embrió mozgásai (12. ábra C kép)
kelés előtti miracidium	7. intenzív mozgás 8. mucoid dugó növekedése (12. ábra D kép)
kelés	9. kinyílt operculum 10. a miracidium a petén kívül látható (12. ábra E kép)

A *F. magna* miracidiumok keltetése szakaszosan következik be. A folyamatot a hőmérséklet csökkenése stimulálhatja és felgyorsíthatja (Swales, 1935; Campbell, 1961). Ezért a kikelés előtti miracidium stádiumú petéket 4 °C-os hűtőszekrénybe helyeztük két órára. A hűtési periódus után szobahőmérsékleten (22 °C) 60 percig tároltuk őket. A kelés folyamatát 40× nagyítású mikroszkóppal értékeltük. Amennyiben a miracidiumok kikelése nem történt meg, az előbb bemutatott lehűtési és visszamelegítési időszakot még egyszer megisméltük. Két eredménytelen kísérlet után sikertelennek minősítettük a keltetést.



12. ábra. A *F. magna* peték keltetése során megfigyelhető különböző fejlődési szakaszok. (Megjegyzés: **A**-nem embrionálódott pete; **B**-embrionálódott pete; **C**-miracidium szemfolttal; **D**-kelés előtti miracidium és **E**-kikelő miracidium.) (Forrás: saját fotó)

4.10 A fényképes útmutatóra és az ülepítéssel alapozott surveillance-módszerek összehasonlítása

A *F. magna* fertőzöttséget egyrészt a FKÚ alapján, másrészt pedig hullatékvizsgálattal becsültük. Ez utóbbihoz máj és hullaték-mintákat gyűjtöttünk azokból a vadtestekből, amelyeket előzetesen a szakszemélyzet a FKÚ segítségével minősített. Így lehetőség nyílt az FKÚ és a hagyományos hullatékvizsgálat (szedimentációs módszer) érzékenységeinek és specifikusságának összehasonlítására.

A parazitológiai vizsgálatokhoz az előzőekben bemutatott vadászterületekről egyéni és társas vadászatok során elejtett gímszarvasok mintáit használtuk (n=319). A mintavételezett vadtestek vadászati hasznosítása egyéni és társas vadászatok során történt a vadászterületek éves vadászati terve keretében, a szarvasokat lelővése nem tudományos célból történt.

Az egyes szarvasokból összegyűjtött mótelyeket megszámláltuk, majd 65°C-on, tömegállandóságig szárítottuk és összesítve, 1 mg pontossággal lemértünk. A mérési eredményeket FM (mótelyek száma) és TDFM (összes mótely szárazanyag tömege) változókként használtuk fel a statisztikai számítások során.

4.11 A nagy amerikai májmótely dél-dunántúli terjedésének elemzése

A terjedés igazolásához azoknak a gímszarvasoknak az adatait elemeztük, melyeket a korábban, 2018-ban már ismertté vált endémiás terület északi és nyugati határvidékén, Belső-Somogyban, egyéni vadászatok során ejtettek el a 2019-2020. őszi-téli időszakban. A vizsgálatba kizárólag a *F. magna* fertőzött egyedeket vontuk be, mert ebben a vizsgálatrészben a terjedés tényének megállapítása volt a célunk.

Az elejtés térbeli adatait az egész vizsgálat során folyamatosan rögzítettük, így az adatbázisunk felhasználásával utólag választottuk ki azokat a fertőzött egyedeket, amelyek a korábbi elterjedési terület határain kívül estek. A 2018-as vizsgálatban a legészakibb előfordulást Görgeteg település határában, míg a Dráva mentén a folyón legmagasabban elhelyezkedő, legnyugatibb előfordulást Barcs külterületén detektáltuk.

A mintavételi területek elhelyezkedése miatt a terjedés pontosabb becslése csak a belső-somogyi területen volt megvalósítható, mert Külső-Somogyban csak a terület északi részén működő vadgazdálkodási egység volt bevonható a vizsgálatba. Ezt a körülményt figyelembe

véve, ha történt is terjedés a Duna vízgyűjtő területéhez tartozó Kapos folyótól északi irányban, azt ezzel a mintavételi elrendezéssel nem lehetett detektálni.

Az elejtés helyének koordinátái alapján határoztuk meg a métely — eddig ismert — legészakibb és legnyugatibb, belső-somogyi előfordulása és az adott elejtések közötti távolságokat (Nagy és mtsai., 2018).

4.12 Statisztikai elemzés

4.12.1 A teljes vizsgálati időszakra vonatkozó periódus prevalencia megállapítása gímszarvas gazdafajban

A vizsgálati időszakban, az egyes részvizsgálatok során boncolt és a fascioloidosis megállapítása szempontjából vizsgálatra alkalmas valamennyi egyedről rögzítettük a fertőzöttségi státuszára vonatkozó adatokat, amelyeket Excel 2010 (Microsoft Corporation, USA) táblázatban összesítettünk az adatfeldolgozásig.

A látszólagos prevalencia megállapításához a máj minták kórbonctani vizsgálatával és az izolálható férgek morfológiai vagy molekuláris diagnosztikai módszerrel történt azonosításával fertőzöttnek minősített egyedek arányát viszonyítottuk az összes, vizsgálatra alkalmas egyed számához. A látszólagos prevalencia értékét %-ban fejeztük ki.

Az adatok elemzését a Quantitative Parasitology on the web (powered by R) Version 1.0.15 statisztikai szoftver segítségével végeztük és állapítottuk meg a valós prevalenciára vonatkozó, 95%-os konfidencia intervallumot a gímszarvas faj nagy amerikai májmétely fertőzöttségére nézve (Reiczigel és mtsai., 2019).

4.12.2 Pete kelési adatok elemzése

A pete kelési vizsgálatba vont minták esetében is meghatároztuk a két gazdafajban megfigyelhető fertőzés jellemzésére az adott időszakra vonatkozó prevalenciát és az átlagos intenzitást. A látszólagos prevalenciát a boncolásos vizsgálattal fertőzöttnek minősített egyedek arányát az összes vizsgált egyed számához viszonyítva határoztuk meg. A valós prevalenciát 95%-os konfidencia intervallum alkalmazásával, Sterne féle módszerrel számítottuk ki (Reiczigel, 2003). Az intenzitás meghatározásakor a boncolás során kinyert *F. magna* egyedeket számoltuk meg. Amennyiben a májon ejtett bemetszéssel a parazita egyed megsérült, csak azokat a töredékeket vettük figyelembe a számításnál, amelyek feji vége egyértelműen felismerhető volt. A fajonkénti átlagos intenzitás kiszámításakor az egyes gazda

egyedekben talált paraziták összesített számát a fertőzött egyedek számával osztottuk el. Az eredmények összehasonlításához unconditional exact tesztet használtunk (Reiczigel és mtsai., 2019).

A keltethetőségi vizsgálatban a különböző eredetű peték esetében meghatároztuk a kikelt miracidiumok, a kikelés előtti miracidiumok, a szemfolttal rendelkező miracidiumok, valamint az embrionálódott és a nem embrionálódott peték arányát. Az egy-, illetve több mételyt tartalmazó pszeudocisztákból, valamint a két gazdafajból származó peték keltethetőségének összehasonlítását Kaplan-Meier túlélési elemzéssel végeztük.

A túlélési analízis (más néven időtartam analízis vagy time-to-event analízis) olyan statisztikai módszerek összessége, amely során egy esemény bekövetkezését és az esemény bekövetkezéséig eltelt időtartam közötti összefüggést vizsgálhatjuk. A különböző tudományokban az időtartam analízis elvégzésére az egyik leggyakrabban alkalmazott módszer a Kaplan-Meier túlélési analízis. A módszer bemutatásáról szóló közleményben a szerzők orvosi példán keresztül világították meg az alkalmazott statisztikai megközelítést. Esetükben egy adott sebészeti beavatkozás sikerességét határozták meg olyan módon, hogy az utánkövetés időszakában a bizonyos időszakonként összehasonlították az életben lévő (túlélő) és az elhunyt betegek (halálesetek) számát. A módszer részletes leírásában a szerzők azt is hangsúlyozták, hogy a statisztikai számítás során a halál bekövetkezését átvitt értelemben kell értelmezni. A halál szó az esemény bekövetkezését, míg a túlélés az esemény be nem következését jelenti (Kaplan és Meier, 1958).

Az időtartam analízis egy olyan, nem parametrikus statisztikai módszer, amely lehetővé teszi, hogy az esemény bekövetkezésének arányát az egyes időpontokban összehasonlíthassuk a vizsgálat csoportok között (Rich és mtsai, 2010). A különböző eredetű *F. magna* peték keltetése során ez az esemény a petékben lévő zigóta vagy a különböző állapotú miracidiumok keltetés alatti elpusztulását jelentette a keltetési folyamat előrehaladásával.

A petéket a következő csoportokba soroltuk: gímszarvas gazda egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete (RED-PC1), gímszarvas gazda több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete (RED-PC2), őz gazda egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete (ROE-PC1) és őz gazda több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete (ROE-PC2). A vizsgálatban arra a kérdésre kerestük a választ, hogy a négy csoportba tartozó peték (RED-PC1: gímszarvas egy mételyt tartalmazó pszeudocisztája, RED-PC2: gímszarvas több mételyt tartalmazó pszeudocisztája, ROE-PC1:

őz egy mételet tartalmazó pszeudocisztája, ROE-PC2: őz több mételet tartalmazó pszeudocisztája) in vitro keltethetősége eltér-e egymástól. A kumulatív túlélési görbék különbségeit log-rank teszttel határoztuk meg. A statisztikai elemzést az SPSS statisztikai szoftver 27.0-ás verziójával végeztük.

4.12.3 Surveillance módszerek összehasonlítása

Az EPG, az FM és a TDFM közötti összefüggésekre lineáris regressziós egyenleteket képeztünk az SPSS statisztikai szoftver 27.0-ás verziójával. Mivel a nyers adatok az előzetes normalitásvizsgálat során nem normál eloszlást mutattak, azokon logaritmusos transzformációt végeztünk el a variancia csökkentése érdekében. Mivel a peteszám (EPG) és mételetszám (FM) esetében 0 érték is előfordult, először minden számolt értékhez hozzáadtunk 1-et, majd ezután végeztük el a tizes alapú logaritmusos transzformációt (Alexander, 2012). A lineáris regresszióanalízisbe csak azokat a szarvasmintákat vontuk be, amelyek esetében a máj felszínének értékelése után a mételet jelenléte megalapozottan igazolható volt (N=137; 45 bika és 92 tehén).

Az érzékenység, a specifikusság, a pozitív prediktív érték, a negatív prediktív érték és a két teszt (ülepítés és FKÚ) pontosságának (95% -os konfidencia intervallummal; CI95%) kiszámításához a MedCalc online szoftver 20.110-es verzióját használtuk (https://www.medcalc.org/calc/diagnostic_test.php). A mételet-fertőzöttség gold standardjának a boncolásos vizsgálatot tekintettük. A valódi pozitív (TP), a fals pozitív (FP), a valódi negatív (TN) és a fals negatív (FN) meghatározásához Trevethan (2017) általános epidemiológiai szabályait követtük. A módszert az **4. táblázat** mutatja be.

4. táblázat. A valódi pozitív (TP), a fals pozitív (FP) a valódi negatív (TN) és a fals negatív (FN) értékek meghatározásának szabálya.

	Gold standard teszt (boncolás) eredményei	
	+	-
Új ellenőrző teszt +	TP	FP
Új ellenőrző teszt -	FN	TN

Az érzékenység (SENS), a specifikusság (SPEC), a pozitív prediktív érték (PPV) és a negatív prediktív érték (NPV) számításához a következő formulákat használtuk (Trevethan, 2017):

$$SENS(\%) = \frac{TP}{TP + FN} \times 100$$

$$SPEC(\%) = \frac{TN}{TN + FP} \times 100$$

$$PPV(\%) = \frac{TP}{TP + FP} \times 100$$

$$NPV(\%) = \frac{TN}{TN + FN} \times 100$$

Az új ellenőrző tesztek pontosságát (annak valószínűsége, hogy az új ellenőrző vizsgálat eredménye megegyezően mutatja a gold standard teszt eredményét) a MedCalc online szoftver 20.110. verziójának segítségével számoltuk, a következő egyenlet alapján:

$$ACC(\%) = SENS \times prevalencia + SPEC \times (1 - prevalencia)$$

5. EREDMÉNYEK ÉS AZOK MEGBESZÉLÉSE

5.1 Eredmények

5.1.1 A kutatás teljes időtartamára vonatkozó *F. magna* fertőzési periódus prevalencia megállapítása a gím gazdafajban

A kutatás négy éve alatt, a 2019-2023-ig terjedő időszakban folyamatosan végeztük a Dél-Dunántúl Régióban, elsősorban Somogy, részben Baranya Vármegyében a vadászatokon elejtett gímszarvasok vizsgálatát. Az egyes kutatási fázisokban, így a pete keltetési vizsgálatban, a surveillance módszerek összehasonlítása során; valamint az egyes célzott mintavételektől független monitoring során 550 gímszarvas és 60 őz máj mintája bizonyult alkalmasnak a parazitológiai feldolgozásra, amelyből gím esetében 252, míg őzben 22 minta esetében sikerült azonosítanunk a fascioloidosis jellegzetes kórbonctani tüneteit, illetve a szabad szemmel felismerhető *F. magna* egyedek jelenlétét (5. táblázat). Ez alapján megállapítható, hogy a vizsgálati területre, a vizsgálat négyéves időtartamára vonatkozó látszólagos periódus prevalencia gímszarvas fajban 45,8%, míg őzben 36,7%, amelyekből a Sterne próbával, számított valós prevalencia 95%-os konfidencia intervalluma gím esetében 41,6-50,0%, míg őzben 24,8-50,0% (Reiczigel, 2003).

5. táblázat. A 2019-2023. vizsgálati években összesen megvizsgált szarvasféle *F. magna* fertőzöttségének alakulása.

	gímszarvas			
	2019/2020 vadászati év	2020/2021 vadászati év	2021/2022 vadászati év	2022/2023 vadászati év
bevont területek	Zselic, Belső-Somogy, Drávasík	Zselic, Belső-Somogy, Külső-Somogy, Drávasík	Zselic	Zselic
mintaszám	319	84	89	58
fertőzött egyedek száma	137	47	39	29
prevalencia (CI95%)	42,9% (37,6-48,5%)	56% (45,2-66,2%)	43,8% (33,6-54,5%)	50% (37-63%)

	őz			
	2019/2020 vadászati év	2020/2021 vadászati év	2021/2022 vadászati év	2022/2023 vadászati év
bevont területek	Zselic	Zselic	Zselic	Zselic
mintaszám	15	10	17	18
fertőzött egyedek száma	5	5	7	5
prevalencia (CI95%)	33,33% (14,17-60,32%)	50% (22,25-77,75%)	41,2% (19,62-65,02%)	27,8% (11,65-52,85%)

5.1.2 Pete keltetési vizsgálat

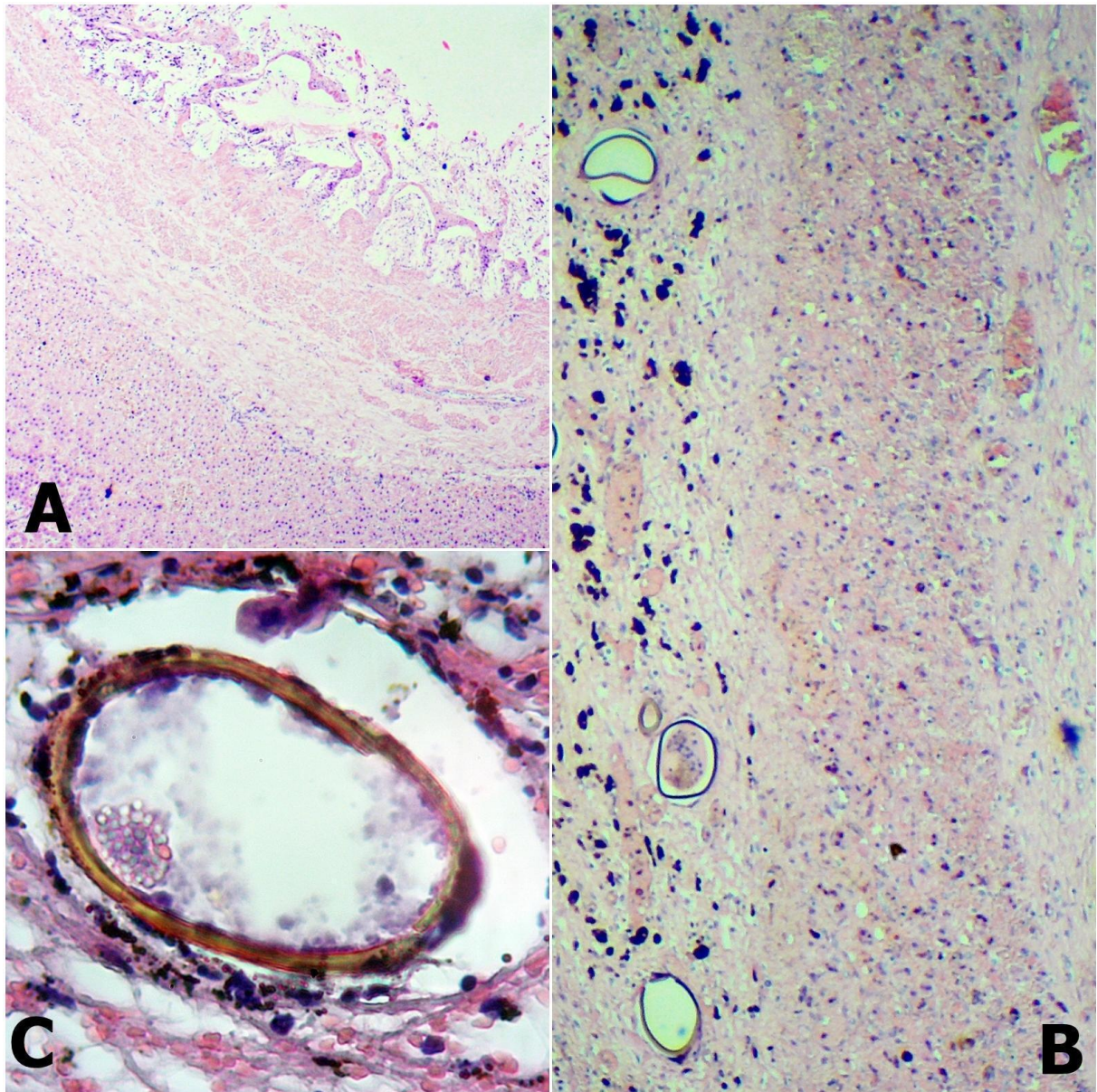
Ezen vizsgálati szakasz során az endémiás területen gyűjtött gímszarvas és őz máj minták boncolását, a kórbonctani elváltozások megfigyelését, az egyes gazdafajokban detektálható mételyek számának, fejlettségének és petetermelésének megfigyelését, a kinyert peték keltetését, és a két gazdafajban tapasztalható *F. magna* fertőzés mértékének összehasonlítását végeztük el. Tekintettel arra, hogy a *Fascioloides* nemzetségben egyáltalán nem történt olyan vizsgálat, amely az öntermékenyítésre, illetve annak előfordulási arányára irányult volna, ezért a *F. hepatica* fajban végzett keltetési kísérletek módszertanát (Beesley és mtsai., 2017) adaptálva kívántuk a jelenséget vizsgálni.

A pete keltetési vizsgálat során feldolgozott, az endémiás terület centrumából származó, összesen 19 gímszarvas közül 13, míg a 60 őzből 22 egyedből izoláltunk *F. magna* egyedeket. Ezáltal a fertőzöttség prevalenciája a gímbe 68,4%-nak (CI95%= 4,6–85,3%), míg őzben 36,7%-nak (CI95%= 24,8–50,0%), a két faj közötti különbség pedig statisztikailag szignifikánsnak ($p=0,02$) bizonyult. A két fajban megállapított átlagos intenzitás, mely gímbe 10,0 (CI95%= 4,9–22,6), míg őzben 7,59 (CI95%= 2,7–24,2) volt, a látszólagos különbség ellenére, nem bizonyult szignifikánsnak ($p=0,72$).

A két faj mintáiban összesen 70 pseudocisztát figyeltünk meg, amelyek közül 67 db származott gím, míg 3 db őz mintákból. A legtöbb pseudocisztában két mételyt figyeltünk meg, három vagy egy mételyt tartalmazó ciszta csak kevés volt. Háromnál több mételyt nem

találtunk egyetlen pszeudocisztában sem. A csupán egyetlen mótelyt tartalmazó pszeudociszták száma a gím mintákban 17 db, míg az őz mintákban 1 db volt. A gím eredetű szoliter mótelyek ciszta tartalmából négyben (23,5%) találtunk petéket, és az egyetlen, őz eredetű szoliter mótely pete termelése (100%) is detektálható volt.

Három fertőzött őz májban vastagfalú pszeudociszták kialakulását figyeltük meg. Ezekben az esetekben a szervek textúrájában nagy kiterjedésű rostos kötőszöveti proliferáció volt megfigyelhető. A gyulladásos elváltozások következtében proliferált kötőszövet-lécek alakultak ki, amelyekben vastagfalú vérerek és intrahepatikus epevezetékek voltak láthatóak. A vágási felületen jól megfigyelhető volt a subadult mótelyek vándorlásának nyoma, amely általában sötétbarna pigmentet, hematint tartalmazott. A máj parenchymájában képződött pszeudociszták fala megvastagodott kötőszövetből állt, a lumenében nagy mennyiségű limfocita, eozinofil granulocita, valamint peték volt észlelhető (**13. ábra**).



13. ábra. A pseudociszta megvastagodott, kötőszöveti elemekből álló fala és a diffúz gyulladással teli ürege (A). A pseudociszta lumenében megfigyelhető peteaggregáció (B). *F. magna* pete őz májban (C). (Forrás: saját fotó)

A pseudocisztákból kinyert tartalomból összesen 662 petét tudtunk felhasználni a keltethetőségi vizsgálat során, amelyek az alábbi eloszlást mutatták: gím eredetű, szoliter mételyekből (RED-PC1) 212 db, gím eredetű, csoportosan élő mételyekből (RED-PC2) 232 db, őz eredetű, szoliter mételyekből (ROE-PC1) 84 db, őz eredetű, csoportosan élő mételyekből (ROE-PC2) 134 db (**6. táblázat**). A pseudociszták tartalmát igyekeztünk maradéktalanul felhasználni, tehát a fenti számok alapján megállapítható, hogy az őz pseudocisztákban kevesebb pete termelődött.

6. táblázat. Az egy és több mételyt tartalmazó pszeudocisztákból származó peték különböző fejlődési stádiumainak százalékos aránya az egyes fejlődési időszakokban a vizsgált szarvasfélékben.

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

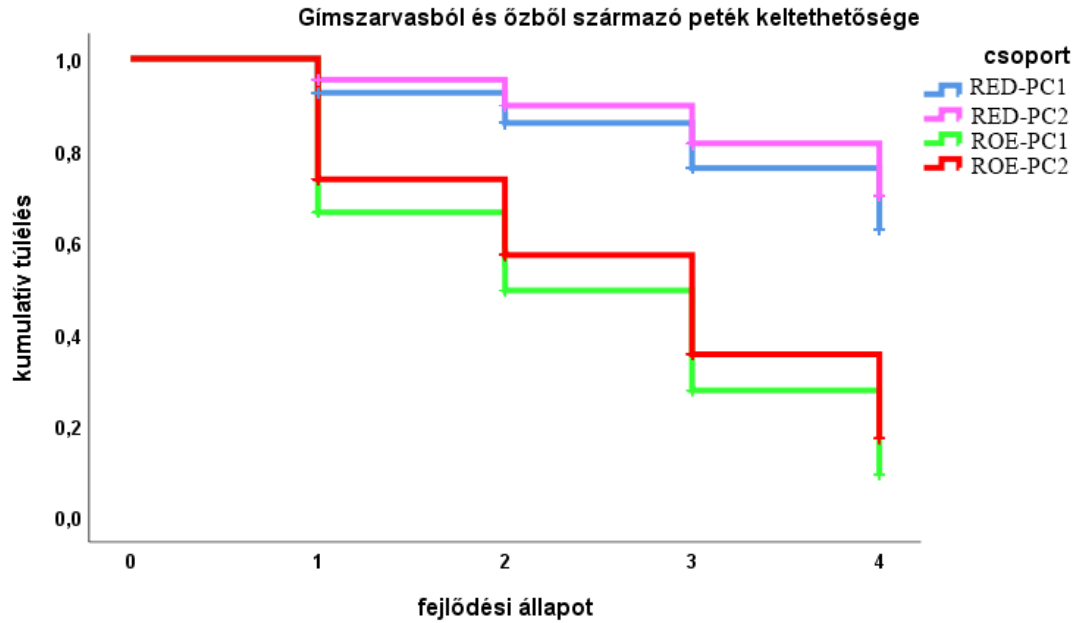
*RED-PC1: gímszarvas egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, RED-PC2: gímszarvas több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, ROE-PC1: őz egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, ROE-PC2: őz több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete.

** Az egyes fejlődési stádiumok aránya az összes, induló peteszámra vonatkoztatva. A zárójelben az adott stádiumot elért peték számát tüntettük fel.

Az egyes fejlődési stádiumok között a legnagyobb eltérést, tehát a legnagyobb mértékű veszteséget mindkét szarvasfélében a friss (egysejtes stádium) és az embrionálódott fázis között figyeltük meg. Az embrionálódás után a fejlődési stádiumok közötti csökkenés mérsékelt volt. Érdeemes megemlíteni, hogy minden szemfoltos állapotú pete elérte a kikelés előtti szakaszt, függetlenül a gazdaszervezettől vagy a származási pszeudocisztában talált mételyek számától (**14. ábra**).

Az őzből származó peték esetében is megfigyelhető volt az embrionális fejlődés és a kelés is, mind a csoportosan élő, mind a szoliter mételyek esetében. A szoliter mételyek petéinek életképessége elmaradt a csoportosan élőkétől, de ez a különbség nem bizonyult szignifikánsnak ($p_{\text{öz}}=0,056$; $p_{\text{gím}}=0,059$). A két gazdafajból származó peték keltethetősége azonban szignifikáns különbséget mutatott ($p<0,0001$): a gímszarvasból izolált peték túlélése és kelési aránya is jobb volt (**7. táblázat**).

Ebben a vizsgálati szakaszban elvégeztük az őzekből származó bélsárminták ülepítéssel vizsgálatát is, amelynek során egyetlen bélsármintában sem mutattunk ki peteürülést.



14. ábra. A különböző típusú gazdaszervezetekből és pszeudocisztákból származó *F. magna* peték Kaplan-Meier túlélési görbéi. (*RED-PC1: gímszarvas egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, RED-PC2: gímszarvas több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, ROE-PC1: őz egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, ROE-PC2: őz több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete)

7. táblázat. A különböző peték keltetethetőségének összehasonlítása.

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

* RED-PC1: gímszarvas egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, RED-PC2: gímszarvas több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, ROE-PC1: őz egy mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete, ROE-PC2: őz több mételyt tartalmazó pszeudocisztájából származó pete.

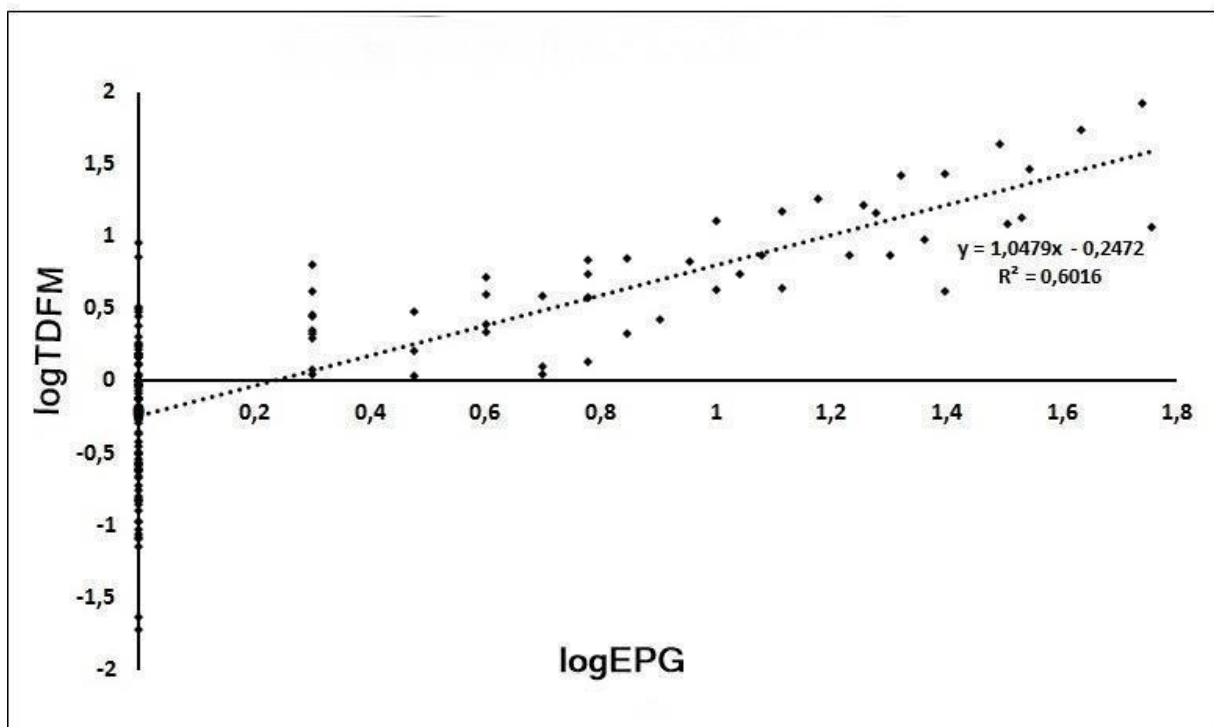
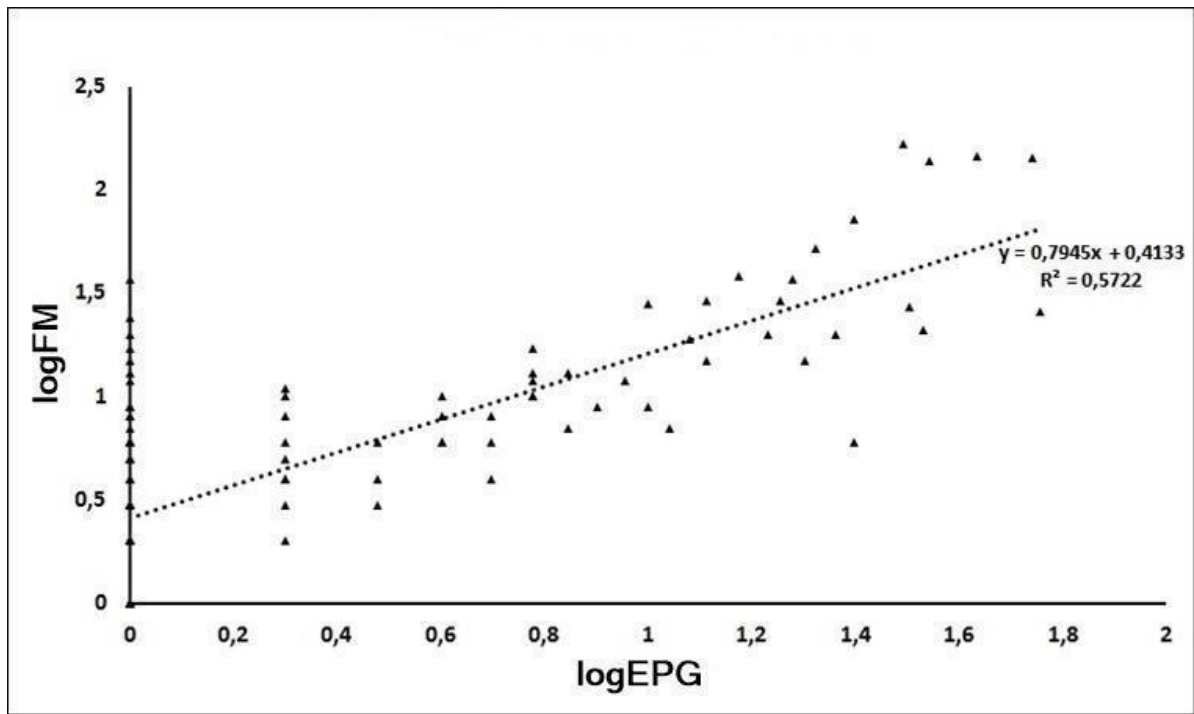
**p-érték

5.1.3 *Fascioloides magna* surveillance módszerek összehasonlítása

Ebben a vizsgálati szakaszban 319 gímszarvas vizsgálatát végeztük el a vadászati szakszemélyzetnek kiosztott fényképes útmutatóra, valamint az ugyanazon vadtestek zsigerelese során a végbélből kinyert bélsárminták ülepítéses vizsgálatára alapozva.

A fényképes útmutató segítségével a vadászok 137 vadtestben vélelmezték a nagy amerikai májmétely fertőzöttséget, de a boncolás után csak 130 szervből sikerült parazitát izolálni. Az ülepítés során a 130, nagy amerikai májmétellyel fertőzött egyedből 50 bélsármintában találtunk petét. A megtekintéses vizsgálattal vagy a máj részletes parazitológiai vizsgálatával nem fertőzöttnek talált egyedek bélsarából nem volt kimutatható peteürülés. Az elvégzett vizsgálat során megállapítottuk, hogy csak olyan egyed bélsarában volt az ülepítéses vizsgálattal kimutatható mennyiségű mételypete, amelynek a májában 5 vagy annál több kifejlett példányt figyeltünk meg. Az érzékenység és specifikusság kiszámításához használt valódi és fals pozitív és negatív értékeket a **8. táblázat** mutatja be. Az ülepítés és a képes útmutató érzékenysége és specifikussága jelentősen különbözött egymástól (**9. táblázat**).

A bélsárral ürülő peték mennyisége és a májban található mételyek száma és tömege közötti összefüggést elemző regresszióanalízis eredménye alapján elmondható, hogy az EPG a vizsgált másik két változóval (FM és TDFM) pozitív korrelációs kapcsolatban van. Az ürülő peteszám és az összes métely szárazanyag tömege (TDFM) között erősebb összefüggés ($R^2=0,6016$; $p<0,0001$), mint a peteszám és a mételyek száma (FM) között ($R^2=0,5722$; $p<0,0001$) (**15. ábra**).



15. ábra. Lineáris regresszió a logaritmizált, ürülő peteszám (logEPG), a logaritmizált mételesszám (logFM) és a logaritmizált összes mételesszáranyag tömege (logTDFM) között.

8. táblázat. A fényképes útmutató (FKÚ) és az ülepítéssel vizsgálat valódi pozitív (TP), fals pozitív (FP) valódi negatív (TN) és fals negatív (FN) értékek alakulása a gold standard módszerhez (boncolás) képest.

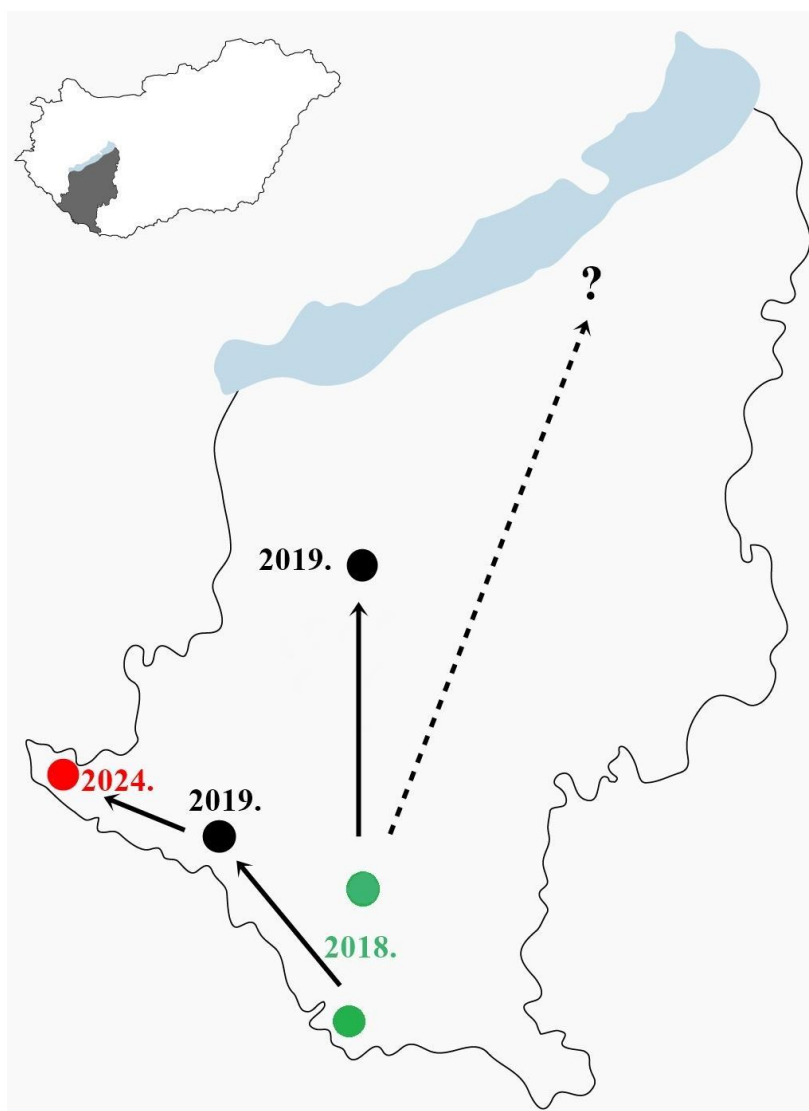
	Gold standard teszt (boncolás) eredményei		összesen
	+	-	
FKÚ +	130 (TP)	7 (FP)	137
FKÚ -	0 (FN)	182 (TN)	182
ülepítés +	50 (TP)	0 (FP)	50
ülepítés -	80 (FN)	189 (TN)	269
összesen	130	189	319

9. táblázat. A fényképes útmutató (FKÚ) és az ülepítéssel vizsgálat érzékenysége (SENS), specifikussága (SPEC), pozitív prediktív értéke (PPV), negatív prediktív értéke (NPV) és pontossága (ACC).

	FKÚ teszt	ülepítéssel teszt
SENS	100% (CI95%: 97.2 – 100)	38.5% (CI95%: 30.1 – 47.4)
SPEC	96.3% (CI95%: 92.5 – 98.5)	100% (CI95%: 98.1 – 100)
PPV	94.9% (CI95%: 90.0 – 97.5)	100%
NPV	100%	70.3% (CI95%: 67.3 – 73.0)
ACC	97.8% (CI95%: 95.5 – 99.1)	74.9% (CI95%: 69.8 – 79.6)

5.1.4 A nagy amerikai májmétely dél-dunántúli terjedésének vizsgálata

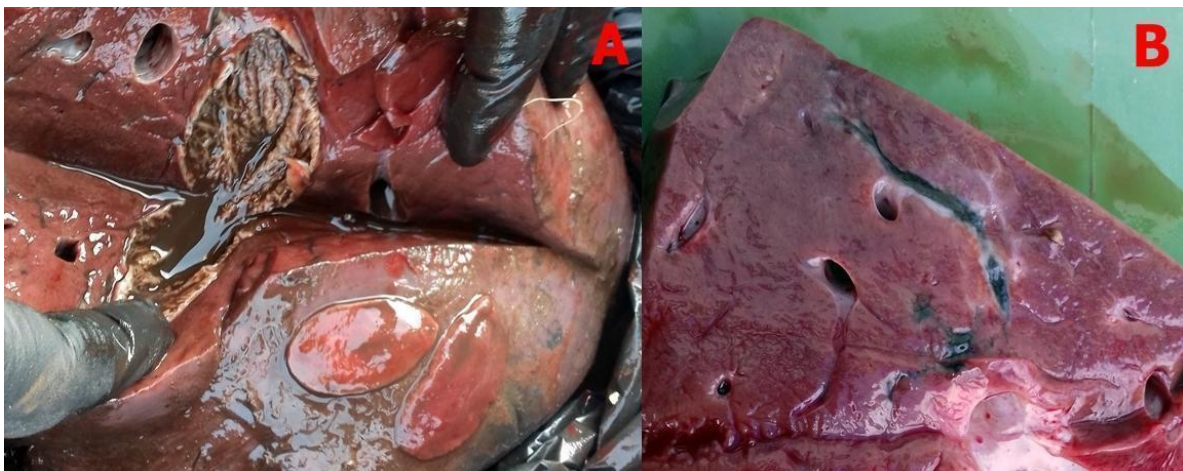
A *F. magna* terjedését a korábbi legészakibb (Görgeteg) és legnyugatibb (Barcs) előfordulási ponthoz viszonyítva határoztuk meg. Az adatokat elemezve megállapítható, hogy a korábbi észlelési helyekhez képest északi (Nagybajom) és nyugati (Vízvár) irányban is történt terjedés (16. ábra). A vizsgálati terület keleti részén nem állapítottunk meg északi irányú terjedést. Ezt a tényt azzal kiegészítve, hogy a külső-somogyi területen a korábban ismertté vált endémia a Duna vízgyűjtő területéhez tartozó Kapos folyóig terjed, és az ahhoz északi irányban legközelebb eső mintavételi területünk, a szántódi vadgazdálkodási egység távolsága közel 50 km.



16. ábra. A nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) terjedése. Zöld körök = a parazita 2018. évi előfordulása, fekete körök = a szisztematikus mintagyűjtés idején detektált új előfordulás, piros kör = a szisztematikus mintagyűjtést követően észlelt két új eset helye, ?

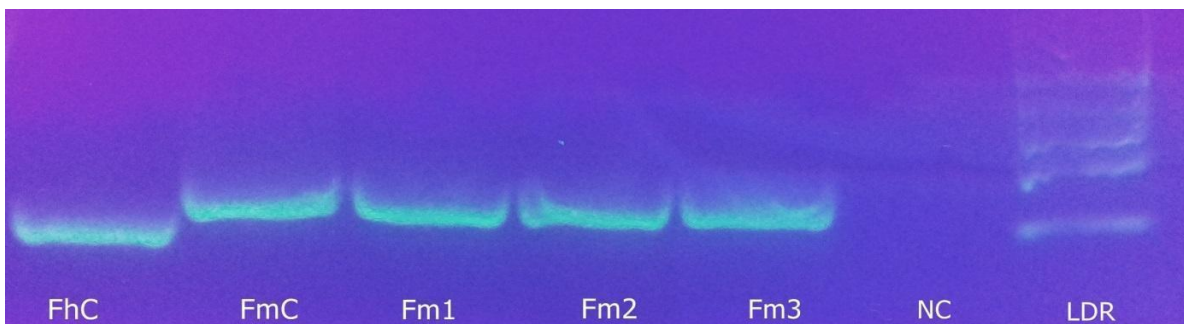
= külső-somogyi mintavételi terület, szaggatott vonal = nem vizsgált terület, terjedés mértéke ismeretlen (Forrás: saját készítésű ábra)

A belső-somogyi, új elterjedési területen elvégzett parazitológiai vizsgálatok során öt állatban, eltérő intenzitással, amerikai májmétely fertőzöttséget állapítottunk meg, míg egy fiatal bikában csak a *F. magna* jelenlétére gyanút keltő szöveti elváltozások jellegzetes nyomait találtuk (17. ábra). Ez utóbbi egyedet nem tekintettük a terjedést igazoló észlelésnek, adatának közlése kiegészítő információ. A májban peték jelenlétét csak abban a tehénben detektáltuk, amelyből 29 parazitaegyedet sikerült izolálni.



17. ábra. Adult *F. magna* férgek (A) és a métely szöveti kártételére utaló jellegzetes elváltozások (B) gímszarvas májában. (Forrás: saját fotó)

Az új elterjedési területekről gyűjtött, morfológiai azonosításra kevésbé alkalmas, juvenilis mételyek molekuláris diagnosztikai vizsgálata is megerősítette a gímszarvasok *F. magna* fertőzöttségét (18. ábra).



18. ábra. Három különböző gímszarvas gazda egyedből származó *F. magna* példány PCR vizsgálatának gélelektroforézis eredménye. (FhC: *F. hepatica* kontroll, 112 bp; FmC: *F.*

magna kontroll, 152 bp; Fm1, Fm2, Fm3: *F. magna* izolátum; NC: negatív kontroll; LDR: DNS méret marker, 100 bp molekuláris létra). (Forrás: saját fotó)

A terjedés elemzésébe vont egyedek részletes adatait a **10. táblázat** tartalmazza. Az elejtési koordináták alapján északi irányban 37,8 km, nyugati irányban pedig 26,5 km az endémia kiterjedésének bizonyítható változása. A szisztematikus mintagyűjtés lezárását követően fellelt új, iharosi elterjedési terület pedig további 29,2 km észak-nyugati irányú terjedést jelent (**16. ábra**).

10. táblázat. A vizsgálatban leírt *F. magna* fertőzöttség parazitológiai és járványtani jellemzői.

Elejtés ideje	Ivar	Életkor (év)	Intenzitás	Koordináták	Távolság a 2018. évi előfordulástól (km) ^{§*}
2019.10.01.	bika	1,5	1	46° 24' 46,40" É 17° 32' 40,17" K	31,26
2019.10.06.	bika	5	1	46° 28' 28,16" É 17° 29' 41,08" K	37,78
2019.10.07.	tehén	4	29	46° 24' 21,22" É 17° 29' 49,38" K	30,16
2019.10.07.	bika	1,5	csak szöveti elváltozás	46° 19' 23,77" É 17° 29' 14,71" K	20,96
2019.10.15.	ünő	1,5	10	46° 22' 07,96" É 17° 33' 40,00" K	26,69
2020.01.16.	tehén	4	2	46° 06' 45,86" É 17° 15' 07,28" K	26,5

§A távolságméréshez az előző vizsgálatunk alapján megállapított 46° 08'05,25"É; 17°29'4,22"K és 45° 58'49,16"É; 17°31'06,96"K referenciapontokat használtuk.

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

5.2 Megbeszélés

A vizsgálat négy éven át tartó időtartama alatt a gímszarvas fajban megállapított *F. magna* fertőzési periódus prevalencia 45,8% (CI95% 41,6-50,0%), az évenként kiszámított prevalencia-értékek pedig 42-56% közötti, látszólag ingadozó értékeket vettek fel, de a nagyobb mintaelemszámú években számított valós prevalencia 95%-os konfidencia-intervalluma szűkebb volt és közelebb is esett a teljes vizsgálati időtartam periódus-prevalenciájához. A fenti adatok arra engednek következtetni, hogy a vizsgálat idején nem változott jelentősen a gímszarvasok fertőzöttségének mértéke a teljes vizsgálati területre vonatkoztatva.

Az új endémiás területen tapasztalható prevalencia nagyon hasonló a cseh-lengyel endémiás területen (Filip-Hutsch és mtsai., 2022) és a Duna völgyében (Bazsalovicsová és mtsai., 2016) tapasztalt prevalencia-értékekhez. Annak ellenére, hogy a vizsgálati területünk jelentős része nem rendelkezik olyan kiterjedésű vizes élőhelyekkel, vagy legalább időszakosan vízborított gímszarvas élőhelyekkel, amelyek a parazita fennmaradásának és terjedésének ma ismert feltételei (Králová-Hromadová és mtsai., 2016).

A többnyire csak időszakos vízfolyásokkal rendelkező Zselicben és Belső-Somogy északi részén annak ellenére telepedett meg és kezdett terjedni a nagy amerikai májmétely, hogy nem azonosítható egyértelműen olyan stabil élőhely, amely biztosítaná a köztigazda fajok túlélését a száraz időszakokban.

A vizsgálati terület jelentős része, így Belső-Somogy és a Zselic déli része a Dráva vízgyűjtőjéhez tartozik. A klímaváltozás (a csapadék éves mennyiségének csökkenése és az évi középhőmérséklet emelkedése), a vízgazdálkodás változásai (völgyzárógátas halastavak és árvízvédelmi berendezések létesítése), valamint a gazdálkodási gyakorlat megváltozása (a szántóföldi gazdálkodás és a hibrid nyárfaültetvények területarányának növekedése) a talaj folyamatos szárazodását, a talajvíz szintjének csökkenését, a Somogyra az elmúlt évszázadokban jellemző völgytalpi lápok eltűnését eredményezte (Csondor és mtsai., 2020; Dél-dunántúli Vízügyi Igazgatóság, 2014; Lóczy és József, 2013; Lóczy és mtsai, 2019).

A mintavételi területeink közül csak Belső-Somogy déli részén jellemzőek a nagy amerikai májmétely terjedése szempontjából kockázatos, kora nyártól kora ősziig terjedő időszakban is alkalmas, állandó vagy időszakos felszíni vizek, lápos területek. A jelenleg ismert elterjedési területen északi irányban haladva, a Nagyberek határáig egyre csökken

azoknak az élőhelyfoltoknak a területen belüli aránya, amely megfelel az iszapcsigák környezeti igényeinek (Králová-Hromadová és mtsai., 2016). A vizsgálati területünk keleti része, Külső-Somogy a Dél-Dunántúl legszárazabb éghajlatú középtája. A felszíni vizek mennyisége inkább a legészakibb, a Balatonhoz közel eső részein jelentős.

A nagyobb, összefüggő vizes élőhelyek, láp- és mocsárrétek, iszapos medrű patakok hiányában feltételezhető, hogy a gímszarvas, mint a térségben azonosított legfontosabb fenntartó gazda, mozgása az, ami leginkább hozzájárulhat a *F. magna* terjedéséhez.

Gímszarvas esetében számtalan irodalmi adat található a felnőtt egyedek (tehenek és bikák) területhasználati jellemzőiről. Mindkét ivarra jellemző, hogy az egyedek mozgáskörzete évről évre, illetve egy adott éven belül évszakonként is kisebb-nagyobb mértékben változik (Georgii és Schröder, 1983). Magyarországi vizsgálatok adatai alapján elmondható, hogy az egyedek nyári mozgáskörzete kisebb, mint az őszi-téli. A hímivarú egyedek jellemzően nagyobb területen mozognak, mint a nőivarúak (Náhlík és mtsai, 2009, Tari, 2019).

A mozgáskörzet nagyságát számtalan tényező befolyásolhatja, melyek közül a rendelkezésre álló táplálékforrások mennyisége és minősége, a populáció mérete, az évszak, az ivar, illetve az állatok testtömege lehet a legmeghatározóbb. A jó minőségű élőhelyeken, ahol kis területen belül rendelkezésre állnak a gímszarvasok igényeit kielégítő források és búvóhely, mérsékeltabb az állatok napi és szezonális mozgása is (Reinecke és mtsai, 2014; Ofstad és mtsai, 2016; Jarnemo és mtsai, 2023).

A mozgáskörzetek nagyságát az ennek megállapítására irányuló vizsgálat során alkalmazott módszertan is erősen alakíthatja. A legáltalánosabban használt módszerek a minimum konvex poligon (MCP) és a Kernel módszer (KM). Tari (2019) vizsgálatában mindkét módszerrel elemezte a vizsgálatba bevont gímszarvasok területhasználatát. Eredményei alapján megállapítható volt, hogy az MCP esetében a Soproni-hegységben a tehenek éves mozgáskörzete átlagosan 1391 ± 492 ha, míg a bikáké 3381 ± 1641 ha volt. Ugyanezen állatok 90%-os KM mozgáskörzete a tehenek esetében 88 ± 36 ha, míg a bikáknál 261 ± 69 ha volt. A kétféle módszer statisztikailag eltérő eredményt adott.

A gímszarvas területhasználatáról rendelkezésre álló szakirodalmi adatok alapján megállapítható, hogy az, élőhelytől függően széles határok között változik. A naponta megtett távolságok pár száz méter és néhány kilométer közé tehetők. Figyelembe véve a Drávától távolabb eső somogyi élőhelyek hidrogeológiai jellemzőit, a felszíni vizek mérsékelt területarányát (Dél-dunántúli Vízügyi Igazgatóság, 2014; Lóczy és mtsai, 2019), feltételezhető,

hogy éppen a víz az a környezeti tényező, amely a szarvasok területen belüli mozgását, időszakos csoportosulását eredményezi. A nagyvad fajok által használt víznyerőhelyek járványtani kockázata más, itatóvíz útján terjedő kórokozó esetében már bizonyítást nyert (Gortázar és mtsai. 2008; Benavides és mtsai., 2012). A somogyi élőhelyeket is jellemző közepes vízellátottság fokozottabb kockázata annak tulajdonítható, hogy az ilyen területeken a víz nem válik a populációsűrűséget limitáló tényezővé, ugyanakkor az aszályos időszakokban nagyobb területről vonzzák az állatokat (Castillo és mtsai., 2011.).

Figyelembe véve a gímszarvasok területhasználatát és a vizsgálati terület felszíni vízkészletének eloszlását, megállapítható, hogy egy-egy állat otthonterülete akár több, egymástól izolált vízfelszínt is érinthet, ezáltal annak is megvan az elméleti lehetősége, hogy a vizsgálatunkban tapasztaltaknál gyorsabban változzon a *F. magna* elterjedési területe. Feltételezhető azonban, hogy akadálytalan, folyamatos terjedés csak összefüggő vizes élőhelyek mentén fordulhat elő, míg az egymástól izolált és kizárólag a gazdafajok mozgása által összekötött élőhelyek közötti átvitel lassabb folyamat. Ugyanakkor közvetett bizonyítékot szolgáltat ez utóbbira az a megfigyelésünk, hogy az endémia növekedése azokon a területeken sem torpant meg, amelyeket gyorsan kiszáradó homoktalajon kialakult, összefüggő, száraz gyepes, szántóföldek és erdők jellemeznek. A gímszarvasok járványterjesztő szerepét támasztja alá az is, hogy a terjedési vizsgálatban észlelt nagybajomi előfordulási terület már nem a Dráva, hanem a Balaton vízgyűjtőjéhez tartozik, így ez esetben kizárható a vízzel való terjedés lehetősége.

A *F. magna* terjedésével kapcsolatban feltételezhető, hogy a nyári hónapok nagyobb jelentőséggel bírnak, mint az év más időszaka. Egyrészt a parazita biológiai ciklusa szempontjából az a legalkalmasabb időszak a miracidiumok fejlődéséhez és petékből történő kikeléséhez (Králová-Hromadová és mtsai., 2016). Másrészt a gímszarvas mozgáskörzete szintén ebben az időszakban csökken le, ami következtében egy kisebb területre, sokszor az intenzíven használt víznyerőhelyek közvetlen környezetébe koncentrálódik az ürülő peték szóródása. Ennek a felhalmozódásnak köszönhetően ezek a redukáltabb méretű otthonkörzetekben a fertőződés/újrafertőződés esélye magasabbá válhat, biztosítva ezáltal a *F. magna* populáció fennmaradását.

A terjedési vizsgálatunk szempontjából kedvezőtlen volt, hogy a Kapos folyó és a szántódi vadgazdálkodási terület között nem találtunk olyan vadgazdálkodót, akivel megbízható együttműködést tudtunk volna kialakítani a *F. magna* esetleges terjedésének

vizsgálatára. Ennek a területnek a vizsgálata a jövőben azért is volna hasznos, mert a jelen kutatásunk során detektált, folyásiránnyal szembeni terjedés a Duna vízgyűjtő területén sem zárható ki. Tapasztalataink alapján feltételezhető, hogy a *F. magna* a Sió és a Kapos völgyében, a vizsgált területhez hasonló hidrogeológiai viszonyok miatt (Gyenezse és mtsai, 2020), ugyanúgy megtelepedhet a külső-somogyi gímszarvas populációkban, ahogy ez megfigyelhető a Dráva mentén.

A Duna völgyében leírt terjedési mintázatban fontos szerepet játszanak az ártéri erdők időszakos vízállásai, amelyek optimális élőhelyet biztosítanak a köztigazda csigák számára. A csigák az árvizek során az alacsonyabb fekvésű folyószakaszokra sodródhatnak (**19. ábra**).



19. ábra. Villámárvíz a Dráva *Fascioloides magna* endémiás folyószakaszán 2023. nyarán. Az ehhez hasonló klimatikus jelenségek hozzájárulhatnak a köztigazda iszapcsigák folyásirány szerinti terjedéséhez. Az árvizek a parti gerinctelen-társulások akár felét is elsodorják az alsóbb folyószakaszok felé. (Forrás: saját fotó)

A jól felmelegedő, vízi növényekben gazdag partmenti, sekély vízterületek biztosítanak megfelelő búvóhelyet és táplálékforrást a köztigazdának. (Hörweg és mtsai., 2011; Juhász és Majoros, 2023). A *F. magna* Dunán való terjedése elsősorban a folyásiránynak megfelelően figyelhető meg (Majoros és Sztojkov, 1994; Marinkulic és mtsai., 2002; Slavica et al, 2006; Trailovic és mtsai., 2012; Mirčeta és mtsai., 2018). A vízgyűjtőhöz tartozó mellékfolyókon való, folyásiránnyal szembeni terjedést már megfigyeltek a Garam, a Vág és a Dráva esetében is, de a korábbi megfigyelések alapján ennek járványtani jelentősége látszólag elhanyagolható volt a fő folyamhoz köthető terjedéssel szemben (Králová-Hromadová, 2016).

A vizes élőhelyek kiemelt kockázatára hívta fel a figyelmet a *F. magna* Dráva vízgyűjtő területén, a Dunától távol történt megjelenése (Nagy és mtsai., 2018). Az UNICEF által 2021-

ben elismert Mura-Dráva-Duna Bioszféra Rezervátum (MDDBR) olyan egyedülálló természetes ökoszisztémát jelent, amely mintegy 700 km-nyi folyószakaszt és mintegy 1 millió hektárnyi ártéri és az ahhoz kapcsolódó pufferterületet foglal magában (Sallmannshofer és mtsai., 2023; Tadic és mtsai., 2022). A rendelkezésre álló szakirodalmi adatok alapján feltételeztük, hogy a vízgyűjtőhöz tartozó élőhelyeken élő patások bármilyen irányban képesek terjeszteni a betegséget akár a fertőzött egyedeik által, akár a szőrzetükre tapadt köztigazda csigák elhurcolásával (Juhász és Majoros, 2023). Az MDDBR csapadékos, enyhe klímája, az ártéri erdők hatalmas, 2.250 km²-t kitevő összes területe kifejezetten alkalmassá teszi a területet a parazita terjedésére (Sallmannshofer és mtsai., 2023).

A Drávától távolabbi kisebb vízfolyások, tavak, égerlápok, mint potenciális trematoda élőhelyek alkalmassága, vizsgálati eredményeink alapján gyanítható. A fertőzött terület északnyugati kiterjedése a mintagyűjtési időszak lezárását követően is tovább növekedett. A 2023-2024-es vadászati év legvégén, pár hét különbséggel Iharos térségében azonosítottuk a parazitát egy autóbaleset következtében elhullott, később pedig egy orvvadászat áldozatául esett gímszarvas májában. A vizsgálati területen tapasztalt terjedési dinamika felhívja a figyelmet a *F. magna*, eddig nem tanulmányozott, lehetséges terjedési irányaira. Bár a Dunakanyartól egészen a Drávaig nem ömlik a Dunába nagyobb vízhozamú folyó (Lóczy, 2022), a kisebb csatornák és patakok szerepe sem elhanyagolható a *F. magna* esetleges megjelenésében és terjedésében.

A Dráva mentén tapasztalt viszonylag gyors, a kutatás négy éve alatt több mint 50 km-nyi, északnyugati irányú elmozdulás, ráirányítja a figyelmet az MDDBR-t jellemző klimatikus és hidrológiai viszonyok fokozott járványtani kockázatára, amelynek jövőbeni tanulmányozása hozzájárulhat a járványtani kockázati tényezők azonosításához, illetve az epidemiológiai előrejelzés hatékonyabbá tételéhez. A Dráva hazai vízgyűjtő rendszerében elvégezhető mikroepidemiológiai vizsgálatok további ismereteket szolgáltathatnak mind a nagy amerikai májmétely, mind a köztigazda iszapcsigák környezeti igényeinek pontosabb meghatározásához.

Az endémiás terület centrumában élő őz populáció tanulmányozása egyértelműen bizonyította, hogy az őz szervezete alkalmas arra, hogy abban a parazita befejezze a fejlődési ciklusát. A vizsgált őz egyedekben megfigyelt kórbonctani elváltozások a gímekben tapasztaltakhoz hasonlóak voltak. A vizsgálatba vont 60 mintából meghatározható látszólagos prevalencia 36,67% (CI95% 24,81-50,0%) volt. Az évről-évre mérhető prevalencia-adatok

ebben a fajban jelentős ingadozást mutatnak. Ez nagyon hasonló az őz fajban más szerzők által leírtakkal, ahol a prevalencia-adatok szintén tág határok között változnak. Ez feltételezhetően azzal függ össze, hogy az őz territoriális életmódot folytat, ezáltal fertőződése attól függ, hogy területükben előfordul-e iszapcsiga élőhely, illetve azt a szimpatrikus gímszarvas populáció egyedei látogatják (Halász és mtsai., 2023).

Valószínű, hogy az őz territoriális viselkedésével függ össze az a megfigyelésünk is, hogy enyhén fertőzött őzeket egyáltalán nem találtunk: a *F. magna* fertőzés egyértelmű jeleit mutató, a károsodott májszövetben makroszkóposan is látható mételyeket tartalmazó vadtestekkel egy időben kizárólag olyanokat észleltünk, amelyek mentesek voltak a fascioloidosis bármely jelétől.

A *F. magna*, különböző gazdafajokból, szexuális és aszexuális szaporodásból származó, petéinek keltethetőségét Kaplan-Meyer túlélési elemzéssel hasonlítottuk össze. A keltetési módszerünk hátránya volt, hogy az egyes fejlődési stádiumok minél pontosabb minősítése érdekében olyan módszert alkalmaztunk, amely nem tette lehetővé a peték gyakori ellenőrzését, így az embriófejlődés és a kelés időbeli lefolyásának részletes leírását. Ugyanakkor ez a vizsgálati elrendezés lehetővé tette, hogy statisztikailag kimutatható különbséget tudunk mérni a két gazdafajból származó peték életképessége között.

Nem szignifikáns, de egyértelmű különbség mutatkozott a szoliter és a csoportosan élő mételyek petéinek keltethetősége között. Az őz esetében mért eltérés p-értéke 0,56, míg a gím esetében 0,59 volt, amely érték nagyon közel van a hibahatárhoz. Emiatt elképzelhető, hogy nagyobb mintaszámon megismételt vizsgálat már szignifikáns különbséget tudna kimutatni a szexuális és az aszexuális szaporodásból származó *F. magna* peték életképessége között. Véleményünk szerint az elemzés során kapott eltérő lefutású túlélési görbék magyarázhatják, hogy ez egyes fajok különböző pszeudocisztáiban előforduló szoliter vagy párban élő mételyek mennyire járulhatnak hozzá a fertőzés továbbterjedéséhez.

Az őzből és gímből származó *F. magna* peték összehasonlítására irányuló vizsgálatunk alapján az őzből nyert peték mennyisége és keltethetősége, bár mérsékeltebb volt, mint a gímben, de egyértelműen bizonyítható volt életképességük. Ugyanakkor a vizsgált őzek bélsarában nem mutattunk ki petéket, ami eltér a régebb óta fennálló európai endémiákban tapasztaltaktól (Demiaszkiewicz és mtsai., 2018). Az *F. magna* öntermékenyítésre való képessége mindkét gazdafaj esetében lényegesen magasabb arányúnak bizonyult, mint a *F. hepatica* fajban korábban meghatározott 2% (Beesley és mtsai., 2017).

A fertőzési prevalencia, illetve a pszeudociszta képződésének aránya az őzben elmaradt a gímekben megfigyelttől. Ugyanakkor a vizsgálattal meghatározott fertőzési prevalencia mindkét fajban elegendően magas volt ahhoz, hogy a parazita jelentős virulenciája esetén egyértelműen megfigyelhető, populációsintű veszteséget okozzon, amelyről azonban az érintett vadgazdálkodók nem számoltak be.

Emellett fontos megjegyezni, hogy a *F. magna* eredeti gazdafaja, a fehérfarkú szarvas esetében is megfigyelhető, hogy annak májában viszonylag korlátozott számú métely képes kifejlődni és petét termelni, limitálva ezzel a környezetbe ürülő peték számát (Králová-Hromadová és mtsai., 2011). Az őz az az európai szarvasféle, amely filogenetikailag a legközelebb áll a fehérfarkú szarvashoz (Gilbert és mtsai., 2006), így nem kizárható, hogy az őzet fertőző mételyek petéinek fokozottabb sérülékenysége a Capreolinae alcsaládra jellemző evolúciós jelenség.

A vizsgálatban történt megfigyelések arra utalnak, hogy a dél-dunántúli, új elterjedési területen a parazita mindkét gazdafajban képes fejlődni és szaporodni, jelentősebb elhullás okozása nélkül. Ez alátámasztja azt a korábbi megfigyelést, hogy a *F. magna* új területeken vagy új gazdában történő megjelenése csupán átmenetileg okoz klinikai megbetegedést és komolyabb veszteségeket az érintett gazdapopulációban (Majoros és Sztojkov, 1994). A parazita alkalmazkodási stratégiája látszólag a virulencia csökkentésén alapul, amely lehetővé teszi, hogy a gazdapopuláció jelentősebb károsítása nélkül legyen képes maximalizálni a szaporodási teljesítményét, ezáltal biztosítva a populációja biztonságos fennmaradását (Turner és mtsai., 2021; Gowler és mtsai., 2023). Ez a megfigyelésünk összhangban van a *F. magna* evolúciós történetének áttekintése során összegyűjtött adatokkal, amely a parazita opportunistá természetét igazolják (Lotfy és mtsai., 2008).

Meg kell ugyanakkor jegyezni, hogy a gazdafaj populációsintű alkalmazkodásához szükséges idő nem feltétlenül telt el a parazita feltételezhető megjelenése óta. A területen korábban végzett, egyéb fertőző betegség, a szarvasmarha-gümőkór felderítésére irányuló részletes kórbonctani vizsgálatok során nem volt detektálható a parazita jelenléte (Csivincsik, 2019). Az első eset felfedezése 2016-ban történt és valószínűsíthető, hogy a parazita megtelepedése is erre az időszakra tehető. A megjelenéstől jelen dolgozat összeállításáig eltelt időszakban az őz populáció csupán néhány generációnyi szaporulatot produkált. Az ennek ellenére tapasztalható viszonylagos reziliencia háttérben az a jelenség állhat, hogy a Duna völgyében terjedő métely populáció a terjedése során jelentősen veszített a genetikai

változatosságából, így a gazda-parazita interakció során a virulencia csökkentésével képes fenntartani a szaporodási sikerét (Turner és mtsai., 2021). Feltételezhető, hogy a virulens tulajdonságot hordozó genetikai vonalak a megfertőzött gazdaegyedekkel együtt pusztulhattak el, ezáltal kiszelektálódtak a kárpát-medencei mótely-populációból (Buckingham és Ashby, 2022; Woolhouse és mtsai., 2001; Legett és mtsai., 2013; Martcheva és mtsai., 2017; Gowler és mtsai., 2023).

Az őz járványtani szerepének további monitorozása mindenképpen szükséges annak tisztázása érdekében, hogy a jelen vizsgálatban tapasztalt korlátozott petetermelés, illetve a peteürítés hiánya minek tulajdonítható. Tekintettel arra, hogy a feltételezhetően már egy évszázada fennálló lengyelországi endémiában vizsgált őzekben a peteürítés egyértelműen kimutatható (Demiaszkiewicz és mtsai., 2018), nem zárható ki, hogy a vizsgálatunkban tapasztalt jelenség magyarázata, hogy a parazita és gazdapopuláció koevolúciója az új elterjedési területen éppen csak elkezdődött. A másik lehetséges magyarázat, hogy az őz, mint a fehérfarkú szarvas legközelebbi európai rokonfaja, a későbbiekben is csak korlátozottan járul majd hozzá a *F. magna* fertőzési nyomás fenntartásához. Figyelembe véve az őz territoriális életmódját, valószínű, hogy a gazda-parazita koevolúció előrehaladása esetén sem lehet arra számítani, hogy az őz jelentősebb rezervoár fajjává válik a jövőben.

Az endémiás terület szélein, a terjedés folyamatos tanulmányozására alkalmas surveillance módszer kialakítása során két, a gyakorlatban is viszonylag egyszerűen alkalmazható módszer összehasonlítását végeztük el. A terepen gyűjtött hulladék ülepítéses parazitológiai vizsgálatát és a húsvizsgálat során elvégezhető megtekintéses vizsgálatot hasonlítottuk a gold standardnak tekintett részletes kórbonctani vizsgálatához.

A surveillance módszer fejlesztésére irányuló vizsgálat során bizonyítást nyert, hogy a bélsárminták ülepítéses vizsgálata csak legalább 5 adult mótely jelenléte esetén ad biztosan pozitív eredményt, valamint a peteszámból nem vonható le egyértelmű következtetés a fertőzést okozó mótelyek számára. Az ülepítéses eljárás érzékenysége 38,5%-nak (CI95%= 30,1–47,4%), míg specifikussága 100%-nak (CI95%= 98,1–100%) bizonyult a gold standarddal összehasonlítva.

A fényképes útmutató felhasználásával végzett surveillance során, a vizsgálatba bevont vadászati szakszemélyzet nagy biztonsággal volt képes felismerni a jellegzetes elváltozásokat. Az erre alapozott surveillance érzékenysége 100% (CI95%= 97,2 – 100%), specifikussága pedig 96,3% (CI95%= 92,5 – 98,5%) volt a gold standardnak tekinthető boncolásos vizsgálattal

összehasonlítva. Az összehasonlítás során a csupán a fiatal métélyek vándorlására utaló elváltozásokat, ha a kórboncolás utólag nem detektált morfológiai vagy molekuláris módszerrel egyértelműen azonosítható *F. magna* egyedek, nem fertőzöttnek tekintettük a gold standard szempontjából, az Anyag és módszer fejezetben leírtaknak megfelelően. A vizsgálatban közreműködő szakemberek azonban, mivel a surveillance előzetesen lefektetett szabályai alapján nem végeztek bemetszéseket a májon, így fertőzöttnek minősítették azokat. A vadászati szakszemélyzet által végzett felmérés specifikussága valószínűleg még jobb lenne, ha rendelkeznénk olyan diagnosztikai módszerrel, amely egyértelműen bizonyíthatja a métélyvándorlásra utaló elváltozások kórtani hátterét.

A területen gyűjtött hulladék vizsgálatára alapozott surveillance módszer előnye az lehetett volna, hogy a vadászati tevékenységtől függetlenül, az állatok zavarása nélkül, az év bármely időszakában tanulmányozni lehetett volna a gímszarvas aktuális fertőzési prevalenciáját. További előnyt jelenthetett volna, hogy az endémiás terület ismert kiterjedésének széli részein végzett monitoring segítségével szinte azonnal detektálható lett volna a terjedés. De éppen ezeken a részekén, a fertőzés új elterjedési területen való megjelenésekor tapasztalható, hogy eleinte kevés állat fertőződik, sokszor csak néhány métélyel, így éppen ezek az esetek maradnak rejtve, amelyek a továbbterjedés indikátorai lehetnének.

A vadászati szakszemélyzet bevonásával végzett surveillance vizsgálat eredményei ígéretesek. Ugyanakkor meg kell jegyezni, hogy a bevont személyek önkéntesen csatlakoztak a kutatáshoz, a téma iránt élénk érdeklődést mutattak, így a közreműködésükkel nyert adatok nem feltétlenül interpretálhatók a teljes vadásztársadalomra. A terepen szerzett tapasztalataink azt mutatják, hogy a vadászati szakszemélyzet érdeklődését leginkább az kelti fel az együttműködés iránt, ha egyértelműen bizonyítást nyer, hogy a parazita terjedése már elérte, vagy feltételezhetően rövidesen eléri az általuk kezelt területet, valamint az adott terület vadászati árbevételének jelentős százalékát képviseli a gímszarvas bikák hasznosításából származó eredmény.

A vizsgálat további hátránya, hogy a szeptembertől februárig terjedő, a gímszarvasok vadászati idényét jelentő időszakra korlátozódik. Ezen belül a szeptemberi-októberi időszakban jellemzően a bikák vadászata zajlik, amelynek során az egyedek állományból való kiemelése nem véletlenszerű, így az ebben az időszakban történt surveillance sokkal kevésbé reprezentálja az állományra jellemző prevalenciát, mint a novembertől februárig tartó

időszakban zajló, jellemzően a nőivarú egyedek és a fiatalabb korosztály gyérítését célzó vadászati tevékenység.

A surveillance módszer kidolgozását célzó vizsgálatunk eredményeként megállapítható, hogy a vadászati idényen kívüli, nem invazív vizsgálatok nem alkalmasak a fertőzés új területen történő megjelenésének, a terjedés irányának és sebességének meghatározására. Azonban az elejtett vad megtekintéses vizsgálatával, amelyet a zsigerelést végző személy is képes elvégezni, nagy biztonsággal megállapítható az egy-egy vadgazdálkodó kezelésében lévő területre jellemző aktuális prevalencia.

A boncolásos vizsgálat pontossága, bár jelenleg ez tekinthető a gold standard módszernek, nem alkalmas a friss fertőzések egyértelmű megerősítésére. A nagyszámú mótely által okozott elváltozások, különösen, ha azokat endémiás területen belül elejtett szarvasféle májában észlelik, elfogadhatóak a fertőzés tényének, vagy legalábbis megalapozott gyanújának megállapítására. Ugyanakkor éppen az endémiák széli részein, vagy azoktól távolabb eső vizes élőhelyeken megjelenő friss esetekben növekszik a diagnosztikai bizonytalanság. Ezeknek az eseteknek a kétséget kizáró vizsgálatára jelenleg nem áll rendelkezésre az elváltozott szövetekből elvégezhető molekuláris diagnosztikai módszer, amely nem csupán a fertőzés gyanúját, de a *F. magna* egyértelmű jelenlétét állapíthatná meg.

6. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS A JAVASLATOK

A 2019-2023. között zajló vizsgálsorozat célja az volt, hogy a Dél-Dunántúl középső, illetve nyugati területén felfedezett nagy amerikai májmétely endémiás terület járványtani sajátosságait azonosítsuk. A szakirodalmi adatok feldolgozásával határoztuk meg azokat a részcelemek, amelyek lehetővé tették a gímszarvas és az őz fertőzésfenntartó és terjesztő szerepének tisztázását, a parazita terjedési irányainak meghatározását, az elérhető vizsgáló módszerek értékelését.

Az endémia monitorozására kialakított vizsgáló módszerünk – a vadászati szakszemélyzet bevonása a vadtestek terepi értékelésébe az elváltozásokról készült fényképfelvételek felhasználásával összeállított útmutató segítségével – legfőbb hátránya, hogy kizárólag a vadászati idényekben teszi lehetővé a mételyesség monitorozását. Ennek következtében nem megvalósítható általa az egész éven át tartó folyamatos, az állatok zavarása nélküli, non-invazív vizsgálat. A terepi bélsárgyűjtés és a mintákból elvégzett ülepítéssel vizsgálat, amely ez utóbbi kívánalomnak megfelelt volna, nem bizonyult megfelelő érzékenységűnek. Csupán a legalább 5 kifejtett métellyel fertőzött egyedek esetében adott megbízható eredményt.

A fenti tapasztalat alapján javasolható, hogy különböző mértékben fertőzött, lőtt testekből nyert bélsárminták molekuláris vizsgálatával érdemes lenne *F. magna* DNS-t keresni, amelyek már alacsonyabb mértékű vagy friss fertőzés esetén is jelzik az egyed fertőzöttségét. Ennek a vizsgálati módszernek a kialakítása meghaladta e munka kereteit, de a jövőben szükséges ezt a kutatási irányt követni, hogy a jelenleginél pontosabban meghatározható legyen a szarvasfélék egyes populációiban történő megjelenés és terjedés.

Ugyanez mondható el a boncolásos vizsgálat hatékonyságának növelésével kapcsolatban is. A friss, csupán a fiatal mételyek vándorlásával jellemezhető elváltozások alapján, különösen, ha azok a máj szövetének kisebb részét érintik, illetve, ha ismert endémiás területen kívül detektálják azokat, nem alkalmasak az *F. magna* fertőzés egyértelmű megerősítésére. A fertőzési prevalencia pontosabb becslését tenné lehetővé, ha rendelkezésre állna a friss fertőzések diagnosztizálását lehetővé tevő, az elváltozott májszövetből elvégezhető molekuláris diagnosztikai vizsgálat.

A fényképes útmutatóra alapozott surveillance kedvező tapasztalatai alapján javasolható a vadgazdálkodók szélesebb körének bevonása a vizsgálatokba, akár az Országos Magyar

Vadászkamara által szervezett továbbképzések keretében. A jelen vizsgálattal megállapított terjedési irány alapján várható, hogy az endémiás terület kiterjedése néhány éven belül eléri Zala vármegye legfontosabb gímszarvas-élőhelyeit, amelynek vadgazdálkodási következményei egyelőre nehezen becsülhetők. A Zselicben és Belső-Somogyban szerzett tapasztalatok, amelyek nem igazoltak jelentős mértékű kártételt, némileg eltérnek a gemenci területen megfigyelt, trófeaminőségre gyakorolt kedvezőtlen hatástól (Tóth, 2012).

A zalai gímszarvast veszélyeztető további probléma lehet, hogy jelenleg nem történnek átfogó vizsgálatok a Duna Győr-Moson-Sopron vármegyei mellékfolyóin történő esetleges terjedés megállapítására vagy kizárására. A rendelkezésre álló populációgenetikai vizsgálatok egyértelműen igazolták, hogy a dunai terjedés során csökkent a parazita genetikai diverzitása és virulenciája is (Králová-Hromadová, 2016; Juhász és Stothard, 2022). Ugyanakkor a Szigetközben és Ausztriában élő parazita populációra nem feltétlenül igaz a dél-dunántúli, új elterjedési területen szerzett tapasztalat.

A Duna mellékfolyóin történő esetleges déli terjedés megfigyelése vadgazdálkodási szempontból kiemelten fontos lenne. A jelen vizsgálat tapasztalatai alapján ugyanis nem kizárható, hogy a *F. magna* a Dunántúl eddig mentes élőhelyein is megjelenik a gímszarvas populációk mozgása révén. A fényképes útmutató használatával, legalább a vadászati idenyek során, egyértelműen megállapítható lenne a parazita megjelenése az újabb területeken. A vadgazdálkodók szervezett oktatása nélkül ez a módszer azonban nem működőképes.

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

A dél-dunántúli, új endémiás területen élő őz populációk folyamatos monitorozása révén további adatok gyűjthetők a fehérfarkú szarvashoz filogenetikailag legközelebb álló európai szarvasféle és a *F. magna* koevolúciós adaptációjáról. Bár valószínűsíthető, hogy az őz, szoliter, territoriális életmódja miatt nem tud olyan mértékben hozzájárulni a *F. magna*

terjedéséhez, mint a nagytestű szarvasfélék, de az őzek tanulmányozásával nyert kórtani és járványtani adatok értékes információkkal gazdagíthatják invázióbiológiai ismereteinket.

A Duna felső folyása mentén terjedő és a dél-dunántúli parazita-populáció genetikai összehasonlítása alapján becsülhető lenne, hogy milyen kockázatot rejt magában a két populáció elterjedési területének átfedése. A két populáció genetikai különbsége elég nagy-e ahhoz, hogy azok hibridizálódása olyan heterózishatást eredményezzen az új, kevert populációban, amely már komolyabb mértékben befolyásolja az átfedő elterjedési területen élő gazdapopulációk teljesítményét, esetleg túlélését.

Jelen munka nem terjedt ki a köztigazda populációk vizsgálatára. Ugyanakkor a szakirodalmi adatok egyértelműen ráirányították a figyelmet a klímaváltozás és az emberi tevékenység következtében megváltozó élőhelyek járványtani kockázatára. A folyókon végzett vízrendezési tevékenységek következtében lassuló vízáramlás, az eutrofizáció és az inváziós növény- és csigafajok is hozzájárulhatnak a parazita jelentősebb mértékű elterjedéséhez, illetve kártételének növekedéséhez (Soldánová és mtsai., 2010; Králová-Hromadová és mtsai., 2011; Sturm, 2012). Ennek egyik legjellegzetesebb példája a *Pseudosuccinea columella* csigafaj európai terjedése (Vignoles és mtsai., 2018). A faj jelentős inváziós képességgel rendelkezik, emellett a fertőzési kísérletekben bizonyítottan kifejezetten kedvező feltételeket biztosít a *F. magna* fejlődéséhez (Pankrác és mtsai., 2016; Rondelaud és mtsai., 2014). A hazai előfordulására is van már bizonyíték (Varga és Lökkös, 2021; Vignoles és mtsai., 2018), ugyanakkor a csiga és a parazita természetes élőhelyen való közös előfordulását Európában még nem vizsgálták. A csiga hazai előfordulásának és terjedésének feltérképezése jelentős mértékben hozzájárulhatna a járványtani kockázatbecslés pontosításához, a parazita potenciális terjedési irányának, a terjedés sebességének meghatározásához.

Az őshonosnak tekinthető köztigazda csigafajok, a *G. truncatula* és a *R. labiata/peregra* optimális környezeti igényeinek, a jelentős mértékű populációnövekedés okainak tisztázása további adatokat szolgáltatathat egy-egy adott területen élő gazdafajok fertőzési kockázatának meghatározásához. Kiemelten javasolható a Dráva vízgyűjtő területén található élőhelyek részletes felmérése, az ott élő köztigazda-populációk tanulmányozása, mert a jelen kutatás azt bizonyítja, hogy ez a vízrendszer kifejezetten kedvező feltételeket teremt a parazita fennmaradása és terjedése számára.

Javasolható továbbá az endémiás területen élő vaddisznó-populáció kórbonctani monitoringja. A dél-dunántúli endémiás területtel azonos forrásból fertőződött horvátországi

endémiában végzett vizsgálatok felvetik annak a lehetőségét, hogy a vaddisznó járványtani szerepe megváltozhat a gazda-parazita interakció módosulása következtében, így a fertőzést fenntartó definitív gazdává válhat (Konjevic és mtsai., 2017). A vaddisznó májminták kórbonctani és kórszövettani vizsgálata és az érett petéket termelő mótelyek genetikai vizsgálata további információkat szolgáltathat a parazita alkalmazkodó képességének mértékéről, amely a faj egész evolúciós történetét végigkísérő jelenség (Cshivincsik és mtsai., 2023).

Összefoglalva az alábbi kutatási irányok határozhatók meg:

1. A végleges gazda bélsarával ürülő parazita DNS kimutatását célzó diagnosztikai módszer kidolgozása a terepi bélsárminta-gyűjtésre alapozható, non-invazív surveillance módszer kialakítása érdekében.
2. A friss fertőzésekben tapasztalható szöveti elváltozások kóroki megerősítésére alkalmas molekuláris diagnosztikai módszer fejlesztése a *F. magna* fertőzési prevalencia pontos meghatározása érdekében, különösen az endémiás területek széli részein.
3. Az endémiás területen élő gazdafajok (gím, dám, őz) MHC génkomplex allél-diverzitásának felmérése és értékelése a *F. magna* fertőzöttség mértékének függvényében.
4. Az endémiás területen élő őz populációk és territóriumuk monitorozása a *F. magna* fertőzést fenntartó szerep pontosabb meghatározása érdekében.
5. A hazánkban meghatározható endémiás területeken élő, nagy amerikai májmótely-populációk populációgenetikai összehasonlítása, az egyes alpopulációk esetleges hibridizálódásából eredő járványtani kockázat becslése, különös tekintettel a zalai gímszarvas-élőhelyek ilyen kockázatára.
6. A *P. columella* hazai előfordulásának felmérése, különös tekintettel a *F. magna* elterjedési területeken, illetve azok közelében.
7. A köztigazda csigafajok optimális életfeltételeinek vizsgálata, a *F. magna* esetleges megjelenése szempontjából a leginkább veszélyeztetett hazai ökoszisztémák meghatározása, monitorozása.
8. A Mura-Dráva-Duna Bioszféra Rezervátumhoz tartozó vizes élőhelyek folyamatos monitorozása a parazita terjedése szempontjából, a vízrendszer hordozta kockázati tényezők azonosítása érdekében.

7. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Kidolgoztuk a szarvasfélék zsigerelese során elvégezhető, kizárólag megtekintésen alapuló surveillance-módszert a nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) prevalenciájának meghatározására, amelynek érzékenysége 100% (CI95% = 97,2 – 100%), specifikussága pedig 96,3% (CI95% = 92,5 – 98,5%) a gold standardnak tekinthető boncolósos vizsgálattal összehasonlítva.
2. A fertőzött gazdák peteürítése és a fertőzöttség mértéke között gyenge összefüggést találtunk, ezáltal a bélsár ülepítéses vizsgálatára alapozott surveillance-módszer érzékenysége csupán 38,5%-nak (CI95% = 30,1 – 47,4%), míg specifikussága 100%-nak (CI95% = 98,1 – 100%) bizonyult a gold standarddal összehasonlítva.
3. A vizsgálati területen egyértelműen bizonyítást nyert, hogy a *F. magna* fertőzöttség intenzív terjedést mutat a Dráva folyó vízgyűjtő területén a folyásiránnyal szemben mind nyugati, mind északi irányban.
4. A vizsgálati területen a gímszarvasban megállapított prevalencia *F. magna* 46,2% (CI95%: 40,9-51,4%), amely a Duna mentén terjedő endémiához hasonlítható érték., Ugyanakkor meg kell jegyezni, hogy a jelen kutatás során vizsgált terület nem bővelkedik vizes élőhelyekben, ezáltal kevésbé alkalmas a parazita fennmaradása szempontjából.
5. Az őz (*Capreolus capreolus*) gazdafaj májából kinyert petékből életképes miracidiumokat keltettünk, bizonyítva ezzel az őz potenciális fertőzés fenntartó képességét.
6. A gímszarvas (*Cervus elaphus*) gazdafaj májából kinyert peték túlélési képessége szignifikánsan jobb volt, mint az őz faj májából származóké.
7. A *F. magna* faj öntermékenyítésre való képessége bizonyítható volt mind a gímszarvas, mind az őz gazdafajból származó, szoliter elhelyezkedésű mételyekben. Az öntermékenyítésből származó peték életképessége nem mutatott szignifikáns különbséget a csoportosan élő, tehát feltehetően szexuálisan szaporodó mételyek petéinek életképességétől.

8. ÖSSZEFOGLALÁS

A nagy amerikai májmétely (*F. magna*) parazitikus életmódot folytató Trematoda, amely fejlődése során patás, jellemzően a szarvasfélékhez tartozó végleges gazdafajokban és a Lymnaeidae családba tartozó köztigazda csigafajokban képes fejlődni. A faj észak-amerikai eredetű, Európába fertőzött szarvasfélékkel hurcolták be, valószínűleg a XIX. század során. Az európai szarvasfélékhez történő adaptációja viszonylag gyorsan történt, köszönhetően a faj nagyfokú alkalmazkodóképességének, mely általában jellemző a Fasciolidae családra, amelybe tartozik.

Hazánkban az 1990-es évek óta van jelen és jellemzően a Duna völgyéhez kötődik a terjedése. A Dunától távoli területen történő megjelenését 2016-ban sikerült megfigyelni a Zselic tájegységben. Ez a felfedezés ráirányította a figyelmet az emberi tevékenységhez köthető behurcolás jelentőségére, ezért az új endémiás területen végzett vizsgálsorozat célja az volt, hogy feltérképezze a parazita terjedésének jellemzőit és az egyes szarvasfélék járványtani szerepét. Az új elterjedési terület jelentőségét az adja, hogy a parazita környezeti igényei szempontjából egyáltalán nem optimális környezetben történt a fertőzés felfedezése, amely egyúttal hazánk egyik legfontosabb gímszarvas-élőhelye.

A terepi vizsgálatok megkezdése előtt végzett irodalomkutatás során határoztuk meg azokat a vizsgálati irányokat, amelyek a rendelkezésre álló kutatási infrastruktúra felhasználásával megfelelő adatokat szolgáltatathat az új endémia járványtani sajátosságainak feltérképezéséhez.

Az elsődleges célunk olyan surveillance módszer kialakítása volt, amellyel folyamatosan nyomon követhető a parazita terjedése. Ennek érdekében fotósorozatot készítettünk a különböző mértékben fertőzött májakról, majd ennek segítségével oktattuk a vizsgálatba bekapcsolódó vadászati szakembereket. A vadászati szakemberek által minősített máj mintákat azután részletes kórbonctani vizsgálatnak vetettük alá, illetve elvégeztük az ugyanazon állati testből származó bélsárminta ülepítései vizsgálatát. A részletes kórbonctani vizsgálatot arany standardnak tekintve számítottuk ki a fényképes útmutatóra és a peteürítés vizsgálatára alapozott surveillance érzékenységet.

A gímszarvas és az őz járványtani szerepének tisztázása érdekében az endémiás terület centrumából származó gímszarvas és őz májminták kórbonctani és kórszövettani vizsgálatát végeztük el, a mintákban megszámloltuk a mételyek számát, megfigyeltük a pszeudociszta-

képzés mértékét, az egyes pszeudocisztákból nyerhető mételyek számát, illetve keltetési kísérletet végeztünk csoportosan élő és szoliter mételyekből származó peték keltetésével. A keltetés során meghatároztuk az egyes fajokból, illetve a csoportosan és szoliter módon élő férgekől származó peték keltethetőségét és túlélését. A fenti adatok alapján hasonlítottuk össze a két faj szerepét a nagy amerikai májmétely fenntartásában és terjesztésében.

A parazita terjedési területének változását a korábban ismertté vált esetektől különböző távolságokban elejtett egyedek részletes kórbonctani vizsgálatával, a fertőzési prevalencia megállapításával határoztuk meg.

A különböző mértékben fertőzött gímszarvasok májáról készített fényképes útmutatóval oktatott vadászati szakemberek terepi minősítésére alapozott surveillance hatékonysága megfelelőnek bizonyult: az érzékenysége 100%-nak (CI95% = 97,2 – 100%), specifikussága pedig 96,3%-nak (CI95% = 92,5 – 98,5%) bizonyult az arany standardnak tekinthető részletes kórbonctani vizsgálattal szemben. A bélsárminták ülepítéses vizsgálatára alapozott surveillance azonban nem adott megfelelő eredményt. A vizsgálati módszer érzékenysége csupán 38,5%-nak (CI95% = 30,1 – 47,4%), míg specifikussága 100%-nak (CI95% = 98,1 – 100%) bizonyult a gold standarddal összehasonlítva. A vizsgálattal nyert tapasztalatok alapján legalább 5 kifejlett métely májbeli előfordulása esetén lehet számítani a peték bélsárban való megjelenésére.

A gímszarvas és az őz máj mintákban egyaránt sikerült detektálnunk a valódi gazdákra jellemző szerkezetű pszeudociszták előfordulását, bár a gímszarvas egyedekben nagyobb arányban. Mind a gímszarvasokból, mind az őzekből származó pszeudociszta-tartalmakból kinyerhető peték keltethetőek voltak. A gímszarvasokból származó peték keltethetősége és túlélési képessége azonban szignifikánsan jobbnak bizonyult. Mindkét fajban megfigyelhető volt a szoliter mételyek petetermelése is, a közönséges májmételyre jellemző aránynál jelentősen nagyobb mértékben. Az ilyen mételyektől származó peték keltethetősége és túlélése enyhe, nem szignifikáns mértékben elmaradt a csoportosan élő mételyek utódaiétól.

A négy évig tartó vizsgálatsorozat idején egyértelműen megfigyelhető volt az endémiás terület növekedése nyugati és északi irányban, a Dráva vízgyűjtő területén belül, a folyásiránnyal ellentétesen. A vizsgálati időszakban a hazánkban legfontosabbnak tekintett gazdafajban, a gímszarvasban tapasztalt prevalencia 46,2% (CI95%: 40,9-51,4%), amely nagyon hasonló a cseh-lengyel endémiában (Filip-Hutsch és mtsai., 2022) és a Duna völgyében (Bazsálovicsová és mtsai., 2016) történő terjedés során leírtakhoz. Ez a tény azért bír

járványtani jelentőséggel, mert a vizsgált terület jelentős része - a jelenlegi ismereteink szerint - nem ideális élőhely a nagy amerikai májmétely terjedése szempontjából.

A vizsgálatainkkal igazolt északi és nyugati irányú terjedés alapján feltételezhető, hogy az endémia néhány éven belül eléri a zalai gímszarvas-élőhelyeket. Ugyanakkor, mivel egyértelműen megállapítható, hogy a folyásiránnyal ellentétes terjedés akadálytalanul zajlik a köztigazda csigák számára alkalmas élőhely hálózatok mentén, így nem kizárható, hogy a Dél-Dunántúlon, a Dráva vízgyűjtő területén megfigyelhető terjedéshez hasonló folyamat észrevétlenül zajlik a Duna felső folyásán is. Ez felveti annak lehetőségét, hogy a dél-dunántúli és a Szigetközbeli a Duna mellékfolyóin terjedő alpopulációk elterjedési területe idővel összeér. Ez abban az esetben okozhat jelentős járványtani kockázatot, ha a két alpopuláció olyan mértékben különbözik egymástól genetikailag, hogy a keveredésükkel létrejövő hibrid populációban kialakuló heterózishatás nagyobb mértékű virulencia növekedést is okoz majd.

Fentiek alapján a következő további vizsgálatok javasolhatók a hazai szarvasféléket érintő járványtani kockázat felmérése érdekében: a *F. magna* egyes alpopulációinak populációgenetikai vizsgálata a genetikai elkülönülés és a genetikai diverzitás meghatározása érdekében, az egyes gazdapopulációk genetikailag meghatározott ellenálló-képességének becslése az MHC génkomplex vizsgálatával, a parazita terjedése szempontjából alkalmas élőhelyek feltérképezése, a klímaváltozás és az inváziós növény- és csigafajok kockázatonövelő hatásainak becslése, a gazda-parazita interakció változásának vizsgálata a vaddisznó esetében.

9. SUMMARY

The large American liver fluke (*Fascioloides magna*) is a parasitic Trematode that develops in ungulates. It has an indirect life-cycle with definitive host species (typically cervids) and intermediate host snails, which belong to the family Lymnaeidae. The species originated in North America and was introduced to Europe by different infected deer specimens, probably during the nineteenth century. Its adaptation to European cervids occurred relatively quickly due to the high adaptability of the species, which is generally characteristic of the family Fasciolidae to which it belongs. The species has been present in Hungary since the 1990s and is typically associated with the Danube Valley. Its appearance in areas distant from the Danube was observed in the Zselic region in 2016. This discovery drew attention to the importance of human-mediated introduction. Therefore, the aim of the study conducted in the new endemic area was to map the spread characteristics of the parasite and the epidemiological role of certain deer species. The importance of the new distribution area lies in the fact that the infection was discovered in an environment, which is one of Hungary's most important red deer habitats and it is not optimal for the parasite's development cycle.

During the literature search before the start of field studies, we defined the research directions that can provide adequate data for mapping the epidemiological features of the new endemic using the available research infrastructure. Our primary goal was to develop a surveillance method that could continuously monitor the spread of the parasite. To this end, we took photographs of livers infected to varying degrees and used them to train the hunting professionals involved in the study. The liver samples qualified by the hunters were then subjected to detailed pathological examination, and the sedimentation method of the faecal samples from the same animal was performed. The surveillance sensitivity based on the detailed pathological examination considered as the gold standard, was calculated based on the illustrated guide and the examination of egg excretion.

To clarify the potential epidemiological role of the red and roe deer, pathological and histological examinations of liver samples were performed, and the number of flukes was counted in them. The degree of pseudocyst formation, the number of flukes that could be obtained from individual pseudocysts, and hatching experiments were also performed. The hatchability capacity and survival of eggs derived from different host species and pseudocysts (e.g. gregarious and solitary) living flukes were determined during hatching. Based on the

above data, we compared the role of the two species in the maintenance and spread of the large American liver fluke.

The change in the parasite's distribution area was determined by detailed pathological examination of individuals hunted at distances different from the previously known cases and by determining the prevalence of infection.

The surveillance effectiveness based on the field assessment of hunters trained using the illustrated guide of livers infected to varying degrees was found to be adequate: sensitivity proved 100% (CI95% = 97.2–100%), and specificity was 96.3% (CI95% = 92.5–98.5%) compared to the gold standard of detailed pathological examination. However, surveillance of sedimentation techniques did not yield satisfactory results. The sensitivity of the examination was only 38.5% (CI95% = 30.1–47.4%), while the specificity was 100% (CI95% = 98.1–100%) compared to the gold standard. Based on the experience gained during the study, eggs in faeces can be expected when at least five mature flukes are present in the liver.

The presence of pseudocysts with a characteristic structure for definitive hosts was detected in liver samples from red and roe deer, although with a greater proportion in red deer specimens. Eggs extracted from pseudocysts from both species hatched successfully. However, the hatchability and survival of eggs derived from red deer were significantly better. In both species, the egg production of solitary flukes was also significantly higher than as previously observed in the common liver fluke (*Fasciola hepatica*). The hatchability and survival of eggs derived from two-fluked pseudocysts lagged slightly and not significantly behind those from solitary flukes.

During the four-year study, the expansion of the endemic area was observed in westward and northward directions within the Drava catchment area, in the opposite direction of the flow. For the study period, the period prevalence proved 46.2% (CI95%: 40.9–51.4%) in the most important native host species, the red deer. This value is very similar to those, which were determined in the Polish-Czech endemic area (Filip-Hutsch és mtsai., 2022), and in the Danube Valley (Bazsálovicsová és mtsai., 2016). This fact has epidemiological relevance because the vast majority of our study site cannot provide ideal circumstances for the maintenance of the large American liver fluke.

Based on the northward and westward spread confirmed by our studies, it can be assumed that the endemic will reach the red deer habitats of Zala within a few years. At the same time, since it can be established that upstream propagation takes place unhindered along habitat

networks suitable for intermediate host snails, it cannot be ruled out that a process similar to the spread observed in South Transdanubia in the catchment area of the Drava also takes place unnoticed in the upper stream of Danube. This may pose a significant epidemiological risk if the two subpopulations differ genetically to such an extent that the heterosis effect in the hybrid population will also cause a greater increase in virulence.

Based on the above, the following further studies may be proposed to assess the epidemiological risk to indigenous cervids: population genetic analysis of certain subpopulations of *F. magna* to determine genetic separation and diversity, estimation of genetically determined resistance of individual host populations by MHC gene complex analysis, mapping of habitats suitable for parasite spread, estimation of risk-increasing effects of climate change, invasive plant, and snail species, investigation of changes in host-parasite interaction in wild boars.

10. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Ezúton szeretnék köszönetet mondani témavezetőmnek, Dr. Csivincsik Ágnesnek és Dr. Nagy Gábornak, akik nélkül ez a munka sose készülhetett volna el, és akik biztatása nélkül, bátorságom sem lett volna nekivágni a kutatásnak.

Köszönettel tartozom családomnak, leginkább feleségemnek, aki mindenben támogatott ez idő alatt, lehetővé tette, hogy a mindennapi feladatok mellett, tanulmányaimra is jutott időm.

Édesapámnak és édesanyámnak a mindenkori támogatásért.

A SEFAG Zrt. munkatársainak, hogy lehetővé tették és támogatták a kutatásaim megvalósítását. Barkóczy István nyugalmazott vezérigazgatónak, Fehér István vezérigazgató úrnak, Dr. Varga Gyula vadgazdálkodási osztályvezetőnek és Balog Tamás osztályvezető helyettesnek támogatásukért.

Kollégáimnak: Plucszinszki Zsoltnak, István Attilának, Vörös Baláznak, Horváth Rolandnak, Csordás Rolandnak, Ruzsics Baláznak, ifj. Jakus Lászlónak, Mónos Zoltánnak, Nyúl Andrásnak, hogy a mindennapi munkájuk mellett volt idejük számomra rengeteg mintát gyűjteni.

Köszönettel tartozom Nagy Eszternek és Nagy Rebekának, amiért rengeteg mintát feldolgoztak nekem, és Dr. Benedek Ildikónak, aki a molekuláris laboratóriumi vizsgálatok végzése során nyújtott számomra segítséget.

Köszönöm a Drávasztárai Földtulajdonosok Vadásztársaságának, Dudás Péter hivatásos vadásznak, hogy mintákat biztosított számomra.

Mindenkinek köszönöm, aki a kutatásom ideje alatt segítségemre volt.

11. IRODALOMJEGYZÉK

1. Abe, E.M., Guan, W., Guo, Y.H., Kassegne, K., Qin, Z.Q., Xu, J., Chen, J.H., Ekpo, U.F., Li, S.Z., Zhou, X.N., 2018. Differentiating snail intermediate hosts of *Schistosoma* spp. using molecular approaches: Fundamental to successful integrated control mechanism in Africa. *Infect. Dis. Poverty*. 7, 6–18. <https://doi/10.1186/s40249-018-0401-z>.
2. Alba, A., Vázquez, A.A., Sánchez, J., Lounnas, M., Pointier, J.P., Hurtrez-Boussès, S., Gourbal, B., 2019. Patterns of distribution, population genetics and ecological requirements of field-occurring resistant and susceptible *Pseudosuccinea columella* snails to *Fasciola hepatica* in Cuba. *Sci. Rep.* 9, 14359. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-50894-7>
3. Alexander, N., 2012. Analysis of parasite and other skewed counts. *Trop. Med. Int. Health*. 17(6), 684–693.
4. Barakat, R.M., 2013. Epidemiology of schistosomiasis in Egypt: Travel through time. *J. Adv. Res.* 4, 425–432. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2012.07.003>
5. Bargues, M.D., Artigas, P., Khoubbane, M., Ortiz, P., Naquira, C., Mas-Coma, S., 2012. Molecular characterisation of *Galba truncatula*, *Lymnaea neotropica* and *L. schirazensis* from Cajamarca, Peru and their potential role in transmission of human and animal fascioliasis. *Parasit. Vectors*. 5, 174. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-174>
6. Bargues, M.D., Halajian, A., Artigas, P., Luus-Powell, W.J., Valero, M.A., Mas-Coma, S., 2022. Paleobiogeographical origins of *Fasciola hepatica* and *F. gigantica* in light of new DNA sequence characteristics of *F. nyanzae* from hippopotamus. *Front. Vet. Sci.* 9, 990872. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.990872>
7. Bassi, R., 1875. Sulla cachessia ittero-verminosa, o marciaia, causata dal *Distomum magnum*. *J. Med. Vet. Torino*. 4, 497–515.
8. Bazsalovicsová, E., Králová-Hromadová, I., Štefka, J., Minárik, G., Bokorová, S., Pybus, M., 2015. Genetic interrelationships of North American populations of giant liver fluke *Fascioloides magna*. *Parasit. Vectors*. 8, 288. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0895-1>
9. Bazsalovicsová, E., Špakulová, M., Juhásová, L'., Miholics, Š., Rajský, D. and Králová-Hromadová, I., 2016. A long-term survey of *Fascioloides magna* in red deer (*Cervus elaphus*) in Slovakia (Danube floodplain forests) during the period of 2005 – 2015. *Helminthologia*, 53, 243–247. <https://doi.org/10.1515/helmin-2016-0024>
10. Beesley, N.J., Williams, D.J., Paterson, S., Hodgkinson, J., 2017. *Fasciola hepatica* demonstrates high levels of genetic diversity, a lack of population structure and high gene flow: Possible implications for drug resistance. *Int. J. Parasitol.* 47, 11–20. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2016.09.007>
11. Benavides, J., Walsh, P. D., Meyers, L. A., Raymond, M., Caillaud, D., 2012. Transmission of infectious diseases en route to habitat hotspots. *PLoS ONE* 7(2): e31290. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0031290>

12. Buckingham, L.J., Ashby, B., 2022. Coevolutionary theory of hosts and parasites. *J. Evol. Biol.* 35, 205–224. <https://doi.org/10.1111/jeb.13981>
13. Campbell, W.C., 1961. Notes on the egg and miracidium of *Fascioloides magna*, (Trematoda). *Transac. Am. Microsc. Soc.* 80, 308–319.
14. Cantalapiedra, J.L., Sanisidro, O., Zhang, H., Alberdi, M.T., Prado, J.L., Blanco, F., Saarinen, J., 2021. The rise and fall of proboscidean ecological diversity. *Nat. Ecol. Evol.* 5, 1266–1272. <https://doi.org/10.1038/s41559-021-01498-w>
15. Castillo, L., Fernández-Llario, P., Mateos, C., Carranza, J., Benítez-Medina, J.M., García-Jiménez, W., Bermejo-Martín, F., Hermoso de Mendoza, J., 2011. Management practices and their association with *Mycobacterium tuberculosis* complex prevalence in red deer populations in Southwestern Spain. *Prev. Vet. Med.* 98(1), 58–63. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2010.11.008>.
16. Chiarenza, A.A., Farnsworth, A., Mannion, P.D., Lunt, D.J., Valdes, P.J., Morgan, J.V., Allison, P.A., 2020. Asteroid impact, not volcanism, caused the end-Cretaceous dinosaur extinction. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 117, 17084–17093. <https://doi.org/10.1073/pnas.2006087117>
17. Choi, Y.J., Fontenla, S., Fischer, P.U., Le, T.H., Costábile, A., Blair, D., Brindley, P.J., Tort, J.F., Cabada, M.M., Mitreva, M., 2020. Adaptive radiation of the flukes of the family Fasciolidae inferred from genome-wide comparisons of key species. *Mol. Biol. Evol.* 37, 84–99. <https://doi.org/10.1093/molbev/msz204>
18. Codron, D., 2019. Evolution of large mammal herbivores in savannas. In *Savanna Woody Plants and Large Herbivores*, 1st ed.; Scogings, P.F., Sankaran, M., Eds.; John Wiley & Sons Ltd.: Chichester, UK.
19. Correa, A.C., Escobar, J.S., Durand, P., Renaud, F., David, P., Jarne, P., Pointier, J.-P., Hurtrez-Boussès, S., 2010. Bridging gaps in the molecular phylogeny of the Lymnaeidae (Gastropoda: Pulmonata), vectors of fascioliasis. *BMC Evol. Biol.* 10, 381. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-381>
20. Crone, E.R., Sauer, E.L., Preston, D.L., 2023. Non-native fish facilitate non-native snails and alter food web structure in experimental pond communities. *Funct. Ecol.* 37, 947–958. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.14274>
21. Csivincsik, Á., Halász, T., Nagy, G., 2023. The Large American Liver Fluke (*Fascioloides magna*): A survivor's journey through a constantly changing world. *Parasitologia*, 3(4), 300–326. <https://doi.org/10.3390/parasitologia3040031>
22. Csivincsik, Á. 2019. A szarvasmarha-gümőkór erdei rezervoárjának vizsgálata, PhD disszertáció, Állatorvostudományi Egyetem, Állatorvostudományi Doktori Iskola, Budapest.
23. Csondor, K., Czauner, B., Csobaji, L., Győri, O., Erőss, A., 2020. Characterization of the regional groundwater flow systems in south Transdanubia (Hungary) to understand karst evolution and development of hydrocarbon and geothermal resources. *Hydrogeol. J.* 28, 2803–2820. <https://doi.org/10.1007/s10040-020-02216-9>
24. Demiaszkiewicz, A.W., Kowalczyk, R., Filip, K.J., Pyziel, A.M., 2018. *Fascioloides magna*: A parasite of roe deer in Bory Zielonogórskie (in Polish). *Med. Weter.* 74, 257–260. <https://dx.doi.org/10.21521/mw.6037>

25. Dél-dunántúli Vízügyi Igazgatóság, 2014. Jelentős vízgazdálkodási kérdések a „3-2 Rinya-mente” tervezési alegység területén. Letöltés időpontja: 2024. május 24.
[https://vpf.vizugy.hu/reg/ovf/doc/3-2%20Rinya-mente%20alegység%20JKV%20vitaanyag%20\(DDVIZIG\).pdf](https://vpf.vizugy.hu/reg/ovf/doc/3-2%20Rinya-mente%20alegység%20JKV%20vitaanyag%20(DDVIZIG).pdf)
26. Engelstädter, J., Fortuna, N.Z., 2019. The dynamics of preferential host switching: Host phylogeny as a key predictor of parasite distribution. *Evolution*. 73, 1330–1340.
<https://doi.org/10.1111/evo.13716>
27. Erhardová, B., 1961. *Fascioloides magna* in Europe. *Helminthologia*. 3, 91–106.
28. Erhardová-Kotrlová, B., 1971. The occurrence of *Fascioloides magna* (Bassi, 1875) in Czechoslovakia; Czechoslovak Academy of Science: Prague, Czech Republic, p. 155.
29. Erhardová-Kotrlá, B., Blazer, K., 1970. Artificial infestation caused by the fluke *Fascioloides magna*. *Acta Vet. Brno*. 39, 287–295.
30. Farrell, M.J., Park, A.W., Cressler, C.E., Dallas, T., Huang, S., Mideo, N., Morales-Castilla, I., Davies, T.J., Stephens, P., 2021. The ghost of hosts past: Impacts of host extinction on parasite specificity. *Philos. Trans. R. Soc. B*. 376, 20200351.
<https://doi.org/10.1098/rstb.2020.0351>
31. Filip-Hutsch, K., Pyziel-Serafin, A.M., Hutsch, T., Bulak, K., Czopowicz, M., Merta, D., Kobielski, J., Demiaszkiewicz, A.W., 2022. The occurrence of *Fascioloides magna* (Bassi, 1875) in the wild cervid population in the Lower Silesian Wilderness—epidemiological and pathological aspects. *J. Vet. Res.* 66, 381–387.
<https://doi.org/10.2478/jvetres-2022-0042>
32. Garcia-Murillo, P., 2023. *Hydrocharis laevigata* in Europe. *Plants*. 12, 701.
<https://doi.org/10.3390/plants12040701>
33. Gilbert, C., Ropiquet, A., Hassanin, A., 2006. Mitochondrial and nuclear phylogenies of Cervidae (Mammalia, Ruminantia): Systematics, morphology, and biogeography. *Mol. Phylogenet. Evol.* 40, 101–117. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.02.017>
34. Gortázar, C., Torres, M. J., Vicente, J., Acevedo, P., Reglero, M., de la Fuente, J., 2008. Bovine Tuberculosis in Doñana Biosphere Reserve: The role of wild ungulates as disease reservoirs in the last Iberian lynx strongholds. *PLoS ONE* 3(7): e2776.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002776>
35. Gowler, C.D., Essington, H., O’Brien, B., Shaw, C.L., Bilich, R.W., Clay, P.A., Duffy, M.A., 2023. Virulence evolution during a naturally occurring parasite outbreak. *Evol. Ecol.* 37, 113–129. <https://doi.org/10.1007/s10682-022-10169-6>
36. Grabner, D.S., Mohamed, F.A., Nachev, M., Meabed, E.M., Sabry, A.H.A., Sures, B., 2014. Invasion biology meets parasitology: A case study of parasite spill-back with Egyptian *Fasciola gigantica* in the invasive snail *Pseudosuccinea columella*. *PLoS ONE* 9, e88537. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0088537>
37. Gyenizse, P., Lóczy, D., Dezső, J., Pirkhoffer, E., Słowik, M., 2020. Adaptation of land use based on the assessment of inundation risk in the Kapos Valley, Southwest Hungary. *Hung. Geogr. Bull.* 69(3), 299–316.
38. Halász, T., Tari, T., Nagy, E., Nagy, G., Csivincsik, Á., 2023. Hatchability of *Fascioloides magna* eggs in cervids. *Pathogens*. 12, 741.
<https://doi.org/10.3390/pathogens12050741>

39. Hill, A. A., Horigan, V., Clarke, K. A., Dewe, T. C. M., Stärk, K. D. C., O'Brien, S., Buncic, S., 2014. A qualitative risk assessment for visual-only post-mortem meat inspection of cattle, sheep, goats and farmed/wild deer. *Food Contr.* 38, 96–103.
40. Hörweg, C., Prosl, H., Wille-Piazzai, W., Joachim, A., Sattmann, H., 2011. Prevalence of *Fascioloides magna* in *Galba truncatula* in the Danube backwater area east of Vienna, Austria. *Wien. Tierarztl. Monat.* 98, 261–267.
41. Houszka, M., Piekarska, J., Podkowik, M., Gorczykowski, M., Bania, J., 2016. Morphology and molecular study of *Fascioloides magna*—a growing threat to cervids (Cervidae) in Poland. *J. Vet. Res.* 60, 435–439. <https://doi.org/10.1515/jvetres-2016-0065>
42. Hrivnák, R., Medvecká, J., Baláži, P., Bubíková, K., O'ahel'ová, H., Svitok, M., 2019. Alien aquatic plants in Slovakia over 130 years: Historical overview, current distribution and future perspectives. *NeoBiota.* 49, 37–56. <https://doi.org/10.3897/neobiota.49.34318>
43. Hull, P.M., Bornemann, A., Penman, D.E., Henehan, M.J., Norris, R.D., Wilson, P.A., Blum, P., Alegret, L., Batenburg, S.J., Zachos, J.C., és mtsai. On impact and volcanism across the Cretaceous-Paleogene boundary. *Science.* 367, 266–272. <https://doi.org/10.1126/science.aay5055>
44. Hussner, A., 2012. Alien aquatic plant species in European countries. *Weed Res.* 52, 297–306. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3180.2012.00926.x>
45. Juhász, A., Stothard, J.R., 2022. The giant liver fluke in Europe: A review of *Fascioloides magna* within cervids and livestock with considerations on an expanding snail-fluke transmission risk. *Adv. Parasit.* 119, 223–257. <https://doi.org/10.1016/bs.apar.2022.10.002>
46. Juhász, A., Majoros, G., 2023. A proposed ectochory of *Galba truncatula* snails between willow sites enhances transmission of *Fascioloides magna* at Gemenc, in Hungary. *Int. J. Parasitol. Parasites Wildl.* 21, 2019–2223. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2023.06.004>
47. Kaiho, K., Oshima, N., Adachi, K., Adachi, Y., Mizukami, T., Fujibayashi, M., Saito, R., 2016. Global climate change driven by soot at the K-Pg boundary as the cause of the mass extinction. *Sci. Rep.* 6, 28427. <https://doi.org/10.1038/srep28427>
48. Kassai, T., 1999. Digenea. In *Veterinary Helminthology*; Butterworth-Heinemann: Oxford, UK.
49. Konjević, D., Bujanić, M., Beck, A., Beck, R., Martinković, F., Janicki, Z., 2021. First record of chronic *Fascioloides magna* infection in roe deer (*Capreolus capreolus*). *Int. J. Parasitol. Parasit. Wildl.* 15, 173–176. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2021.05.006>
50. Konjević, D., Bujanić, M., Erman, V., Kurilj, A.G., Živičnjak, T., Severin, K., Tomić, S., Martinković, F., 2017. New data on wild boar (*Sus scrofa* L.) a dead-end host for large American liver fluke (*Fascioloides magna*). *Helminthologia.* 54, 77–80. <https://doi.org/10.1515/helm-2017-0006>
51. Konjević, D., Janicki, Z., Calmels, P., Jan, D.S., Marinculić, A., Šimunović, M., Pavlak, M., Krapinec, K., Poljak, Z., 2018. Evaluation of factors affecting the efficacy

- of treatment against *Fascioloides magna* in wild red deer population. *Vet. Ital.* 54, 33–39. <https://doi.org/10.12834/VetIt.970.5051.1>
52. Králová-Hromadová, I., Špakulová, M., Horáčková, E., Turčeková, L., Novobilský, A., Beck, R., Koudela, B., Marinculic, A., Rajský, D., Pybus, M., 2008. Sequence analysis of ribosomal and mitochondrial genes of the giant liver fluke *Fascioloides magna* (Trematoda: Fasciolidae): Intraspecific variation and differentiation from *Fasciola hepatica*. *J. Parasitol.* 94, 58–67. <https://doi.org/10.1645/GE-1324.1>
 53. Králová-Hromadová, I., Bazsalovicsová, E., Štefka, J., Špakulová, M., Vávrová, S., Szemes, T., Tkach, V., Trudgett, A., Pybus, M., 2011. Multiple origins of European populations of the giant liver fluke *Fascioloides magna* (Trematoda: Fasciolidae), a liver parasite of ruminants. *Int. J. Parasitol.* 41, 373–383. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2010.10.010>
 54. Králová-Hromadová, I., Juhásová, L., Bazsalovicsová, E., 2016. *The Giant Liver Fluke, Fascioloides magna: Past, Present and Future Research*, Springer International Publishing: Berlin/Heidelberg, Germany.
 55. Kupren, K., Hakuć-Błażowska, A., 2021. Profile of a modern hunter and the socio-economic significance of hunting in Poland as compared to European Data. *Land* 10, 1178. <https://doi.org/10.3390/land10111178>
 56. Le, T.H., Pham, K.L.T., 2020. Doan, H.T.T., Le, T.X., Nguyen, K.T., Lawton, S.P., Description and phylogenetic analyses of ribosomal transcription units from species of Fasciolidae (Platyhelminthes: Digenea). *J. Helminthol.* 94, e136. <https://doi.org/10.1017/S0022149X20000164>
 57. Leggett, H.C., Buckling, A., Long, G.H., Boots, M., 2013. Generalism and the evolution of parasite virulence. *Trends Ecol. Ecol.* 28, 592–596. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2013.07.002>
 58. Liu, A.G., Seiffert, E.R., Simons, E.L., 2008. Stable isotope evidence for an amphibious phase in early proboscidean evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 105, 5786–5791. <https://doi.org/10.1073/pnas.080088410>
 59. Lockyer, A.E., Jones, C.S., Noble, L.R., Rollinson, D., 2004. Trematodes and snails: An intimate association. *Can. J. Zool.* 82, 251–269. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2022.07.003>
 60. Lóczy, D. (2022). The Danube: morphology, evolution, and environmental issues. in *Large Rivers: Geomorphology and Management*, ed. Avijit Gupta Wiley Online Library, pp. 335–367.
 61. Lóczy, D., Dezső, J., Gyenizse, P., Czigány, Sz., Tóth, G., 2019. Oxbow lakes: Hydromorphology, in *The Drava River*, ed. Lóczy, D., Springer International Publishing, Cham, Switzerland. pp. 177–198.
 62. Lóczy, D., Jozsef, D., 2013. Groundwater flooding hazard in river valleys of hill regions. *Hung. Geogr. Bull.* 62, 157–174.
 63. Los Huertos, M., 2020. Coevolution of biota, geology, and climate. In *Ecology and Management of Inland Waters: A Californian Perspective with Global Applications*; Elsevier: Amsterdam, Netherlands.
 64. Lotfy, W.M., Brant, S.V., DeJong, R.J., Le, T.H., Demiaszkiewicz, A., Rajapakse, R.J., Perera, V.B., Laursen, J.R., Loker, E.S., 2008. Evolutionary origins,

- diversification, and biogeography of liver flukes (Digenea, Fasciolidae). *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 79, 248.
65. Lounnas, M., Correa, A.C., Vázquez, A.A., Dia, A., Escobar, J.S., Nicot, A., Arenas, J., Ayaqui, R., Dubois, M.P., Gimenez, T., és mtsai., 2017. Self-fertilization, long-distance flash invasion and biogeography shape the population structure of *Pseudosuccinea columella* at the worldwide scale. *Molec. Ecol.* 26, 887–903. <https://doi.org/10.1111/mec.13984>
 66. Majoros, G., 2018. *Helmintológiai kompendium*. Magyar Állatorvosi Kamara, Budapest
 67. Majoros, G., Sztojkov, V., 1994. Appearance of the large American liver fluke *Fascioloides magna* (Bassi, 1875) (Trematoda: Fasciolata) in Hungary. *Parasitol. Hung.* 27, 27–38.
 68. Malcicka, M., 2015. Life history and biology of *Fascioloides magna* (Trematoda) and its native and exotic hosts. *Ecol. Evol.* 5, 1381–1397. <https://doi.org/10.1002/ece3.1414>
 69. Martcheva, M., Tuncer, N., Kim, Y., 2017. On the principle of host evolution in host-pathogen interactions. *J. Biol. Dyn.* 11, 102–119. <https://doi.org/10.1080/17513758.2016.1161089>
 70. Marinculić, A., Džakula, N., Janicki, Z., Hardy, Z., Lučinger, S., Živičnjak, T., 2002. Appearance of American liver fluke (*Fascioloides magna*, Bassi, 1875) in Croatia. *Vet. Arh.* 72, 319–325.
 71. Marinković, D., Kukolj, V., Aleksić-Kovačević, S., Jovanović, M., Knežević, M., 2013. The role of hepatic myofibroblasts in liver cirrhosis in fallow deer (*Dama dama*) naturally infected with giant liver fluke (*Fascioloides magna*). *BMC Vet. Res.* 9, 45. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-9-45>
 72. Mas-Coma, S., Valero, M.A., Bargues, M.D., 2009. *Fasciola*, lymnaeids and human fascioliasis, with a global overview on disease transmission, epidemiology, evolutionary genetics, molecular epidemiology and control. *Adv. Parasit.* 69, 41–146. [https://doi.org/10.1016/S0065-308X\(09\)69002-3](https://doi.org/10.1016/S0065-308X(09)69002-3)
 73. McClanahan, S.L., Stromberg, B.E., Hayden, D.W., Averbeck, G.A., Wilson, J.H., 2005. Natural infection of a horse with *Fascioloides magna*. *J. Vet. Diagn. Investig.* 17, 382–385. <https://doi.org/10.1177/104063870501700415>
 74. Mennecart, B., Dziomber, L., Aiglstorfer, M., Bibi, F., DeMiguel, D., Fujita, M., Kubo, M.O., Laurens, F., Meng, J., Métais, G., és mtsai., 2022. Ruminant inner ear shape records 35 million years of neutral evolution. *Nat. Commun.* 13, 7222. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-34656-0>
 75. Migaki, G., Zinter, D.E., Garner, F.M., 1971. *Fascioloides magna* in the pig; 3 cases. *Am. J. Vet. Res.* 32, 1417–1421.
 76. Mirčeta, J., Pelić, M., Božić, B., Petrović, J., Urošević, M., Stankov, B., Bugarski, D., 2018. Prevalence of the giant liver fluke (*Fascioloides magna*, Bassi, 1875) in red deer (*Cervus elaphus*) in the region of floodplain forests of northern Serbia. *Arch. Vet. Med.* 11, 17–26. <https://doi.org/10.46784/e-avm.v11i1.13>
 77. Nagy, E., Jócsák, I., Csivincsik, Á., Zsolnai, A., Halász, T., Nyúl, A., Plucinszki, Z., Simon, T., Szabó, S., Turbók, J., Nemes, C., Sugár, L., Nagy, G., 2018. Establishment

- of *Fascioloides magna* in a new region of Hungary: case report. *Parasitol. Res.* 117(11), 3683–3687. <https://doi.org/10.1007/s00436-018-6099-9>
78. Németh, K., 2019. Trapped in the past? The reproduction of poverty and marginality in a Hungarian manorial village. *Sociol. Ruralis.* 59, 419–446. <https://doi.org/10.1111/soru.12249>
79. Neubauer, T.A., Georgopoulou, E., 2021. Extinction risk is linked to lifestyle in freshwater gastropods. *Divers. Distrib.* 27, 2357–2368. <https://doi.org/10.1111/ddi.13404>
80. Ngcamphalala, P.I., Malatji, M.P., Mukaratirwa, S., 2022. Geography and ecology of invasive *Pseudosuccinea columella* (Gastropoda: Lymnaeidae) and implications in the transmission of *Fasciola* species (Digenea: Fasciolidae)—A review. *J. Helminthol.* 96, e1. [10.1017/S0022149X21000717](https://doi.org/10.1017/S0022149X21000717)
81. Outa, J.O., Sattmann, H., Köhler, M., Walochnik, J., Jirsa, F., 2020. Diversity of digenean trematode larvae in snails from Lake Victoria, Kenya: First reports and bioindicative aspects. *Acta Trop.* 206, 105437. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105437>
82. Palasio, R.G.S., Chiaravalloti-Neto, F., Tuan, R., Distribution of genetic diversity of neotropical *Biomphalaria* (Preston 1910) (Basommatophora: Planorbidae) intermediate hosts for schistosomiasis in Southeast Brazil. *Front. Trop. Dis* 4, 1143186. <https://doi.org/10.3389/fitd.2023.1143186>
83. Pankrác, J., Novobilský, A., Rondelaud, D., Leontovyč, R., Syrovátka, V., Rajský, D., Horák, P., Kašný, M., 2016. Effect of *Fascioloides magna* (Digenea) on fecundity, shell height, and survival rate of *Pseudosuccinea columella* (Lymnaeidae). *Parasitol. Res.* 115, 3119–3125. <https://doi.org/10.1007/s00436-016-5068-4>
84. Parker, A., David, A.A., 2021. Genetic characterization of the giant liver fluke, *Fascioloides magna* (Platyhelminthes: Fasciolidae) from the Adirondack Region of Northern New York. *Acta Parasitol.* 66, 259–263. <https://doi.org/10.1007/s11686-020-00256-5>
85. Pešić, B., 2021. Hunting tourism as a factor for economic development of hunting associations on the territory of the City of Leskovac. *Turizam.* 25, 1–10.
86. Plummer, M.L., 2007. Impact of invasive water hyacinth (*Eichhornia crassipes*) on snail hosts of schistosomiasis in Lake Victoria, East Africa. *EcoHealth.* 2, 81–86. <https://doi.org/10.1007/s10393-004-0104-8>
87. Pointier, J.P., Coustau, C., Rondelaud, D., Theron, A., 2007. *Pseudosuccinea columella* (Say 1817) (Gastropoda, Lymnaeidae), snail host of *Fasciola hepatica*: First record for France in the wild. *Parasitol. Res.* 101, 1389–1392. <https://doi.org/10.1007/s00436-007-0656-y>
88. Pybus, M.J., 2021. Liver flukes. In *Parasitic Diseases of Wild Mammals*; Samuel, W.M., Pybus, M.J., Kocan, A.A., Eds.; Iowa State Press: Ames, IA, USA, pp. 121–149.
89. Rajapakse, R.P.V.J., Pham, K.L.T., Karunathilake, K.K., Lawton, S.P., Le, T.H., 2020. Characterization and phylogenetic properties of the complete mitochondrial genome of *Fascioloides jacksoni* (syn. *Fasciola jacksoni*) support the suggested intergeneric change from *Fasciola* to *Fascioloides* (Platyhelminthes: Trematoda:

- Plagiorchiiida). *Infect. Genet. Evol.* 82, 104281.
<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2020.104281>
90. Rajský, D., Patus, A., Bukovjan, K., 1994. Prvúnález The first finding of *Fascioloides magna* Bassi, 1875 (in Slovakian: *Fascioloides magna* Bassi, 1875 na Slovensku. *Slov. Vet. Čas.* 19, 29–30.
 91. Reiczigel, J., 2003. Confidence intervals for the binomial parameter: some new considerations. *Stat. Med.* 22, 611–621.
 92. Reiczigel, J., Marozzi, M., Fábíán, I., Rózsa, L., 2019. Biostatistics for parasitologists – a primer to Quantitative Parasitology. *Trends Parasitol.* 35(4), 277-281.
 93. Renne, P.R., Sprain, C.J., Richards, M.A., Self, S., Vanderkluyzen, L., Pande, K., 2015. State shift in Deccan volcanism at the Cretaceous-Paleogene boundary, possibly induced by impact. *Science.* 350, 76–78. <https://doi.org/10.1126/science.aac7549>
 94. Rondelaud, D., Novobilský, A., Höglund, J., Kašný, M., Pankrác, J., Vignoles, P., Dreyfuss, G., 2014. Growth rate of the intermediate snail host *Galba truncatula* influences redial development of the trematode *Fascioloides magna*. *J. Helmit.* 88, 427–433. <https://doi.org/10.1017/S0022149X13000370>
 95. Rowan, W.B., 1956. The mode of hatching of the egg of *Fasciola hepatica*. *Exp. Parasitol.* 5, 118–137.
 96. Salamon-Albert, É., Ortmann-Ajkai, A., Horváth, F., Morschhauser, T., 2010. Climatic conditions of semi-natural habitats in Belső-Somogy, Külső-Somogy and Zselic regions I. Climatic surface and climatic envelope of woodlands. *Nat. Somogyiensis.* 17, 65-76. <https://doi.org/10.24394/NatSom.2010.17.65>
 97. Saarinen, J., 2019. The palaeontology of browsing and grazing. In *The Ecology of Browsing and Grazing II*, 1st ed.; Gordon, I.J., Prins, H.H.T., Eds.; Springer Nature: Cham, Switzerland.
 98. Sallmannshofer, M., Damjanić, R., Vacik, H., Westergren, M., Baloh, T., Božič, G., Ivanković, M., Kovács, Gy., Lanšćak, M., Lapin, K., Nagy, L., Krajter Ostoić, S., Orlović, S., Stojnić, S., Železnik, P., Zlatković, M., Schueler, S., 2023. Forest managers’ perspectives on environmental changes in the biosphere reserve Mura-Drava-Danube. *Front. For. Glob. Change.* 6, 1160166. <https://doi.org/10.3389/ffgc.2023.1160166>
 99. Salomon, S., 1932. *Fascioloides magna* Lei deutschem Rotwild (in German). *Berl. Tierarztl. Wschr.* 48, 627–628.
 100. Schols, R., Carolus, H., Hammoud, C., Muzarabani, K.C., Barson, M., Huyse, T., 2021. Invasive snails, parasite spillback, and potential parasite spillover drive parasitic diseases of *Hippopotamus amphibius* in artificial lakes of Zimbabwe. *BMC Biol* 19, 160. <https://doi.org/10.1186/s12915-021-01093-2>
 101. Selbach, C., Soldánová, M., Feld, C.K., Kostadinova, A., Sures, B., 2020. Hidden parasite diversity in a European freshwater system. *Sci. Rep.* 10, 2694. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-59548-5>
 102. Sheil, D., Dangerous giants?—Large herbivores, forest feedbacks and climate tipping points. *Russ. J. Ecosyst. Ecol* 5, 1–33. <https://doi.org/10.21685/2500-0578-2020-3-4>

103. Shury, T.K., Pybus, M.J., Nation, N., Cool, N.L., Rettie, W.J., 2019. *Fascioloides magna* in moose (*Alces alces*) from Elk Island National Park, Alberta. *Vet. Pathol.* 56, 476–485. <https://doi.org/10.1177/03009858188237>
104. Šimonji, K., Konjević, D., Bujanić, M., Rubić, I., Farkaš, V., Beletić, A., Grbavac, L., Kuleš, J., 2022. Liver proteome alterations in red deer (*Cervus elaphus*) infected by the giant liver fluke *Fascioloides magna*. *Pathogens.* 11, 1503. <https://doi.org/10.3390/pathogens11121503>
105. Skowrońska-Ochmann, K., Cuber, P., Lewin, I., 2012. The first record and occurrence of *Stagnicola turricula* (Held, 1836) (Gastropoda: Pulmonata: Lymnaeidae) in Upper Silesia (Southern Poland) in relation to different environmental factors. *Zoo. Anz. J. Comp. Zool.* 251, 357–363. <https://doi.org/10.1016/j.jcz.2011.11.001>
106. Slavica, A., Florijančić, T., Janicki, Z., Konjević, D.; Severin, K., Marinculić, A., Pintur, K., 2006. Treatment of fascioloidosis (*Fascioloides magna*, Bassi, 1875) in free ranging and captive red deer (*Cervus elaphus* L.) at eastern Croatia. *Vet. Arh.* 76, S9–S18.
107. Sokolow, S.H., Jones, I.J., Jocque, M., La, D., Cords, O., Knight, A., Lund, A., Wood, C.L., Lafferty, K.D., Hoover, C.M., Collender, P.A., Remais, J.V., Lopez-Carr, D., Fisk, J., Kuris, A.M., De Leo, G.A., 2017. Nearly 400 million people are at higher risk of schistosomiasis because dams block the migration of snail-eating river prawns. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* 372, 20160127. <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0127>
108. Soldánová, M., Selbach, C., Sures, B., Kostadinova, A., Pérez-del-Olmo, A., 2010. Larval trematode communities in *Radix auricularia* and *Lymnaea stagnalis* in a reservoir system of the Ruhr River. *Parasit. Vectors.* 3, 56. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-3-56>
109. Sommer, M.F., Drdlicek, J., Müller, M., Thelemann, A., Just, F.T., 2022. *Fascioloides magna* and other liver parasites in cloven-hoofed game from northeastern Bavaria, Germany: Occurrence and pathological findings with special emphasis on red deer (*Cervus elaphus*). *Eur. J. Wildl. Res.* 68, 73. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01616-4>
110. Sprain, C.J., Renne, P.R., Vanderkluyzen, L., Pande, K., Self, S., Mittal, T., 2019. The eruptive tempo of Deccan volcanism in relation to the Cretaceous-Paleogene boundary. *Science.* 363, 866–870. <https://doi.org/10.1126/science.aav144>
111. Sturm, R., 2012. Aquatic molluscs in high mountain lakes of the Eastern Alps (Austria): Species-environment relationships and specific colonization behaviour. *Chin. J. Oceanol. Limnol.* 30, 59. <https://doi.org/10.1007/s00343-012-1007-0>
112. Swales, W.E., 1935. The life cycle of *Fascioloides magna* (Bassi, 1875), the large liver fluke of ruminants, in Canada: With observations on the bionomics of the larval stages and the intermediate hosts, pathology of Fascioloidiasis magna, and control measures. *Can. J. Res.* 12, 177–215.
113. Sztojkov, V., Majoros, G. Kámán, K., 1995. Szarvasokban élő nagy amerikai májmételey (*Fascioloides magna*) megjelenése Magyarországon. *Magy. Állat. Lap.* 50, 157-159.

114. Tadić, L., Tamás, E. A., Mihaljević, M., Janjić, J., 2022. Potential climate impacts of hydrological alterations and discharge variabilities of the Mura, Drava, and Danube rivers on the natural resources of the MDD UNESCO Biosphere Reserve. *Climate*. 10(10), 139. <https://doi.org/10.3390/cli10100139>
115. Tóth, G., 2012. Study of the giant liver fluke infection in the Gemenc red deer population. Szakdolgozat, Szent István Egyetem, Állatorvostudományi Kar, Budapest.
116. Trevethan, R., 2017. Sensitivity, specificity, and predictive values: foundations, pliabilitys, and pitfalls in research and practice. *Front. Pub. Health*. 5, 307.
117. Trailović, S.M., Marinković, D., Kulišić, Z., 2016. Diagnosis and therapy of liver fluke (*Fascioloides magna*) infection in fallow deer (*Dama dama*) in Serbia. *J. Wildl. Dis.* 52, 319–326. <https://doi.org/10.7589/2015-07-194>
118. Turner, S.K., 2018. Constraints on the onset duration of the Paleocene–Eocene Thermal Maximum. *Philos. Trans. R. Soc. A*. 376. 20170082. <https://doi.org/10.1098/rsta.2017.0082>
119. Turner, W.C., Kamath, P.L., Van Heerden, H., Huang, Y.H., Barandongo, Z.R., Bruce, S.A., Kausrud, K., 2021. The roles of environmental variation and parasite survival in virulence–transmission relationships. *R. Soc. Open Sci.* 8, 210088. <https://doi.org/10.1098/rsos.210088>
120. Vignoles, P., Dreyfuss, G., Rondelaud, D., 2018. Consequences of invasion by *Pseudosuccinea columella* on the dynamics of native lymnaeids living on the acid soils of central France. *Molluscan. Res.* 38, 287–295. <https://doi.org/10.1080/13235818.2018.1423866>
121. Varga, A., Lókkös, A., 2021. Mollusc fauna of the Lake Hévíz (in Hungarian). *Soosiana*. 35, 3–18. <https://doi.org/10.5281/zenodo.5146379>
122. Woolhouse, M.E., Taylor, L.H., Haydon, D.T., 2001. Population biology of multihost pathogens. *Science*. 292, 1109–1112. <https://doi.org/10.1126/science.1059026>
123. Zayac, A.M., Conboy, G.A., 2012. *Veterinary clinical parasitology*, 8th ed., Wiley-Blackwell Publishing, Chichester, West Sussex, England, pp. 13-14.

12. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK

TUDOMÁNYOS FOLYÓIRATBAN TÖRTÉNŐ MEGJELENÉS (IDEGEN NYELVEN)

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

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

Halász, T., Nagy, G., Tari, T., Csányi, E., Vicze, D., Németh, S., Cservincsik, Á., 2023. Epidemiological tools to assess the spread of *Fascioloides magna*. *Acta Agrar. Kaposvariensis*. 27(1), - *In press*

TUDOMÁNYOS FOLYÓIRATBAN TÖRTÉNŐ MEGJELENÉS (MAGYAR NYELVEN)

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

13. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ NEM KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK

TUDOMÁNYOS FOLYÓIRATBAN TÖRTÉNŐ MEGJELENÉS (IDEGEN NYELVEN)

Balog, T., Nagy, G., Halász, T., Csányi, E., Zomborszky, Z., Csivincsik, Á., 2020. The occurrence of *Echinococcus* spp. in golden jackal (*Canis aureus*) in southwestern Hungary: Should we need to rethink its expansion? Parasitol. Int. 80, 102214.

<https://doi:10.1016/j.parint.2020.102214>

Nagy, E., Benedek, I., Zsolnai, A., Halász, T., Csivincsik, Á., Ács, V., Nagy, G., Tari, T., 2021. Habitat characteristics as potential drivers of the *Angiostrongylus daskalovi* infection in European badger (*Meles meles*) populations. Pathogens. 10, 715.

<https://doi.org/10.3390/pathogens10060715>

Halász, T., Nagy, G., Nagy, I., Csivincsik, Á., 2021. Micro-epidemiological investigation of *Echinococcus multilocularis* in wild hosts from an endemic area of southwestern Hungary. Parasitologia. 1, 158-167. <https://doi.org/10.3390/parasitologia1030017>

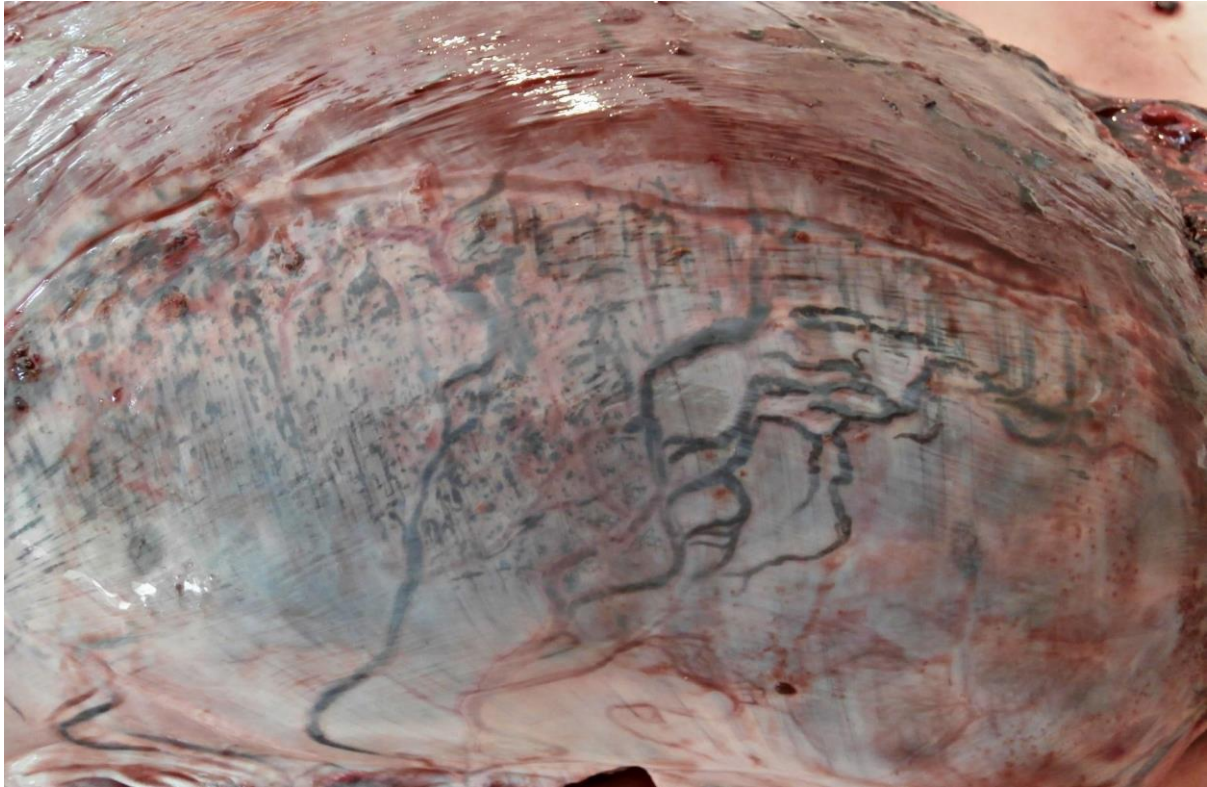
Jánoska, F., Nagy, E., Tari, T., Nagy, R. R., Halász, T., Varga, G., Kovács, M., Kemenszky, P., Nagy, G., Csivincsik, Á., 2023. Survey of wild boar hunter interactions with pig farming in central Europe. Vet. Med. Sci. 9(1), 465-470. <https://doi: 10.1002/vms3.1030>.

Moloi, S., Tari, T., Halász, T., Gallai, B., Nagy, G., Csivincsik, Á., 2023. Global and local drivers of *Echinococcus multilocularis* infection in the western Balkan region. Sci. Rep. 13, 21176 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41598-023-46632-9>

14. MELLÉKLET

1. Melléklet

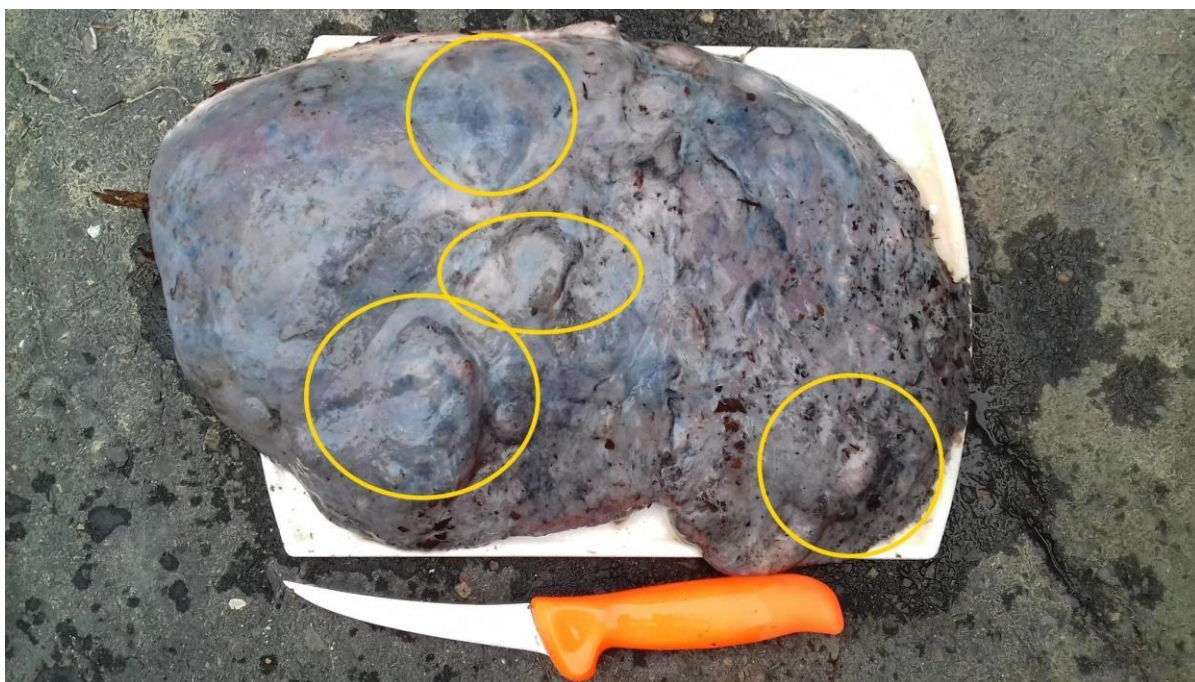
Képes útmutató a nagy amerikai májmétely (*Fascioloides magna*) terjedésének értékeléséhez



1. Melléklet 1. ábra. Métélyek vándorlásának nyoma a rekeszi lemezen. (Forrás: saját fotó)



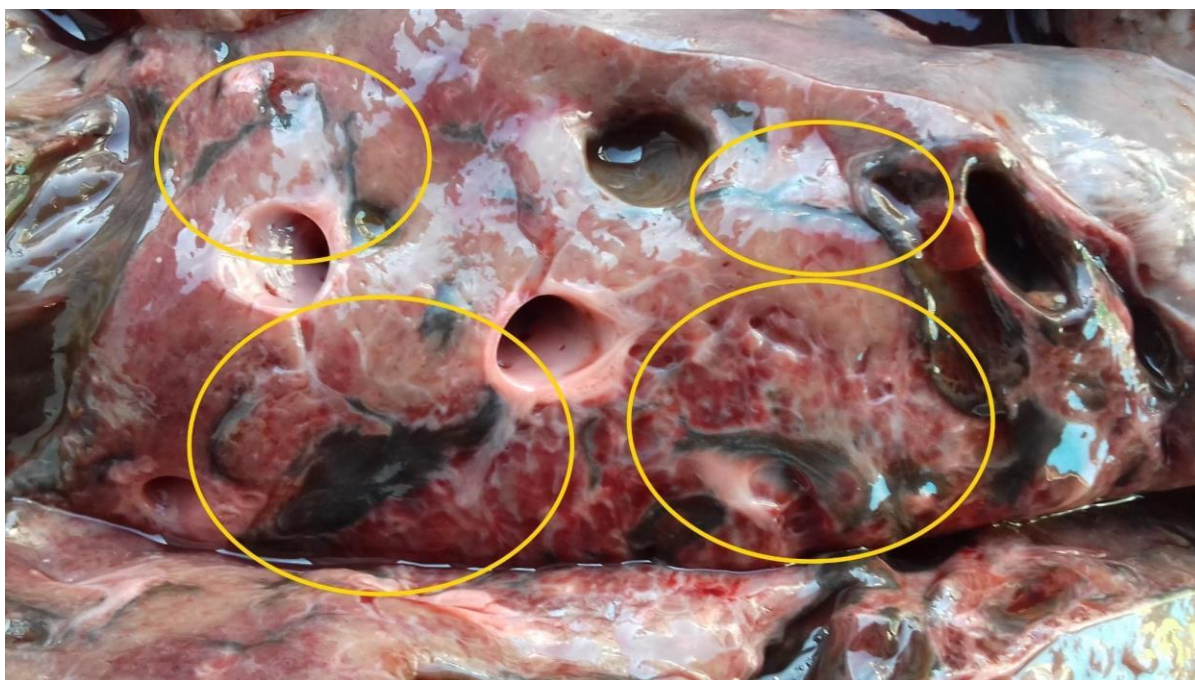
1. Melléklet 2. ábra. Métélyek vándorlásának nyoma a máj felszínén. (Forrás: saját fotó)



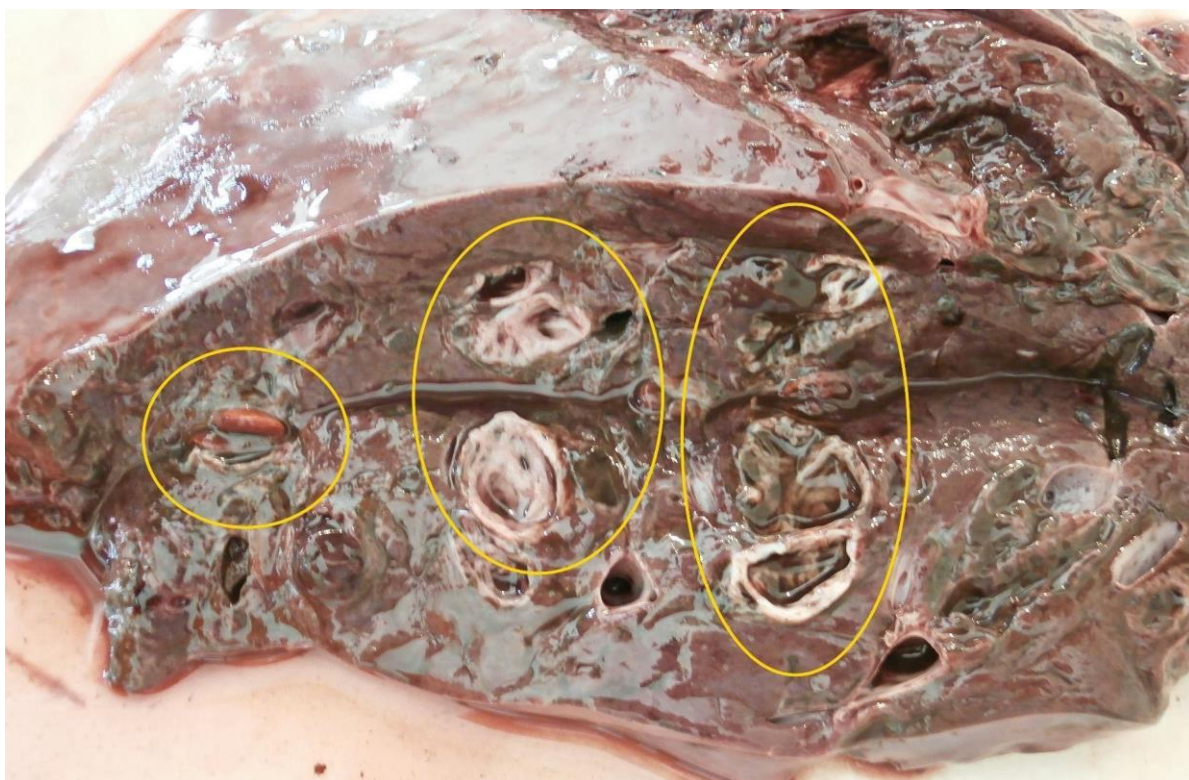
1. Melléklet 3. ábra. Métélyeket tartalmazó pszeudociszták a máj felszínén. (Forrás: saját fotó)



1. Melléklet 4. ábra. Métély vándorlás nyoma a máj metszés lapján. (Forrás: saját fotó)



1. Melléklet 5. ábra. Métely vándorlás nyoma a máj metszéslapján. (Forrás: saját fotó)



1. Melléklet 6. ábra. Pszeudociszták a máj metszéslapján. (Forrás: saját fotó)



1. Melléklet 7. ábra. Kifejlett amerikai májmételyek (*Fascioloides magna*) és közönséges májmétely (*Fasciola hepatica*). (Forrás: saját fotó)