

**SZENT ISTVÁN EGYETEM**

**Állatorvos-tudományi Doktori Iskola**

**A háziméh vírusfertőzéseinek hazai  
előfordulása, egyes vírusok molekuláris  
szerkezetének vizsgálata**

**Doktori értekezés tézisei**

**Készítette:**

**Dr. Bakonyi Tamás**

**Budapest  
2002**

Szent István Egyetem  
Állatorvos-tudományi Doktori Iskola

**Iskolavezető:**

Dr. Rudas Péter, DSc  
egyetemi tanár

**Témavezető és témabizottsági tagok:**

Dr. Rusvai Miklós, kandidátus  
egyetemi tanár  
SzIE ÁOTK Járványtani és Mikrobiológiai Tsz.

Dr. Berencsi György, kandidátus  
főosztályvezető főorvos  
"Johan Béla" Országos Epidemiológiai Intézet

Dr. Harrach Balázs, kandidátus  
igazgató  
MTA Állatorvos-tudományi Kutatóintézet

---

Dr. Rudas Péter

---

Dr. Bakonyi Tamás

## 1. A kutatások előzményei és céljai

A mézelő méh (*Apis mellifera* L.) vírusfertőzései az utóbbi években kerültek a tudományos érdeklődés középpontjába, részben kártételük, részben pedig a gazdafaj jelentőségének fokozódása miatt. Az első rovarvírust, a lárvatömlősödés vírusát (sacbrood virus, SBV) méhekből mutatták ki, és azóta további 17 méhvírust fedeztek fel, de az egyes vírusok molekuláris szerkezetére, taxonómiai besorolására, genetikai változékonyságára, elterjedtségére és kórtani jelentőségére vonatkozó tudományos ismereteink nagyon hiányosak.

Számos tudományos közlemény alátámasztja a mézelő méh vírusainak széleskörű elterjedtségét. A vírusok jelentős része (pl. a heveny méhbénulás vírusa, ABPV; a fekete anyabölcső vírus, BQCV; az Y-méhvírus, YBV; a deformált szárny vírus, DWV) inapparens fertőzés formájában jelen lehet a méhcsaládokban, amely fertőzöttség bizonyos gyengítő és hajlamosító tényezők hatására klinikai tünetekben is megnyilvánuló betegséghez esetenként a méhcsalád teljes összeomlásához, kipusztulásához vezet. A hajlamosító tényezők közül különös jelentőséggel bír az ázsiai nagy méhatka (*Varroa destructor*, korábban *V. jacobsoni*), amely egyrészt vektora több ismert méhvírusnak, másrészt táplálkozása során legyengíti fiasítást valamint a kifejlett egyedeket, és aktiválja a látens vírusfertőzöttséget. Az atka kártételén túl egyéb kórokozók, paraziták (pl. *Nosema apis*) jelenléte, mérgezések és a környezetszennyezés is hajlamosító tényezőként hat a vírusos méhbetegségek kialakulásában.

A méhbetegségek vizsgálatát megnehezíti, hogy a méhek esetében az egyedi megfigyelés, diagnózis és kezelés nem lehetséges, méhegészségügyi problémák jelentkezése esetén a méhcsaládot vagy az egész méhészetet kell vizsgálni és kezelésben részesíteni. A méhek esetében a hagyományos diagnosztika számos eszköze nem használható: a fizikális

vizsgálatok lehetőségei igen behatároltak, a klinikai tünetek pedig szegényesek, ritkán kórjelző értékűek. A fertőző betegségek kórjelzését tovább nehezíti, hogy az immunglobulinok és az immun-memória hiánya miatt az indirekt diagnosztikai módszerek (szerológiai vizsgálatok) rovarok esetében nem alkalmazhatók.

A virológiai vizsgálatok területén további nehézséget jelent, hogy nem állnak rendelkezésre a méhvírusok szaporítására alkalmas szövet- és sejttenyészetek. A méhvírusok szaporításának egyetlen módja a kísérleti állatoltás, méhbábok mesterséges fertőzése. Ez a módszer több okból is csak korlátozottan alkalmazható. Egyrészt évszakfüggő, mivel fiasítást igényel, másrészt nagyon munkaiigényes; harmadrészt, biztosan vírusmentes méhcsaládok hiányában vírusizolálásra, genetikailag homogén vírustörzsek kialakítására kevésbé alkalmas.

A mézelő méh vírusfertőzéseinek diagnosztizálására napjainkban a legelterjedtebb módszer az elektronmikroszkópos (EM) vizsgálat, valamint a vírusantigén kimutatás. Az EM vizsgálatok alkalmasak ugyan a vírusok kimutatására, de tekintettel arra, hogy a méhvírusok többsége morfológiailag nagyon hasonlít egymásra, vírusazonosításra ez a módszer nem megfelelő. A vírusantigének kimutatására agargél-immundiffúziós (AGID) és ELISA módszereket dolgoztak ki. Ezek az eljárások vírusspecifikus savók használatára alapulnak, amelyek előállítása a vírusszaporítás nehézségei miatt bonyolult, standardizálásuk nem megoldható. A molekuláris biológiai technikák fejlődése és a nukleinsav kimutatásra alapuló modern diagnosztikai módszerek (pl. polimeráz-lánreakció, PCR) kifejlesztése lehetőséget ad a méhvírusok molekuláris szerkezeti vizsgálatára. Az utóbb néhány évben számos méhvírus teljes (SBV, ABPV, BQCV), vagy részleges (Kashmir vírus) nukleotid szekvenciáját megállapították. A szekvenciák ismerete lehetőséget nyújt új

diagnosztikai eljárások kialakítására, a vírusnukleinsav kimutatására közvetlenül a méhmintákból, valamint a különböző törzsek szekvenciáinak összehasonlításával a vírus genetikai változékonyságának, rokonsági viszonyainak felderítésére.

Magyarországon a kiterjedt és intenzív méhtartás ellenére a méhek vírusainak előfordulásáról és elterjedtségéről nem álltak rendelkezésre tudományos adatok, bár a klinikai tünetek és EM vizsgálatok alátámasztották a kórokozók jelenlétét a hazai méhészetekben (pl. SBV; idült méhbénulás vírus, CBPV).

Jelen dolgozat egy klinikai tünetekben megnyilvánuló ABPV fertőzöttség kapcsán a kórokozó hazai előfordulásával kapcsolatos kutatások eredményeit ismerteti.

### **A kutatások célkitűzései:**

- Magyarországi méhészetből méhpathogén vírusok kimutatása, azok elszaporítása, EM és szerológiai módszerekkel történő azonosítása.
- Reverz transzkripciós polimeráz-lánreakció (RT-PCR) kidolgozása egyes méhvírusok nukleinsavának kimutatására.
- Felmérő vizsgálatok tünetmentes és klinikai tüneteket mutató magyarországi méhészetekben a fenti vírusok hazai elterjedtségének felderítése céljából.
- Egyes vírusizolátumok filogenetikai vizsgálata.

## **2. Anyag és módszer**

### **2.1. Minták**

Egy budapesti méhész 1997. július végén duzzadt potrohú, dysenteriás méheket és szórványos elhullást észlelt méhészetében. A kórokozó kimutatására és azonosítására irányuló vizsgálatokat 3 család tüneteket mutató méhein

végeztük. Az ezekből a méhekből izolált heveny méhbénulás vírustörzset használtuk az RT-PCR-en alapuló diagnosztikai módszer kifejlesztése során.

A vírusok magyarországi elterjedtségének felmérése céljából az ország öt régiójából, a vizsgálatokra önkéntesen vállalkozó tizenkét méhészklinikai tüneteket nem mutató méhcsaládjait vizsgáltuk. Két év alatt 114 méhminta vizsgálatára került sor. További nyolc méhészklinikai tüneteket (családok hirtelen összeomlása, téli elnéptelenedés) mutató méheket, valamint – amennyiben a méhekről sikerült *V. destructort* gyűjteni – az atkákat vizsgáltuk vírus nukleinsav jelenlétére.

A heveny méhbénulás vírus közép-európai törzseinek filogenetikai analízise során a hazai törzseken túl négy lengyelországi (G. Topolska, Varsó), három németországi (W. Ritter, Freiburg) és egy ausztriai (N. Nowotny, Bécs) ABPV törzset vontunk be a vizsgálatokba. A lárvatömlősödés és a fekete anyabölcső vírus kimutatására kifejlesztett RT-PCR tesztelését hazai, bizonyítottan pozitív minták hiányában lengyelországi (G. Topolska, Varsó) törzsekkel végeztük.

## 2.2. Víruszaporítás és tisztítás

A vizsgálatra érkező 50-100 méh homogenizátumának baktérium-mentes kivonatát ugyanabból a méhészetből, de tünetmentes családból származó 8-10 napos bábokba oltottuk. A bábokat részben elektronmikroszkópos vizsgálatra használtuk, részben az oltást követő negyedik napon homogenizáltuk és a homogenizátumot cézium-klorid gradiens (1,2-1,5 g/ml) ultracentrifugálással tisztítottuk.

## 2.3. Elektronmikroszkópos vizsgálatok és agargél immundiffúzió

Az ultravékony metszeteket és a gradiens ultracentrifugálással tisztított, dializált vírusszuspenziót JEM-JEOL 100S transzmissziós elektronmikroszkóppal vizsgáltuk. A gradiens ultracentrifugálással tisztított vírusszuspenzió hígításait agargél közegben végzett immundiffúziós próbában reagáltattuk a gyakoribb méhvírusokkal hiperimmunizált nyulak savóival.

#### 2.4. RNS izolálás és reverz transzkripció

A méhminta- és báb-homogenizátumok felülúszójából virális RNS-t tisztítottunk és a tisztított vírus RNS-ről oligo(dT) primer módszer segítségével komplementer (cDNS) szálát szintetizáltunk. A filogenetikai vizsgálatok során a reverz transzkripciót és a polimeráz láncreakciót folyamatos rendszerben, vírus-specifikus primerek alkalmazása mellett végeztük.

#### 2.5. Polimeráz láncreakció és agarózgél-elektroforézis

Vírus-specifikus nukleinsav szakaszok amplifikálása céljából oligonukleotid primereket terveztünk a heveny méhbénulás, a Kashmir vírus, a lárvatömlősödés vírusa és a fekete anyabölcső vírus génbankban ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)) elhelyezett szekvenciái alapján. Az ABPV hazai elterjedtségének felméréséhez a vírus strukturális fehérje régiójára tervezett primerpárt alkalmaztunk. A közép-európai törzsek filogenetikai vizsgálatokor a teljes strukturális fehérje régióra kiterjedő amplifikációkat 6 átfedő primerpárral végeztük. A nem-strukturális fehérje régió részleges amplifikálására további 6 átfedő primerpárt alkalmaztunk. A Kashmir vírussal rokon új vírus azonosítására szolgáló diszkriminatív RT-PCR során a Kashmir vírus nem strukturális régiójára tervezett primerpárt használtunk. A lárvatömlősödés vírus és a fekete anyabölcső

vírus kimutatására használt RT-PCR rendszerekben az 5' nem kódoló régióra tervezett primerpárokat alkalmaztunk. A polimeráz láncreakciót MJ Research MiniCycler-rel végeztük. Az amplikonokat agarózgélben elektroforetizáltuk, UV átvilágítással vizsgáltuk és az adatokat Kodak Digital Science 1D program segítségével tároltuk.

## 2.6. Nukleinsav szekvenálás és szekvencia analízis

Az ABPV hazai elterjedtségének felmérésére használt, valamint a Kashmir vírusra diszkriminatív primerek specifikusságának ellenőrzése céljából az amplikonokat elektroforetizáltunk, majd a gélből kivágott és QIAquick Gel Extraction Kit segítségével kitisztított PCR terméket a MTA Szegedi Biológiai Kutatóintézetében szekvenáltattunk. A filogenetikai vizsgálatok kapcsán végzett szekvenálásokat specifikus primerekkel végzett direkt szekvenáló PCR-t követően ABI Prism 310 automata szekvenátorral végeztük. A nukleotid és aminosav szekvenciák illesztését a FastA, ClustalW, BioEdit és Align Plus programokkal, a filogenetikai analízist pedig a PHYLIP programcsomag segítségével végeztük. A bootstrap értékeket a SEQBOOT programmal, a távolsági mátrix analízist pedig a DNADIST/Neighbor-Joining és Fitch programok segítségével állapítottuk meg.

## 3. Eredmények

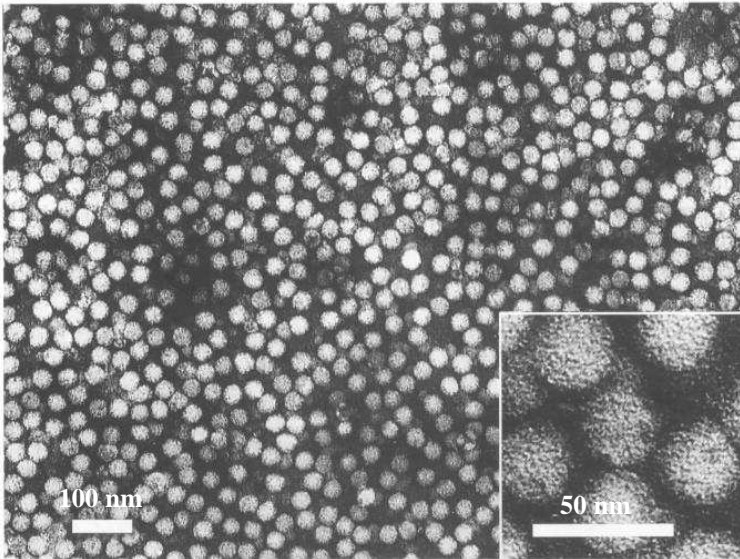
### 3.1. Víruszaporítás és tisztítás

A mesterségesen fertőzött bábok homogenizátumának gradiens ultracentrifugálását követően két, 1,32-1,33 g/ml és 1,37-1,38 g/ml úszósűrűségű, opaleszkáló, feltételezeten vírustartalmú zónát sikerült elkülöníteni.



### 3.2. Agargél immundiffúzió és elektronmikroszkópos vizsgálatok

A beteg méhek és az oltott bábok különféle szerveiben, a sejtek citoplazmájában az EM felvételeken 32 nm átmérőjű, ihozahedrális szimmetriájú, burok nélküli, részben parakristályos formába rendeződött virionokat lehetett látni. Az oltott bábok homogenizátumából készült kivonatban nagy számban találtunk hasonló morfológiájú virionokat (1. ábra).



1. ábra: Heveny méhbénulás vírus partikulák EM képe, SzIE ÁOTK Kórbonctani és Igazságügyi Állatorvostani Tsz. felvétele

A gradiens ultracentrifugálással nyert zónák agargél-immundiffúziós vizsgálata során az 1,37-1,38 g/ml úszósűrűségű zónából készült vírushígítások a heveny méhbénulás vírusa ellen termelt hiperimmun-savóval precipitációs reakciót mutattak. A klinikai tüneteket mutató, vagy egészséges, de RT-PCR vizsgálatokkal pozitívnak

bizonyult méhek homogenizátuma nem eredményezett látható precipitációt az AGID próbák során.

### 3.3 RT-PCR kidolgozása az ABPV kimutatására

A gradiens ultracentrifugálással tisztított vírusszuspenzió nukleinsavának RT-PCR vizsgálatát a strukturális fehérjéket kódoló genomszakaszra tervezett primerpárral végeztük el. A képződött termék méretét agarózgél-elektroforézis segítségével kb. 400 bázispár nagyságúnak találtuk, amely megfelelt a tervezett méretnek. A reakció érzékenységének meghatározásakor a vírusszuspenzió legnagyobb,  $10^4$ -szeres hígításában képződött agarózgél-elektroforézissel azonosítható termék. Klinikai tüneteket mutató méhcsaládokból származó minták RT-PCR vizsgálata során az alkalmazott primerekkel közvetlenül a méhmintákból is sikerült kimutatni az ABPV nukleinsav jelenlétét.

### 3.4. Az ABPV magyarországi elterjedtségének felmérése

Az ország öt régiójának 12 méhészetéből származó 114 méhcsalád vizsgálata során RT-PCR segítségével 8 tünetmentes méhészet (66.6%) 14 méhcsaládjából (12.2%) sikerült kimutatni az ABPV nukleinsav jelenlétét a vizsgálat két éve alatt. Több méhészetben, ismételt vizsgálatok is alátámasztották pozitív és negatív méhcsaládok együttes jelenlétét. A klinikai tüneteket mutató méhcsaládok vizsgálata során az állományok 87,5%-ából lehetett kimutatni a vírusnukleinsav jelenlétét (7 pozitív a 8 vizsgált méhészetből). A klinikai tüneteket mutató családok nagy részénél *V. destructor* és *N. apis* fertőzöttséget is megfigyeltünk. Három, *V. destructor*-ral súlyosan fertőzött méhészet atkáinak RT-PCR vizsgálata során két mintából sikerült kimutatni az ABPV

nukleinsavát. Egyéb vírusok (KBV, SBV, BQCV) jelenlétét a mintákból nem lehetett kimutatni.

### 3.5. Szekvencia meghatározás és filogenetikai analízis

#### 3.5.1. A diagnosztikai RT-PCR specifikusságának ellenőrzése

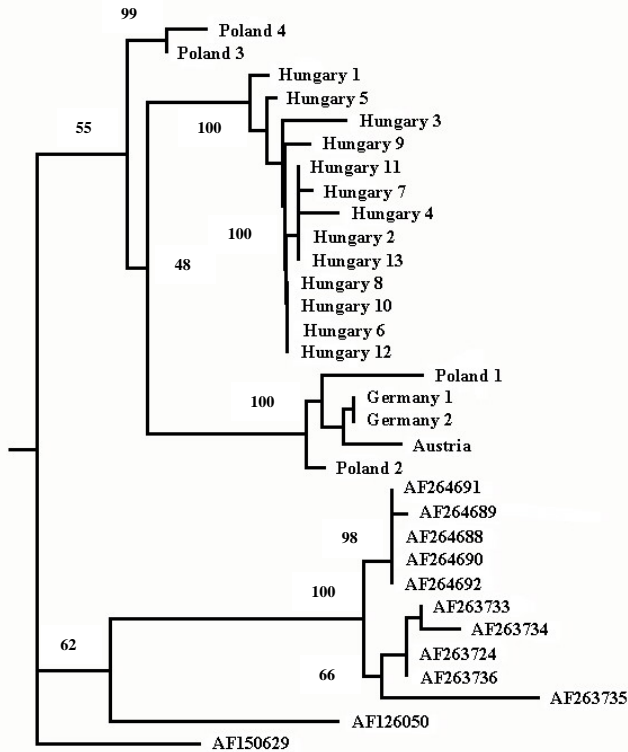
A felmérő vizsgálatokban használt RT-PCR specifikusságának ellenőrzése céljából a képződött termék szekvenciáját meghatároztuk és szekvencia-összehasonlító vizsgálatot végeztünk a génbankban elhelyezett vírusszekvenciákkal. A 398 nukleotid (nt) hosszúságú szakasz a legnagyobb hasonlóságot (93%) az ABPV teljes genom (AF150629) strukturális fehérjéit kódoló genomterületének 8107–8504 nt közötti részével mutatta.

#### 3.5.2. Közép-európai heveny méhbénulás törzsek filogenetikai analízise

A heveny méhbénulás vírus genetikai változékonyságának felderítése céljából tíz közép-európai izolátum strukturális fehérjéket kódoló genomterületének teljes szekvencia-meghatározását végeztük el. Összességében 3071 nukleotidnyi genomterület szekvenciáját határoztuk meg a vizsgált törzsekben, amely a teljes genom 32,4%-a, és 914 aminosavat kódol. A törzsek nukleinsava 94-95%-os hasonlóságot mutatott a referencia törzs szekvenciájához viszonyítva, míg az aminosav-sorrendek összehasonlítása során 97-98%-os hasonlóságot tapasztaltunk. A szekvenciákat filogenetikai analízisnek vetettük alá, és a törzsek közti rokonságot filogenetikai fák segítségével ábrázoltuk. Az izolátumok három genotípusba különültek el: az ausztriai és a németországi törzsek közeli rokonságot mutatnak, a magyarországi törzsek szintén közeli rokonságban állnak egymással és egy lengyel

törzs viszonylagos rokonságot mutat velük, míg a másik két lengyelországi izolátum elkülönül a vizsgált törzsektől.

A szerkezeti fehérjéket kódoló terület egy szakasza nagyobb változékonyságot mutatott, valamint erről a szakaszból korábban, más kutatók nukleinsav-szekvenciákat helyeztek el a nemzetközi génbankban. Ezen terület minél átfogóbb vizsgálata céljából további kilenc magyarországi és egy lengyelországi minta amplifikálására és szekvenálására került sor az említett genomszakaszon. Összességében 32 izolátum nukleinsav-szekvenciáját hasonlítottuk össze a 8121-8521. nukleotidok közti területen. Az izolátumok 89-96%-os nukleinsav hasonlóságot mutattak a referencia törzshöz viszonyítva, míg az aminosav-sorrendek 90-96%-ban hasonlítottak. A filogenetikai analízis során az izolátumok két fő csoportba különültek el. Az egyiket a génbankból származó, főként az Egyesült Királyságban izolált törzsek alkotják, a másikat pedig a közép-európai izolátumok képezik. Az utóbbi ágon belül a magyarországi izolátumok egy közös csoportban, közeli rokonságot mutatnak. Az ausztriai és németországi izolátumok szintén elkülönülnek és két lengyelországi izolátum mutat velük viszonylagos rokonságot. További két lengyelországi izolátum viszont külön csoportot alkot (2. ábra).



2. ábra: Heveny méhbénulás vírus törzsek filogenetikai törzsfája

### 3.5.3. A nem-strukturális fehérjéket kódoló genomterületek vizsgálata

Az ABPV további genomterületei változékonyságának felderítése céljából az első nyitott leolvasási keret helikáz és proteináz génjeit magába foglaló régiójának nukleinsav-sorrendjét vizsgáltuk egy magyarországi (Hungary 1) és egy lengyelországi (Poland 1) törzsön. A szekvenált 4338 nt hosszúságú genomszakazon (1063-5400, a genom 46%-a) mind a hazai törzs, mind pedig a lengyelországi törzs 93,1% hasonlóságot mutatott a referencia törzshöz viszonyítva. A

magyarországi és a lengyelországi törzsek 97,3%-ban hasonlítottak egymáshoz.

### 3.6. A Kashmir vírus új variánsának leírása magyarországi méhmintából

Az egyik hazai izolátum agargél-immundiffúziós vizsgálata során kettős precipitációs zónát figyeltünk meg, amely felvetette kevert víruspopuláció jelenlétének gyanúját a vizsgálati mintában. A szerkezeti fehérjék régiójára tervezett primerekkel végzett RT-PCR reakciót követően meghatároztuk a termék szekvenciáját, ami a legnagyobb hasonlóságot (79.0%) egy Kashmir vírus részleges szekvenciához mutatta. A Kashmir vírus nem strukturális régiójára tervezett primerekkel végzett diszkriminatív RT-PCR segítségével az új variáns elkülöníthető a szerológiailag keresztreakáló és a vizsgálati mintában is jelenlevő ABPV törzstől. Az amplifikált genomszakasz szekvenciája 83,6%-ban hasonlított a Kashmir vírusra és 78,6%-ban az ABPV referencia törzsre.

### 3.7. A lárvatömlősödés vírus és a fekete anyabölcső vírus nukleinsavának kimutatása RT-PCR segítségével.

A nemzetközi génbankban elhelyezett teljes genom szekvenciák alapján specifikus primerpárokat terveztünk az SBV és BQCV vírusok egyes genomszakaszainak amplifikálására. A primereket lengyelországi vírustörzsekkel és klinikai mintákkal vizsgáltuk. Az amplifikáció mindkét vírus esetén specifikus termékek képződését eredményezte. Magyarországi tünetmentes méhészetek mintáiból nem lehetett az SBV és BQCV vírusok nukleinsavát kimutatni, klinikai tüneteket mutató fiasítás pedig nem állt rendelkezésünkre.

## 4. Végző megállapítások, következtetések

1. Klinikai tüneteket mutató méhcsaládok mintáiból kimutattuk, elszaporítottuk, elektronmikroszkópos és immundiffúziós módszerrel azonosítottuk a heveny méhbénulás vírusát. Az ABPV az első Magyarországon izolált méhvírus.
2. Reverz transzkripció polimeráz lánreakción alapuló gyors-diagnosztikai módszert dolgoztunk ki a heveny méhbénulás, a Kashmir vírus, a lárvatömlősödés vírusa és a fekete anyabölcső vírus nukleinsavának kimutatására klinikai mintákból.
3. A heveny méhbénulás vírus magyarországi elterjedtségének felmérése kapcsán a vizsgált tünetmentes méhészetek kétharmadában kimutattuk az ABPV jelenlétét, amely a kórokozó széleskörű elterjedtségére utal. A klinikai tüneteket mutató állományokból nagyobb arányban lehetett kimutatni a vírusnukleinsav jelenlétét, amely alátámasztja a vírus kórtani szerepére vonatkozó feltételezéseket.
4. RT-PCR vizsgálatokkal kimutattuk az ABPV nukleinsav jelenlétét a *V. destructor* atkában, amely megerősíti az ázsiai nagy méhatkának a vírus terjesztésében játszott szerepét valószínűsítő elméletet.
5. A heveny méhbénulás vírus filogenetikai analízise során megállapítottuk, hogy az ABPV törzsek legalább két, egymástól elkülönülő genotípusba sorolhatók. A közép-európai ágon belül legalább három csoportot lehet elkülöníteni, amely csoportosítás összhangban áll az egyes törzsek földrajzi eredetével. A vizsgált genomterületek viszonylag kis fokú változékonyságot mutatnak.
6. Izoláltunk és nukleinsav-szekvencia összehasonlító vizsgálatokkal azonosítottunk egy új, a Kashmir vírussal rokon vírust magyarországi méhekből.

## 5. Az értekezés alapját képező publikációk

### 5.1. Referált, angol nyelvű szakfolyóiratokban megjelent közlemények:

5.1.1. BÉKÉSI L., BALL, B. V., DOBOS-KOVÁCS M., BAKONYI T., RUSVAI M.: Occurrence of acute paralysis virus of the honey bee (*Apis mellifera*) in a Hungarian apiary infested with the parasitic mite *Varroa jacobsoni*. In: *Acta Veterinaria Hungarica*, 1999., XLVII évf. 3. sz., p. 319-324.

5.1.2. BAKONYI T., FARKAS R., SZENDRŐI A., DOBOS-KOVÁCS M., RUSVAI M.: Detection of acute bee paralysis virus by RT-PCR in honey bee and *Varroa destructor* samples: Rapid screening of representative Hungarian apiaries. In: *Apidologie*, 2002., XXXIII évf. 1. sz., p. 29-40.

5.1.3. BAKONYI T., GRABENSTEINER, E., KOŁODZIEJEK, J., RUSVAI M., TOPOLSKA, G., RITTER, W., NOWOTNY, N.: Phylogenetic analysis of acute bee paralysis virus strains. In: *Applied and Environmental Microbiology*, 2002., Submitted for publication.

5.1.4. RUSVAI M., BAKONYI T., SZENDRŐI A., TOPOLSKA, G., NOWOTNY, N.: Detection of a new variant of Kashmir bee virus in Hungary. In: *Apidologie*, 2002., Submitted for publication.

### 5.2. Referált, magyar nyelvű szakfolyóiratokban megjelent közlemények:

5.2.1. BÉKÉSI L., BALL, B. V., DOBOS-KOVÁCS M., BAKONYI T., RUSVAI M.: A mézelő méh (*Apis*



*mellifera*) heveny bénulás vírusának hazai előfordulása Varroa-atkával fertőzött méhészetben. In: *Magyar Állatorvosok Lapja*, 1999., CXXI évf. 10. sz., p. 601-603.

- 5.2.2. FARKAS R., BAKONYI T., BÖRZSÖNYI L., RUSVAI M.: A mézelő méh (*Apis mellifera* L.) *Varroa jacobsoni* Oudemans fertőzöttségével kapcsolatos kérdőíves vizsgálat hazai méhészetekben. In: *Magyar Állatorvosok Lapja*, 2001., CXXIII. évf. 6. sz., p. 348-353.

### 5.3. Kongresszusi kiadványban megjelent közlemények:

- 5.3.1. RUSVAI M., BAKONYI T.: A mézelő méh (*Apis mellifera*) heveny bénulását okozó vírus hazai izolálása és strukturális polipeptidjeinek vizsgálata. In: *Akadémiai beszámoló*, 1999., Budapest

- 5.3.2. BAKONYI T., DOBOS-KOVÁCS M., RUSVAI M.: Nucleic acid investigations of the acute bee paralysis virus and development of a diagnostic PCR assay. In: *Proceedings of the First Joint Meeting of the Slovenian Society for Microbiology and the Hungarian Society for Microbiology*, 2000., Keszthely

- 5.3.3. RUSVAI M., BAKONYI T., DOBOS-KOVÁCS M., BÉKÉSI L.: Polypeptide composition of an acute paralysis strain isolated in Hungary. In: *Proceedings of the First European Scientific Apicultural Conference*, 2000., Pulawy, Poland

- 5.3.4. TOPOLSKA, G., BAKONYI T., SZENDRŐI A., RUSVAI M.: Rapid diagnosis of acute bee paralysis virus infection by polymerase chain reaction. In: *Proceedings of the 38th Scientific Apicultural Congress*, 2001., Pulawy, Poland

- 5.3.5. BAKONYI T., SZENDRŐI A., RUSVAI M.: A mézelő méh heveny bénulását okozó vírus kimutatása RT-PCR vizsgálatokkal az ázsiai óriás méhatkából. In: *A Magyar*

*Mikrobiológia Társaság Nagygyűlése, 2001.,  
Balatonfüred*

5.3.6. RUSVAI M., BAKONYI T., TOPOLSKA, G.,  
NOWOTNY, N., RITTER, W.: A mézelő méh  
vírusfertőzései a kelet-közép európai régióban. In: *A  
Magyar Biológiai Társaság Szimpóziuma, 2001.,  
Budapest*

5.3.7. BAKONYI T., GRABENSTEINER, E., RUSVAI M,  
NOWOTNY, N.: A heveny méhbénulás vírus közép-  
európai izolátumainak filogenetikai vizsgálata. In:  
*Akadémiai beszámoló, 2002., Budapest*