

A *Pasteurella multocida* patogenitásának meghatározó lépése a gazdaszervezet nyálkahártyáin való megtapadás. A folyamatot különböző sejtfelszíni molekulák szabályozzák. Bár a *P multocida* virulencia faktorait hosszú évek óta vizsgálják, az adhéziónak meghatározó tényezőkről még mindig keveset tudunk. Részletes vizsgálatok a mukopoliszacharid burok, a lipopoliprotein és egyes külső membrán fehérjék esetében történt. A sejtadhézióban szerepet játszó járulékos struktúrák azonban kevésbé ismertek. Habár, jelentőségükre a random mutagenézist előidéző kísérletek részeredményei utalnak.

A *P multocida* törzsekben az adhéziónak molekulák több típusának képviselője is azonosítható, így az autotranszporter (*hsf1*, -2) molekulák, filamentózus hemagglutinek (*pfhB1*, B2), valamint fimbriák/pilusok (IV típusú fimbria - ptf, "tight adherence" struktúra - tad). Munkánk kiindulási pontját ezen potenciális adhezinek vizsgálata jelentette. A struktúrák populáción belüli gyakoriságát, különböző gazdafaji (baromfi, szarvasmarha) eredetű ekvivalens csoportokon - egy-egy meghatározó génjére, vagy génszakaszára részben irodalmi, részben saját tervezésű primerekre alapozott reakciókkal - felmértük.

Egyes struktúrák (*hsf2*, *ptfA*) általános jelenlétét (92 - 100%) vagy a különböző törzstípusokban való hiányát (*pfhB*) a génbanki teljes genom szekvenciák (*P multocida* X73; P1059; Pm70; 36950; HN06; 3480; Accession no.: CM001580; CM001581; AE004439; CP003022; CP003313; CP001409) Mauve (multiple genome alignment) program, progressiveMauve algoritmussal végzett vizsgálata alátámasztotta. Ugyanakkor, az egyéb struktúrákat meghatározó gének (*hsf1*, *tadD*) egyenlőtlen megoszlása (2 - 67%; 52 - 79% madár, ill. szarvasmarha eredetű *P multocida* törzsek) nem állt összhangban a génbanki adatok alapján várt eredményekkel. Az adott molekulákat alkotó, ill. a bioszintézisükben résztvevő fehérjék génjeinek szekvencia analízisét, jellegzetes szekvencia eltérések azonosítása végett, a szarvasmarha eredetű törzsek egyes reprezentatív tagjain elvégeztük.

A tad (tight adherence) makromolekuláris rendszer, mint a II szekréciónak rendszer egy ősi formája, számos baktérium és archea fajban megtalálható struktúra. A hosszú, nyálkahártyára rendeződő Flp (fimbrial low molecular-weight protein) pilus felépüléséért felelős 13-14 gént (*flp1*, -2, *rcpCAB*, *tadZABCDEFG*) egy megközelítőleg 12 kb hosszú lókuszt kódolja.

Ez a struktúra felelős a baktérium különböző felületekhez történő szoros, de nem specifikus tapadásáért, valamint elengedhetetlen a biofilmek képzéséhez. A *P multocida* törzsek által hordozott tad lókuszt jelentős szekvencia homológiát mutat az *Actinobacillus actinomycetemcomitans* megfelelő régiójával. Annak ellenére, hogy Flp pilus kifejeződésére fizikai bizonyítékot nem találtak *P multocida*-ban, az irányított mutagenézis vizsgálatok bizonyították, hogy az *flp* és a *tadD* génekben bekövetkező mutációk egyaránt jelentős hatással vannak a virulenciára.

A *P multocida* törzsek tad lókusza főként strukturális géneket (*tadV*, *rcpABC*, *tadZABCDEFG*) tartalmazó régiójának szekvencia elemzését elvégezve, a régió egészét és az egyes gének szekvenciáit tekintve jelentős szekvencia homológiát (átlagosan 98%) mutattunk ki mind a génbanki, mind a saját törzseinkben. Ugyanakkor mindkét megközelítésben, azonos topológiával, elkülöníthetők voltak az A:1, és az egyéb A illetve F szerológiai sajátossággal rendelkező törzsek egymástól. A lókuszt ezen régiójának alacsony változékonysága a struktúra funkciójának megtartását szolgálhatja. Számottevő variabilitást (~30%) a funkcionális gén (*flp*) 3' végi régiójában azonosítottunk, mely legalább három különböző allél létezését mutatta.

A IV típusú pili vagy fimbria (T4P) a Gram negatív baktériumok széles körében elterjedt. A struktúrát egyedivé a gyors szét- és összeszerelődési képessége teszi, mely sajátos mozgást (twitching motility) biztosít a baktérium számára a különböző felületeken. Továbbá, szerepe van a baktérium kezdeti megtapadásában a gazdaszervezetben, valamint a biofilmek kialakításában.

A belső-, külső membránon és a periplazmatikus téren átvélő struktúra felépülésében és működésében számos fehérje vesz részt (PilA - X *P. aeruginosa*). A *P multocida* esetében *pilA*, B, C, D, F és *pilG/hofG* homológok azonosítása történt meg. Ezen gének fehérjetermékei elsődlegesen strukturális fehérjék: PilB – a polimerizációhoz energiát biztosító ATPáz, PilC – a belsőmembránban rögzült szekréciónak fehérje, PilD – a fimbriát felépítő alegységfehérjék aktiválásáért felelős peptidáz, PilF - a külsőmembránban rögzült szekréciónak

fehérje kísérőfehérjéje. A fenti fehérjéket kódoló gének vizsgálata nem mutatott jelentős eltéréseket (0.6 – 1.2%) a *P. multocida* törzsekben. Kivételt a *pilF* gén N terminális régiója jelentett, ahol az F buroktípusú törzsek elkülönültek (1.8%) a többi törzstől. A gének egységességének oka a struktúra megőrzöttsége lehet. A *pulG/hofG* pseudopilin génben a helyzet a fentiekkel hasonló volt. Az *ftpA* (*pilA*) kisaegység fehérje génjében a korábban általunk felismert allélizáció (A és B allél típus) ugyan megmutatkozott, bár a szarvasmarha izolátumok közt csak elenyésző számban fordul elő A:1 törzs, így a rá jellemző A allél típus is. Az egyéb törzsek közti szekvencia diverzitás az adott szakaszon azonban elhanyagolhatónak (<1.4%) mutatkozott, így e gén további tipizálásra nem volt alkalmas.

A Hsf (Haemophilus surface fibril) a bakteriális sejtfelszín vékony, rövid fimbriális struktúrája. A *hsf* gének által kódolt nagy molekulású autotranszporter fehérjék homotrimer formában aktívak és bizonyítottan szerepet játszanak a légutak epitheliális sejtjein való megtapadásban, valamint a bakteriális invázióban.

A *P. multocida* törzsekben 2 *hsf* homológ gén van jelen (*hsf1*, -2). Mindkét gén, populációban való előfordulása általánosan mutatkozott (67 – 100%) a baromfi eredetű törzsekben, míg a *hsf1* gén gyakorlatilag nem volt kimutatható (1) a szarvasmarha eredetű izolátumokban az irodalomban leírt primerek segítségével.

Ezzel ellentétben azonban a teljes genom szekvenciák analízise a *hsf1* gén jelenlétét minden egyes esetben igazolta. A megvizsgált *P. multocida* törzsek *hsf* génjeiben azonosítható volt az autotranszporterekre jellemző hármas tagolás (NCBI Conserved Domain Search): az N terminális szignál szekvencia (ESPR extended signal peptide of Type V secretion system), a passenger domain, és a 4 β -helikális transzmembránt tartalmazó C terminális transzlokátor domain (YadA-like C-terminal region). A szekvencia variabilitás mindkét gén esetén, a passenger domainre helyeződött, és nukleotid szinten 13-59% szinten ingadozott, ami kihatással lehet az e régióban elhelyezkedő receptor (kollagén) kötő helyek (BD1,2,3) specificitásra, és sejtadhéziós affinitásra. Mindkét génben fellelhető volt az autotranszporter fehérjékre jellemző, eltérő tapadási affinitást képviselő HiaBD1 (DAV) és HiaBD2 (QAV) – szerű receptor-kötő zsebek. Megoszlásuk a különböző génekben és törzsekben jelentősen eltért. A génekben szekvenciális allélikus differenciáció volt azonosítható, mely lehetőséget nyújt a törzsek markerezésére.

Az adhézió struktúrák szekvencia vizsgálatával kapott eredmények alapján, a funkcionális génekben kimutatható allélizációt felhasználva, differenciáló PCR-kat terveztünk, melyek egyrészt a különböző strukturális változások együttlétét, másrészt az egyszerűbb és gyorsabb törzsszelekciót hivatottak elősegíteni.

Ennek megfelelően 3 primeres differenciáló rendszerben a IV típusú pili funkcionális fehérjéjének, *ftpA* kisaegység génjében két, A és B allél típus, a Tad struktúra funkcionális fehérjéjének, *flp* kisaegység génjében három, A, B és C allél típus párhuzamos detektálására nyílt módunk. Az autotranszporter fehérjék génjeiben (*hsf-1*, -2) tapasztalt szekvencia diverzitás újabb 3-3 allél elkülöníthetőségére utalt. Azonban a *hsf-1*, -2 génre specifikus rendszer kisebb szekvencia eltéréssel négy típus megkülönböztetésére bizonyult alkalmasnak. A *hsf-2* gén esetében további változatok létezését sejteti a nem reagáló törzsek egy csoportja. Az autotranszporterek DNS, fehérje alapú és funkcionális diverzitásának vizsgálata további figyelemre tarthat számot.

A *P. multocida*, a különböző madár és emlős fajokban egyaránt, a felső légutakban általánosan előforduló opportunistá patogén baktérium, mely az alsó légutakba jutva gyulladást okozó folyamatokat indítva vált ki megbetegedést. A baktérium nyálkahártyákon való fennmaradását, a szervezet mechanikai és kémiai tisztító mechanizmusainak elkerülését, a megfelelő tapadási képesség teszi lehetővé. Annak érdekében, hogy képet alkothassunk a vizsgálatainkba vont törzsek tapadási képességeiről, a struktúra és szekvencia vizsgálatokkal párhuzamosan *in vitro* sejtadhéziós kísérleteket végeztünk. A vizsgálatokban birka tüdő- és szarvasmarha trachea epitheliális sejtvonalakat kívántuk használni, az alsóbb légutak különböző szakaszainak reprezentálására. A tüdő sejteken végzett vizsgálatok demonstrálták, hogy, az eltérő adhéziós készlettel rendelkező törzsek tapadási képessége különböző. Egyértelmű összefüggés, azonban nem volt kimutatható. Figyelembe véve, hogy a vizsgálatok igazolták, hogy az általánosan használt detektáló rendszerek pontossága az egyes struktúrák esetében különböző, azok, ellentétben a korábbi eredményekkel, eltérő formában, de jelen vannak a legtöbb törzsben, az összefüggések feltárása további részletes vizsgálatokat követel. A trachea sejtvonalon tervezett párhuzamos

vizsgálatokat a sejtvonala fenntartásában bekövetkezett problémák miatt csak a későbbiekben áll módunkban elvégezni és értékelni.

A pályázati munka, a bekövetkezett szakmai átszervezések folytán új tématerület - hal bakteriológia – megkezdésének és folytatásának igényének felmerülésével, kibővítésre került.

Természetes vizeinkből (Balaton, Kis-Balaton, Tisza-tó, Duna), valamint tógazdaságokból és horgásztavakból végzett hal-bakteriológiai felmérő vizsgálatok elsődlegesen a *Flavobacterium* és *Aeromonas* nemzetség tagjainak prevalenciáját célozta. Azonban számos egyéb hal és humán potenciális kórokozó baktérium (*Acinetobacter* sp., *Chryseobacterium* sp., *Streptococcus* sp., *Staphylococcus* sp., *Pseudomonas* sp., *Flavobacterium* sp., *Shewanella* sp.) izolálása is megtörtént a vizsgálatok során.

A *Flavobacterium* fertőzöttség vizsgálata az uszony- és farok rothadását, továbbá fekélyes bőrelváltozásokat okozó, *F. johnsoniae* faj domináns előfordulását mutatta. A törzsek 16S rRNS gén PCR-RFLP vizsgálata során 2 genotípus volt azonosítható. A törzsek antibiotikumok iránti érzékenységének vizsgálata tíz, a haltenyésztésben használatos szerrel szemben nagyfokú rezisztenciát mutatott annak ellenére, hogy többségük gyógykezelésmentes halakból származott. A korábbi eredményeik alapján, a multirezisztens *F. johnsoniae*, mint a vízi életterek egyik lehetséges antibiotikum rezisztencia rezervoárjának prevalencia térképezését végeztük el Magyarország különböző földrajzi területein elhelyezkedő pontytermelő tógazdaságokban. Ennek során megállapítást nyert, hogy a mesterséges vizek több mint 50%-a fertőzött, mely a kedvezőtlen környezeti faktorok és a zsúfolt tartás következtében robbanás szerű, nem vagy nehezen kezelhető, tömeges elhullást eredményező megbetegedés forrása lehet.

Az irodalmilag elfogadott azonosító és molekuláris tipizáló vizsgálat (*cnp60* hősokk protein szekvencia elemzés) az izolált *Aeromonas* törzsek többségét egy fajba (*A. veronii*) tartozóként azonosította. A továbbiakban a törzsek főként enzimikus sajátságokat kódoló virulencia faktorok jelenlétét vizsgáltuk. Az *A. veronii* törzseket a virulencia gének megoszlása és a *Daphnia magna* felhasználásával elvégzett tesztben mutatott patogenitási képesség alapján osztályoztuk. Az *A. veronii* és egyéb, mezofil *Aeromonas* fajok (*A. sobria*, *A. caviae*, *A. media*, *A. hydrophila*) zoonotikus potenciáljának felmérésére összehasonlító molekuláris vizsgálatokat végeztünk hal és klinikai mintákból származó törzseken. Ennek alapján megállapítottuk, hogy az egyes fajok egyedi virulencia faktor készlettel bírnak. Tíz, a haltenyésztésben használatos antimikrobiális szerrel elvégeztük az *A. veronii* törzsek rezisztencia vizsgálatát. Az öröklött ampicillin rezisztencián túl, számottevő antibiotikum rezisztenciát, csak a humán eredetű törzsekben volt kimutatható. A törzsek több, az irodalomban használatos, háztartási génjén (*rpoD*, *gyrB*, *dnaJ*) végzett elemzés a faji hovatartozást megerősítette ugyan, de további egyértelmű osztályozásra nem adott lehetőséget.

The adherence to mucous membranes of the host is the determinative stage of pathogenicity of *Pasteurella multocida*. The process is controlled by different cell surface molecules. Although the virulence factors of *P. multocida* have been examined for a long, we still know little about the adhesive structures. Detailed studies were carried out only on mucopolysaccharide capsule and some outer membrane proteins. The features of accessory molecules involved in cell adhesion are hardly known, though the random mutagenesis assays alluded to their importance.

In *P. multocida* strains, there are different types of adhesion molecules, like autotransporters (Hsf-1, -2), filamentous hemagglutinins (PfhB1, -B2), and fimbriae or pili (Type IV fimbriae – Ptf, "tight adherence" structure - Tad). The start point of our work was to survey the prevalence of these putative adhesins within the population of equivalent groups of different host species (poultry, cattle) using by both literary and in-house designed primers on characteristic gene regions.

Presence or absence of certain structures also was checked on complete genome sequences (*P. multocida* X73; P1059; PM70; 36950; HN06; 3480; accession no.: CM001580; CM001581; AE004439; CP003022; CP003313; CP001409, respectively) at the Genebank using Mauve (multiple genome alignment) program with progressiveMauve algorithm. High prevalence of hsf2, ptfA genes, detected by PCR assays within avian and bovine strains (92 - 100%) were agreed with the data in the GeneBank but not the random incidence (2-67%, 52-79%, respectively) of other structures (hsf1 or tadD). The molecular analysis of the genes encoding proteins involved in the construction or the biosynthesis of the respective molecules was accomplished in representative bovine strains for identification of characteristic sequence differentiation.

The Tad (tight adherence) macromolecular systems, such as an ancient form of II secretion system can be found in many bacteria and Archea species. The adhesive Flp (fimbriae low molecular-weight proteins) pili, assembled as bundles of long, thin fibrils on the cell surfaces, is encoded by 13-14 genes (flp1, -2, rcpCAB, and tadZABCDEFG) located in the approx. 12 kb-long locus of the genome. The structure is responsible for a tight, non-specific adhesion to different surfaces and essential for biofilm formation as well. Based on computer-aided molecular analysis the Tad locus included *P. multocida* genomes presents significant homology with the adequate region of *A. actinomycetemcomitans*. Although, physical evidence is absent for the expression of the Flp pili in *P. multocida*, the site-specific mutagenesis on the flp and tadD genes revealed their major role in the virulence.

Partial sequence analysis of Tad locus contained mainly structural genes (tadV, rcpABC, tadZABCDEFG) demonstrated a high rate (average 98%) sequence similarity of both individual genes and the whole region. In both approaches, the A:1 strains separated with the same topology from other strains possessed capsule type A or F. The low sequence variability of this region can promote to keep the proper function of the structure. Considerable diversity (approx. 30%) was only detected in the 3' end region of the functional gene (flp) referring existence of three different alleles, at least.

The type IV pili (T4P) are long, thin, flexible filaments that are widespread within Gram-negative bacteria. The quick assembly-disassembly makes the structure unique and important. It provides peculiar bacterial movements (twitching motility) on the different surfaces. Moreover, it has a role in the initial stage of adhesion and the biofilm formation.

Many proteins (PilA - X *P. aeruginosa*) are involved in the assembly and function of the structure spanned over the inner, outer membrane and the periplasmic space. In *P. multocida* the identification of pilA, -B, C, D, F and pilG/ hofG was carried out. These genes are coding mainly structural proteins: PilB - serve energy to the polymerization ATPase, PilC - the secretin protein in the inner membrane, PilD - peptidase responsible for activating the subunit of fimbriae, PilF - the chaperon of the secretin protein in the inner membrane. Significant diversity was not detected in the sequence analysis of these genes (0.6 - 1.2%). The only exception was the N terminal region of the pilF gene where the capsule type F strains that separated from the others (1.8%). The highly conserved sequence in these genes can promote to keep the proper function of the structure. The previously identified allele differentiation (type A and B) in flpA (pilA) gene of subunit protein was detected, but the occurrence of A:1 strains possessed ptf type A among the bovine strains was negligible. Sequence diversity the adequate region in other strains was low (<1.4%), further typing it was not suitable.

The Hsf (Haemophilus surface fibril) is a thin, short fimbrial structure on the bacterial cell surface. The high-molecular mass autotransporter proteins encoded hsf genes are functional in homotrimeric form. All of these proteins play a role in colonization of the upper respiratory tract and bacterial invasion. In *P. multocida* strains two hsf homologous genes are present (hsf1, -2). The incidence of both genes was general (67-100%) within strains isolated from poultry, while the hsf1 was hardly detected with the literary primers in the bovine strains. Although the whole-genome analysis detected hsf1 homologous gene in each deposited *P. multocida* genomes. The structure of these genes was similar to the autotransporters in other species (NCBI conserved domain Search) containing the N-terminal signal sequence (ESRP extended signal peptide of Type IV secretion system), the passenger domain, and the 4- β -helical transmembrane C-terminal translocator domain (YadA-like C-terminal region). Significant sequence variability (range from 13 to 59%) situated on the passenger domain in both genes that could affect the specificity and affinity of the receptor (collagen) binding sites (BD1, 2,3). In both genes harbour the HiaBD1 (DAV) and HaND2 (QAV) binding pockets that specific for the autotransporters, they recognize the same receptor, but bind it different affinities. The incidence of the genes in the different strains was various, sequential allelic differentiations could be identified in them. Based on the information resulted sequence analysis of genes of adhesive structures, differential PCRs was designed on the functional genes that permitted studying the conjunction of allele types and made the strain selection easier.

Accordingly, using PCR assays applied 3 primers (a forward and two different reverses) could be detected two allele types (A and B) in the ptfA gene coding subunit of type IV pilus, and three different allele types (A, B, and C) in the flp gene coding subunit of the Tad macromolecular system, simultaneously. The nucleotide sequence diversity of the autotransporter genes (hsf-1, -2) referred to be three distinct allele types at least. However, both of the hsf-1, and -2 specific PCR assays to distinguish four allele types with minor sequence differences. The strains presented negative reaction in the hsf-2 specific PCR suggest the existence of additional allele type(s). The diversity on the nucleic acid and amino acid sequence levels and in the function of autotransporters required further studies.

P. multocida is an opportunistic pathogenic bacteria that common inhabitant of the upper respiratory tract in both birds and mammals to get into the lower airways induce inflammation and elicit disease. The proper adhesive bacterial affinity to the host cells facilitates the survival of the mucous membranes avoiding the host clearance mechanisms. Parallel with the sequence and the structure studies, in vitro adhesion assays were planned to perform on the sheep lung and the cattle tracheal epithelial cell lines representing different parts of the lower respiratory tract, to get more information about the adhesive capabilities of the strains. The studies on the primary sheep lung cells demonstrated the affinity of the strains with different adhesive tool set were various, but obvious correlations could not be detected. Considering that the nucleotide sequence analysis revealed to the deficiencies related to the presence of adhesive structures in the commonly used detection assays for the recognition of nexus between the results further detailed investigations required. The studies on the bovine tracheal cell line were delayed by problems with the maintain of the cell line, those will be executed only in the future.

The reorganization of the research teams by the directorate demanded the expansion of project work with a new topic as a fish bacteriology.

The main aim of the work was to evaluate the prevalence of *Aeromonas* and *Flavobacterium* species in the Hungarian freshwater sources like Lake Balaton, Kis-Balaton, Tisza and river Danube, furthermore in the fishing ponds and fishery farms. However, many of potential fish and human pathogenic bacteria (*Shewanella* sp., *Pseudomonas* sp., *Staphylococcus* sp., *Streptococcus* sp., *Chryseobacterium* sp., and *Acinetobacter* sp.) were also isolated in addition to them during the study.

The investigation of the incidence of *Flavobacterium* caused fin and tail rot and ulcerative skin lesions, demonstrated the dominance of *F. johnsoniae* species. In the PCR-RFLP assay on the 16S rRNA gene of isolated *F. johnsoniae* strains identified two genotypes. Study of the strains' antibiotic susceptibility against ten antimicrobial agents commonly used on fishery farms, showed high antibiotic resistance, despite the majority of the strains isolated from the drug-untreated fish.

By the previous results, the prevalence survey of multidrug-resistant *F. johnsoniae* such as a putative antibiotic resistance reservoir in the aquatic environments, was carried out on the carp fish farms in different geographic areas in Hungary. During the study, more than 50% of the fishery farm ponds were found infected and together with predisposing factors and overcrowding, it can be a source of a rapidly spreading and difficult to handle disease resulting mass mortality.

The molecular identification method (the sequence analysis of the *cnp60* heat shock protein gene) adopted from the literature has identified the majority of isolated *Aeromonas* strains as an *A. veronii* species. Henceforth, the presence of the virulence factors, mainly encoding the tissue-destructive enzymes were examined in the strains. The *A. veronii* strains were grouped based on the distribution of virulence genes and the pathogenicity in the *Daphnia magna* toxicity test. For the estimation of the zoonotic potential of the *A. veronii* and the other mesophilic *Aeromonas* strains (*A. sobria*, *A. caviae*, *A. media*, *A. hydrophila*) isolated from clinical samples and from fish were subjected to comparative molecular studies that demonstrated each species possess a unique set of virulence factors. The antibiotic susceptibility examination of *A. veronii* strains against ten antimicrobial agents commonly used in fishery farms was performed. However, beside the innate ampicillin resistance, considerable resistance to other antibiotics was detected only in human origin strains. The sequence analysis of some housekeeping genes (*rpoD*, *gyrB*, *dnaJ*) used generally in the literature, confirmed the taxonomic classification, but did not provide a base for further categorization.

A 2015. évben keletkezett publikációk:

1. Zs. Varga, B. Sellyei, P. Paulus, M. Papp, K. Molnár and Cs. Székely (2016): Isolation and characterisation of flavobacteria from wild and cultured freshwater fishes in Hungary. *Acta Vet. Hung.* 64(1) 13-25.
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/30040/>
2. **B. Sellyei**, Zs Rónai, Sz Jánosi, L. Makrai: Comparative analysis of *Pasteurella multocida* strains isolated from bovine respiratory infections. *Acta Microbiol Immunol Hung.* 62 (4), pp. 453–462
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/id/eprint/28496>
3. **B. Sellyei**, Zs Rónai, Sz Jánosi, L. Makrai: *Pasteurella multocida* pathotyping based on sequence diversity of the adhesive stucrutes genes
- kézirat előkészületben
4. Zs. Varga, Á. Thuma, D. Volokhov, T. Magyar and **B. Sellyei**: Comparative analysis of avian *Pasteurella multocida* isolates from acute and chronic fowl cholera in Hungary during 2005-2010
- a kézirat társszerzői revízió alatt
5. **B. Sellyei**; K. Bányai; D. Bartha; I. Hajtós; L. Fodor, L. Makrai: Comparative characterisation of *Corynebacterium pseudotuberculosis* biotype ovis strains isolated from Hungarian sheep and goat flocks
- a kézirat társszerzői revízió alatt
6. **B. Sellyei**, K. Ihász, Sz. Farkas, L. Makrai, K. Bányai: Metagenomic analysis of microbiota of periodontal abscess in Netherland dwarf rabbit
- a kézirat társszerzői revízió alatt
7. R. Borzák, **B. Sellyei**, Cs. Székely, A. Doszpoly: Molecular detection and genome analysis of circoviruses of European eel (*Anguilla anguilla*) and sichel (*Pelecus cultratus*) from lake Balaton, Hungary. The 17th International Conference on Diseases of Fish and Shellfish. Sept 7-15, 2015, Las Palmas de Gran Canaria
<http://real.mtak.hu/id/eprint/16225>
8. **B. Sellyei**, Zs. Varga, P. Paulus, M. Papp, K. Molnár, Cs. Székely: Phylogenetic and virulence analysis of *Aeromonas veronii* isolated from freshwater fishes in Hungary. The 17th International Conference on Diseases of Fish and Shellfish. Sept 7-15, 2015, Las Palmas de Gran Canaria
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/id/eprint/28457>
9. Zs. Varga, **B. Sellyei**, P. Paulus, M. Papp, K. Molnár, Cs. Székely: Characterisation and antibiotic resistance of Hungarian freshwater *Flavobacterium* isolates. The 17th International Conference on Diseases of Fish and Shellfish. Sept 7-15, 2015, Las Palmas de Gran Canaria
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**

<http://real.mtak.hu/id/eprint/28460>

10. Varga Zs., **Sellyei B.**, Paulus P., Papp M., Molnár K., Székely Cs.: Hazai halakból izolált *Flavobacterium johnsoniae* törzsek antibiotikum rezisztenciája. XXXIX. Halászati Tudományos Tanácskozás, 2015. május 20-21., NAIK Halászati Kutatóintézet, Szarvas
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**

<http://real.mtak.hu/id/eprint/28465>

11. **Sellyei B.**, Varga Zs., Paulus P., Papp M., Molnár K., Székely Cs.: Az *Aeromonas* nemzetség veronii komplexébe tartozó törzsek filogenetikai és virulencia génjeinek molekuláris epidemiológiai elemzése. XXXIX. Halászati Tudományos Tanácskozás, 2015. május 20-21., NAIK Halászati Kutatóintézet, Szarvas
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**

<http://real.mtak.hu/id/eprint/28470>

12. Borzák R., **Sellyei B.**, Székely Cs., Doszpoly A.: Balatoni angolnákból (*Anguilla anguilla*) és gardából (*Pelecus cultratus*) kimutatott circovírusok molekuláris elemzése. XXXIX. Halászati Tudományos Tanácskozás, 2015. május 20-21., NAIK Halászati Kutatóintézet, Szarvas

<http://real.mtak.hu/id/eprint/28462>

A 2014. évben keletkezett publikációk

1. Ujvari B., **Sellyei B.**, T. Magyar: Characterization of *Pasteurella multocida* associated with bovine respiratory disease in Hungary. International Pasteurellaceae Conference (IPC2014), Prato, Italy, 13-16 May 2014
<http://real.mtak.hu/16178/>
2. **Sellyei B.**; B. Ujvari, T. Magyar, K. Bányai: Molecular analysis of adhesive substances in *Pasteurella multocida*. Magyar Mikrobiológiai Társaság 2014. évi Nagygyűlése, 2014. október 15-17., Hotel Helikon, Keszthely
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/16206/>
3. **Sellyei B.**; K. Bányai; I. Hajtós; L. Makrai: Comparative molecular characterization of *Corynebacterium pseudotuberculosis* strains isolated from Hungarian sheep and goat flocks. Magyar Mikrobiológiai Társaság 2014. évi Nagygyűlése, 2014. október 15-17., Hotel Helikon, Keszthely
<http://real.mtak.hu/16212/>
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
4. **Sellyei B.**, Zs. Varga, P. Paulus, M. Papp, Cs. Székely: Comparative study of *Aeromonas* species isolated from freshwater fish and human clinical specimens. Magyar Mikrobiológiai Társaság 2014. évi Nagygyűlése, 2014. október 15-17., Hotel Helikon, Keszthely
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/16219/>

5. Varga Zs, **B. Sellyei**, P. Paulus, M. Papp, Cs. Székely: *Flavobacterium* caused fish disease in Hungary. Magyar Mikrobiológiai Társaság 2014. évi Nagygyűlése, 2014. október 15-17., Hotel Helikon, Keszthely
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei and the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/16222/>
6. **Sellyei B.**, Zs. Varga, P. Paulus, M. Papp, K. Molnár, Cs. Székely: Hazai vad és tenyésztett halakból származó *Aeromonas veronii* törzsek összehasonlító vizsgálatai. XXXVIII. Halászati Tudományos Tanácskozás, 2014. május 28-29., NAIK Halászati Kutatóintézet, Szarvas
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei**
<http://real.mtak.hu/16188/>
7. Varga Zs, **B. Sellyei**, P. Paulus, M. Papp, K. Molnár, Cs. Székely: *Flavobacterium columnare* okozta megbetegedés halakban (Columnáris megbetegedés). XXXVIII. Halászati Tudományos Tanácskozás, 2014. május 28-29., NAIK Halászati Kutatóintézet, Szarvas
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei**
<http://real.mtak.hu/16204/>
8. Borzák R, **B. Sellyei**, Cs. Székely, A. Doszpoly
Molecular detection and genome analysis of circoviruses of European eel (*Anguilla anguilla*) from Lake Balaton. Magyar Mikrobiológiai Társaság 2014. évi Nagygyűlése, 2014. október 15-17., Hotel Helikon, Keszthely
supported by **the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Science to B. Sellyei**
<http://real.mtak.hu/16225/>

A 2013. évben keletkezett publikációk:

1. **B. Sellyei**, K. Bányai, T. Magyar: Assessing the role of *Pasteurella multocida* putative adhesion factors in fowl cholera. XVIIIth Congress of WVPA, Nantes, France, 19-23 August 2013
supported by **the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/id/eprint/16147>
2. **B. Sellyei**, B. Ujvari, K. Bányai, T. Magyar: Distribution of adhesion factors and their impact on the pathogenicity of bovine *Pasteurella multocida* strains in Bovine Respiratory Disease. 4th Central European Forum for Microbiology, Keszthely, Hungary, 16-18 October 2013
supported by **the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/id/eprint/16152>
3. **Sellyei**, Boglárka és Ivanics, Éva és Magyar, Tibor (2013) *CHARACTERISATION OF AVIAN PASTEURELLA MULTOCIDA STRAINS WITH PCR-RFLP ANALYSIS OF THE ompH GENE*. Acta Veterinaria Hungarica, 61 (1). pp. 1-8. ISSN 0236-6290 (print), 1588-2705
supported by **the Hungarian National Research Fund (OTKA PD 101091)**
<http://real.mtak.hu/10189/>
4. Varga Z., Volokhov D.V., Stipkovits L., Thuma Á., **Sellyei B.**, Magyar T. (2013): Characterization of *Pasteurella multocida* strains isolated from geese. Veterinary Microbiology, 163 (1-2). pp. 149-156. ISSN 0378-1135
<http://real.mtak.hu/15714/>