

PÉCSI TUDOMÁNYEGYETEM

Biológiai és Sportbiológiai Doktori Iskola

Denevérek által hordozott vírusok evolúciós kapcsolatainak vizsgálata európai denevérfajokban

PhD értekezés tézisei

Kemenesi Gábor

Témavezető

Dr. Jakab Ferenc

habilitált egyetemi docens

PÉCS, 2018

1. Bevezetés

A denevérek rendje (Chiroptera) jelenleg több mint 1250 fajt számlál, amely a bolygón élő emlősök körülbelül 20%-át jelenti. Rendkívül széles földrajzi elterjedésüknek köszönhetően az Antarktisz kivételével minden kontinensről ismertek, olyan különleges biológiai adaptációkkal rendelkeznek, mint például az echolokáció vagy a repülés (**Teeling et al., 2005**). Filogenetikai vizsgálataikból igen alapos irodalmi háttér áll rendelkezésre, amely jelenlegi ismereteink szerint a korai Eocénba teszi első megjelenésüket (50-52 millió évvel ezelőtt) (**Jones et al., 2002; Agnarsson et al., 2011**). Tekintettel viszonylag hosszú evolúciós múltjukra és a szárazföldi emlősök között egyedülálló repülési képességükre, rendkívül jelentős fajgazdagságra és földrajzi elterjedésre tettek szert (**Wang et al., 2011**). Egyelőre tudományos szempontból kevésbé magyarázott az a képességük, miszerint tünetmentes hordozói számos magas patogenitású kórokozónak (**Wang et al., 2011**). Hosszú evolúciós múltjuk és rendkívül változatos diverzifikációjuk számos koevolúciós folyamatot is eredményezett a velük kapcsolatban álló élőlényekkel, köztük ektoparazitákkal vagy vírusokkal is (**Tortosa et al., 2013**).

A virális zoonózisok állatokról emberre terjedő vírusokat jelentenek. A zoonózisok jelentős hányada vadállatokról kerül a humán populációra. Érdekes módon az ilyen fertőzési események gyakrabban történnek meg vadállatok-emberek, mint háziállatok-emberek között (**Jones et al., 2008; Johnson et al., 2015**). Az elmúlt évtizedben a denevérek egyre gyakrabban jelentették egy-egy humán populációban kitört járvány forrásait. Markáns példa a 2002-2003-as SARS (*Severe Acute Respiratory Syndrome*) koronavírus világjárvány, vagy a jelenleg is tartó MERS (*Middle Eastern Respiratory Syndrome*) koronavírus járvány az Arab-félszigeten. A 2014-es nyugat-afrikai ebolavírus járvány legvalószínűbb forrásaként is a denevéreket tartják számon (**Wynne et al., 2013**). A WHO által számontartott, emberiségre legveszélyesebb kórokozók közül is több denevérekhez köthető (*Nipah* vírus, *Hendra* vírus, Filovírusok stb.). A globalizációs folyamatok (kereskedelem, turizmus stb.) és az emberiség folyamatos térnyerése egyre több denevér-ember kontakt eseményre ad lehetőséget, amely tekintettel az ismert tényekre komoly közegészségügyi kockázatot jelent a felbukkanó virális zoonózisok tekintetében. Az elmúlt évtizedekben felbukkant két magas patogenitású koronavírus (SARS, MERS) megjelenése az emberi populációban is ezeknek a folyamatoknak volt köszönhető (**de Wit et al., 2016**). A 2014-es nyugat-afrikai ebolajárvány egyik jellegzetessége, hogy a vírus a történelemben először jutott magas denzitású emberi populációba, melynek eredményeként a járvány leküzdéséig több mint 11 ezer halálos áldozatot szedett, szintén az emberi térnyerésnek köszönhetően (**Mari Saéz et al., 2014**).

Közegészségügyi jelentőségükön túl számos víruscsoport evolúciós múltjában kulcsszereppel bírnak, ennek megértése és vizsgálata több szempontból is hasznos és az elmúlt évek egyik felkapott tudományos irányvonalát jelenti (**Hayman, 2016**). A molekuláris biológia fejlődő eszköztárával párhuzamosan és az elmúlt évtizedek nagy járványaitól inspirálva számos víruscsalád került intenzív vizsgálat alá vagy mutatták ki különféle denevérfajokban az elmúlt évek során: *Adenoviridae*, *Bunyaviridae*, *Hepadnaviridae*, *Hepeviridae*, *Herpesviridae*, *Papillomaviridae*, *Paramyxoviridae*, *Polyomaviridae*, *Reoviridae*, *Retroviridae*, *Caliciviridae*, *Circoviridae*, *Rhabdoviridae*, *Astroviridae*, *Flaviviridae*, *Coronaviridae*, *Picornaviridae*, *Orthomyxoviridae*, és *Parvoviridae*. Rovar vírusok: *Baculoviridae*, *Iflaviridae*, *Dicistroviridae*, *Tetraviridae*, és *Densovirinae*. Gomba vírusok: *Chrysoviridae*, *Hypoviridae*, *Partitiviridae*, és *Totiviridae*. Bakteriofágok: *Caudovirales*, *Inoviridae*, és *Microviridae* (**Wu et al., 2012; Wu et al., 2016**).

Így a denevérek különféle mintáiból kimutatott vírusok fontos láncszemeit képviselhetik egy-egy víruscsoport evolúciós múltjának megismeréséhez vagy evolúciós folyamatainak megértéséhez, továbbá ezek a vírusközösségek kiváló ökoszisztéma indikátorok is.

2. Célkitűzések

- Az Európában honos denevérfajok virológiai célú vizsgálata, a bennük található vírusközösségek minél alaposabb megismerése és feltárása
- Vírusok kimutatása denevér-eredetű mintákban, Európai denevérfajok terepi mintavételezésének eredményeként
- Alap és alkalmazott genomikai módszerek alkalmazása a kimutatott vírusok minél mélyebb genetikai megismeréséhez
- A kimutatott ágensek evolúciós vizsgálata
- Állat –és humánegészségügyi szempontból jelentős vírusok azonosítása
- Denevér konzervációbiológiai szempontból vett jelentőségük megvitatása

3. Anyag és Módszer

Mintavételezés

Magyarországon 2012 és 2014 között 45 helyszínen folytattunk széklet mintázást természetes élőhelyükön befogott denevérekből. További széklet mintagyűjtést végeztünk 2014-ben Grúzia, Ukrajna, Románia, Szlovákia és Szerbia egyes régióiban, összesen 16 mintavételi ponton. Ezen felül denevércutató kollégáinktól a sikertelen konzervációbiológiai vagy rehabilitációs eljárásokból megmaradt tetemeket is megkaptuk, illetve az általuk észlelt természetes élőhelyeken előfordult elhullási események során is végeztünk mintavételezést.

Nukleinsav extrakció

A minták minden esetben Minilys® personal homogenizer (Bertin Corp., USA) használatával lettek homogenizálva, egy 2.50-2.80 mm átmérőjű üveggyöngy (Kisker Biotech GmbH & CO., Germany) hozzáadásával 500 mikroliter PBS-ben 30 másodpercig maximális fokozaton. Ezt követően 15 000 g-n történő 10 perces centrifugálás után 200 mikroliter felülúszóból GeneJET Viral DNA/RNA Purification Kit-tel (Thermo Fisher Scientific., USA) végeztük a nukleinsav extrakciót. Az elúció 50 µl-ben történt, az eluátumot -80°C-on tároltuk további felhasználásig.

PCR (polimeráz láncreakció) módszerek

A munka során változatos PCR eljárásokat alkalmaztunk, számos különböző oligonukleotid és reakciókörmény alkalmazásával. Minden PCR folyamatot a kísérletek megkezdése előtt optimalizáltunk (anellációs hőmérséklet, MgCl₂ koncentráció) a jobb szenzitivitás és specificitás elérése érdekében. RT-PCR (reverz-transzkripció polimeráz láncreakció) alapú kimutatáshoz a QIAGEN OneStep RT-PCR Kit (Qiagen, Germany) került felhasználásra. A hosszabb (>1000 bázispár) genomfragmensek amplifikációs eljárásához a SuperScript® III One-Step RT-PCR System with Platinum® Taq DNA Polymerase Kit-et (Thermo Fisher Scientific, USA) használtuk. Általános PCR reakciókhoz a GoTaq® G2 Flexi DNA Polymerase Kit (Promega, USA) került felhasználásra, míg a hosszabb fragmensek (>800 bázispár) amplifikációjához a Phusion High-Fidelity DNA Polymerase-t (Thermo Fisher Scientific, USA) használtuk.

RNS genomú vírusok genomszegmens-végeinek meghatározása

A nukleinsav extraktumban található genomikus RNS 3' végeihez, egy PC3 elnevezésű rövid oligonukleotidot ligáltunk. A PC3 5' vége foszforilált, míg 3' vége blokkolva van egy dideoxi ciszteinnel. A ligációs eljárásához T4 RNA Ligase I-et használtunk (New England Biolabs, USA). Az így kezelt genomikus RNS QIAquick Gel Extraction Kit-tel (Qiagen, Germany) került kivonásra. A tiszta, ligált RNS 5 µl-ét hő-denaturáltuk 1 µl PC2 oligonukleotid jelenlétében. A PC2 oligonukleotid komplementer a korábban alkalmazott PC3 szekvenciájára. Ezt követően RT-PCR-t végeztünk SuperScript III Reverse Transcriptase (Invitrogen, USA) használatával. 2 µl cDNS került a következő PCR eljárásba templátként, melyhez 1 µl PC2 és ugyanennyi mennyiségű génspecifikus (vírustörzs függő) oligonukleotid került hozzáadásra.

Klónozás és Sanger-szekvenálás

Gyengébb minőségű vagy kevert PCR ampliconok szekvenciameghatározásához pGEM-T Easy vector (Promega, USA) plazmidba ligáltuk a gyártó utasításainak megfelelően. A rekombináns plazmidokat *Escherichia coli* JM109 kompetens sejtekbe transzformáltuk. A sejteket Luria-Bertani medium (LB; Sigma Ltd.) táptalajon inkubáltuk 37 °C-on 12 órán át. A transzformánsokból kolónia PCR eljárással pGEM-T Easy Vector specifikus oligonukleotidok alkalmazásával amplifikáltuk a célszekvenciát. Az ampliconokat QIAquick Gel Extraction Kit-tel (Qiagen, Germany) tisztítottuk. A szekvencia könyvtárakat BigDye Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, USA) használatával készítettük. A mintákat ABI Prism 310 DNA Sequencer (Applied Biosystems, USA) platformon szekvenáltuk.

Következő generációs szekvenálás IonTorrent PGM platformon

Ion Torrent kompatibilis szekvenciakönyvtárakat NEBNext® Fast DNA Fragmentation & Library Prep Set for Ion Torrent (New England Biolabs, USA) kittel készítettünk Ion Torrent Xpress barcode adapterek alkalmazásával (Life Technologies, USA). Az emulziós PCR Ion OneTouch™ 200 Template Kit-tel lett végezve OneTouch version 2 platformon (Life Technologies, USA). Enrichment lépéshez az Ion OneTouch™ ES pipetting robot (Life Technologies, USA) került felhasználásra. A szekvenáláshoz a 200 bp-os protokollt követtük 316-os vagy 314-es chip alkalmazásával (mintaszám és jelleg függvényében).

A nyers adatok bioinformatikai kiértékeléséhez a következő szoftverek kerültek felhasználásra: MIRA (version 3.9.17), CLC Genomics Workbench (version 6.5.1; <http://www.clcbio.com>), DNASTar (version 12; <http://www.dnastar.com>).

Rekombinációs analízis

Lehetséges rekombinációs események feltárására a SimPlot szoftver 3.5.1-es verzióját használtuk.

Filogenetikai analízisek

A nyers szekvenciaadatok manuális javítását és trimmelését GeneDoc 2.7 szoftverrel végeztük. A szekvenciaadatsor illesztését a MUSCLE algoritmus online verziójával (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/>) és ClustalX v2.0-val végeztük. A filogenetikai analíziseket MEGA v6.0 szoftverrel végeztük a PhyML online verziójának Smart Model Selection (<http://www.atgc-montpellier.fr/phyml-sms/>) funkciójának használata után, minden esetben a legmegfelelőbb analízist és algoritmust használva.

Fehérjemodellezés

A 3D struktúramodelleket az Iterative Threading ASSEmblY Refinement (I-TASSER) szerver használatával hoztuk létre. A nyers fehérjemodell finomításait a MacroModel energy minimalization modullal végeztük a Schrödinger Suite szoftver használatával. A virionok modellezése esetében az Oligomer Generator application-t alkalmazzuk a VIPERdb platformon (available at http://viperdb.scripps.edu/oligomer_multi.php).

Nukleotid összetétel analízis

Az analízishez használt referenciaszekvencia adatbázis manuálisan került ellenőrzésre és letöltésre a GenBank adatbázisból. Az adatbázis annotációi alapján a szekvenciákat gazdaszervezet szerint kategorizáltuk. A mono-és dinukleotid frekvenciák megállapítása a 'seqinR' package segítségével történt R 3.2.3 szoftver használatával. A diszkriminancia analízist a 'candisc' package-ben végeztük R 3.2.3 szoftverrel.

4. Új tudományos eredmények összefoglalása és jelentősége

A munka során összesen 1127 denevér-eredetű minta virológiai vizsgálata történt meg. A vizsgált mintaállomány az Európában honos 32 denevérfaj mindegyikét érinti változó mintaszámban. Területenként a vizsgált minták aránya a következő: Magyarország (n=946); Grúzia (n=9); Ukrajna (n=25); Románia (n=63); Szlovákia (n=5); Szerbia (n=79). A minták vizsgálata folyamatosan zajlott, következő-generációs szekvenálás és hagyományos, víruscsoport-specifikus PCR alkalmazásával.

A főbb eredmények és azok jelentősége az alábbiakban került összefoglalásra:

- Az *Astroviridae* víruscsalád esetében Európában elsőként végeztünk nagy mintaszámú vizsgálatot, melynek eredményeként kimagasló diverzitást mutattunk ki hazai denevérfajokban. Számos eddig ismeretlen gazdafajt azonosítottunk, szoros gazdaspecificitással, továbbá új Astrovírus fajokat írtunk le.
- Három, a tudományterület számára új calicivírus fajt írtunk le, szoros gazdaspecificitással magyarországi denevérfajokban. Fehérjemodellezéssel alátámasztottuk lehetséges faji határok áttörésére vonatkozó képességüket, illetve filogenetikai vizsgálatokkal feltártuk evolúciós rokonságukat ismert vírusszomszédokhoz viszonyítva.
- A *Carmotetraviridae* család új tagját (Providence vírus) írtuk le Magyarországon gyűjtött Nyugati piszedenevér (*Barbastella barbastellus*) székletmintákban. A vírust eredetileg az Amerikai Egyesült Államokban írták le, mint rovarokat fertőző vírus, *in vitro* szaporítási képességgel specifikus sejtvonalon. A vírus későbbi HeLa sejtvonalra történő *in vitro* adaptálódási képességéből kiindulva, humán-egészségügyi kockázata is valószínűsíthető (Jiwaji et al., 2016).
- Magyarországi denevérekben található Coronavírusok genetikai változékonyságát vizsgáltuk, ezzel hozzájárulva a víruscsoport világszerte intenzíven kutatott genetikai variációjának és elterjedésének megismeréséhez.
- Új picornavírus fajt írtunk le, amit alapos genetikai elemzésekkel támasztottunk alá. Az új vírus a Mischivírus genus újabb tagját képviseli, és filogenetikai mintázata jól tükrözi a gazdaszervezet biogeográfiai múltját.
- Új rotavírus fajt (Rotavírus J) azonosítottunk szerbiai hosszúszárnyú denevérek (*Miniopterus schreibersii*) székletmintáiban.
- *Miniopterus schreibersii* székletmintákból új protoparvovírust azonosítottunk, amely közeli rokonságot mutatott egy 2012-ben humán székletmintákban leírt vírustörzsszel (Bufavírus). Rekombinációs analízisünk eredményeként az emberi és denevér-eredetű bufavírusok

genetikai rekombinációját írtuk le, melynek eredményeként kialakult egy Rhesus majmokban korábban leírt bufavírus törzs. Ezzel nagyban hozzájárultunk a víruscsoport evolúciós múltjának feltáráshoz.

- Új vírusfajokat azonosítottunk közép-kelet európai denevérmintákban a *Circoviridae* és *Genomoviridae* család tagjaiként. Elsőként alkalmaztunk nucleotid összetétel analízist ezen vírusok lehetséges gazdaszervezetének predikciójához. Megismerésük nagyban hozzájárul az érintett víruscsoportok elterjedésének, diverzitásának és evolúciós múltjának megismeréséhez. Azonosítottunk továbbá egy eredetileg Nigériában, tisztítatlan szennyvízben leírt Niminivírus törzset is, így annak rendkívül nagy geográfiai elterjedését bizonyítottuk.
- A *Filoviridae* víruscsoport tagját azonosítottuk magyarországi, haemorrhagiás tüneteket mutató, elpusztult hosszúszárnyú denevérek (*Miniopterus schreibersii*) mintáiból. Az így azonosított Lloviu vírus az első közvetlen bizonyítéka Közép-Európában egy természetben előforduló filovírus jelenlétének. Tekintettel az Ebola vírushoz való közeli rokonságára, lehetséges közegészségügyi jelentőségét számon kell tartani.

Irodalomjegyzék

- Teeling EC, Springer MS, Madsen O, et al. A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science* 307: 580-584. (2005)
- Jones KE, Purvis A, MacLarnon A, et al. A phylogenetic supertree of the bats (Mammalia: Chiroptera). *Biological Reviews* 77: 223-259. (2002)
- Agnarsson I, Zambrana-Torrel CM, Flores-Saldana NP, et al. A time-calibrated species-level phylogeny of bats (Chiroptera, Mammalia). *PLOS Currents Tree of Life*. 1st Edition. (2011)
- Wang LF, Walker PJ, Poon LL. Mass extinctions, biodiversity and mitochondrial function: Are bats 'special' as reservoirs for emerging viruses? *Current Opinion in Virology* 6: 649-657. (2011)
- Tortosa P, Dsouli N, Gomard Y, et al. Evolutionary history of Indian Ocean nycteribiid bat flies mirroring the ecology of their hosts. *PLoS One* 8:e75215. (2013)
- Jones KE, Patel NG, Levy MA, et al. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 451: 990-993. (2008)
- Johnson KC, Hitchens PL, Smiley ET, et al. Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. *Scientific Reports* 5:14830. (2015)
- Wynne JW, Wang L-F. Bats and Viruses: Friend or Foe? *PLoS Pathogens* 9:e1003651. (2013)
- De Wit E, van Doremalen N, Falzarano D, et al. SARS and MERS: recent insights into emerging coronaviruses. *Nature Reviews Microbiology* 14: 523-534. (2016)
- Marí Saéz A, Weiss S, Nowak K, et al. Investigating the zoonotic origin of the West African Ebola epidemic. *EMBO Molecular Medicine* 7: 17-23. (2014)
- Hayman DT. Bats as Viral Reservoirs. *Annual Review of Virology* 3: 77-99. (2016)
- Wu Z, Ren X, Yang L, et al. Virome analysis for identification of novel mammalian viruses in bat species from Chinese provinces. *Journal of Virology* 86: 10999-11012. (2012)

Wu Z, Yang L, Ren X, et al. Deciphering the bat virome catalog to better understand the ecological diversity of bat viruses and the bat origin of emerging infectious diseases. *The ISME Journal* 10: 609-620. (2016)

Jiwaji M, Short JR, Dorrington RA. Expanding the host range of small insect RNA viruses: Providence virus (Carmotetraviridae) infects and replicates in a human tissue culture cell line. *Journal of General Virology* 97: 2763-2768. (2016)

Publikációs Jegyzék

A disszertáció alapjául szolgáló közlemények

I. Lektorált folyóiratban megjelent közlemények

1. **Kemenesi G**, Kurucz K, Zana B, Földes F, Urbán P, Vlaschenko A, Kravchenko K, Budinski I, Szodoray-Parádi F, Bücs S, Jére C, Csósz I, Szodoray-Parádi A, Estók P, Görföl T, Boldogh S, Jakab F. Diverse replication-associated protein encoding circular DNA viruses in guano samples of Central-Eastern European bats. *Arch Virol*. 2017 Dec 15. doi: 10.1007/s00705-017-3678-5.
2. Bányai K*, **Kemenesi G***, Budinski I, Földes F, Zana B, Marton S, Kugler R, Oldal M, Kurucz K, Jakab F: Candidate new rotavirus species in Schreiber's bats, Serbia. *Infection Genetics and Evolution* 48: 19-26. (2017)
*THESE AUTHORS CONTRIBUTED EQUALLY TO THE WORK
3. **Kemenesi G**, Földes F, Zana B, Kurucz K, Estók P, Boldogh S, Görföl T, Bányai K, Oldal M, Jakab F: Genetic Characterization of Providence Virus Isolated from Bat Guano in Hungary. *Genome Announcements* 4:e00403-16. (2016)
4. **Kemenesi G**, Gellért Á, Dallos B, Görföl T, Boldogh S, Estók P, Marton Sz, Oldal M, Martella V, Bányai K, Jakab F. Sequencing and molecular modeling identifies candidate members of Caliciviridae family in bats. *Infection Genetics and Evolution* 41: 227-232. (2016)
5. **Kemenesi G**, Dallos B, Görföl T, Estók P, Boldogh S, Kurucz K, Oldal M, Marton Sz, Bányai K, Jakab F. Genetic diversity and recombination within bufaviruses: Detection of a novel strain in Hungarian bats. *Infection Genetics and Evolution* 33: 288-292. (2015)
6. **Kemenesi G**, Zhang D, Marton S, Dallos B, Görföl T, Estók P, Boldogh S, Kurucz K, Oldal M, Kutas A, Bányai K, Jakab F: Genetic characterization of a novel picornavirus detected in *Miniopterus schreibersii* bats. *Journal of General Virology* 96: 815-821. (2015)
7. **Kemenesi G**, Dallos B, Görföl T, Boldogh S, Estók P, Kurucz K, Kutas A, Földes F, Oldal M, Németh V, Martella V, Bányai K, Jakab F. Molecular Survey of RNA Viruses in Hungarian Bats: Discovering Novel Astroviruses, Coronaviruses, and Caliciviruses. *Vector borne and zoonotic diseases* 14:846-855. (2014)
8. **Kemenesi G**, Dallos B, Görföl T, Boldogh S, Estók P, Kurucz K, Oldal M, Németh V, Madai M, Bányai K, Jakab F. Novel European lineages of bat astroviruses identified in Hungary. *Acta virologica* 58: 95-98. (2014)

II. Konferenciaelőadások az értekezés témakörében

1. **Kemenesi G**, Zana B, Kurucz K, Vlaschenko A, Kravchenko K, Budinski I, Szodoray F, Görföl T, Bányai K, Jakab F: High diversity of replication-associated protein encoding circular viruses in guano samples of European bats. International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance (*IMED 2016*), Vienna, Austria November 4-7, 2016 (POSTER)
2. **Kemenesi G.**, Földes F, Urbán P, Zana B, Kurucz K, Vlaschenko A, Kravchenko K, Budinski I, Szodoray-Parádi F, Szodoray-Parádi A, Bücs Sz, Jére Cs, Csósz I, Estók P, Boldogh S, Görföl T, Bányai K, Jakab F. Cirkuláris egyszálú DNS vírusok genetikai variabilitásának vizsgálata európai denevér mintákban. A Magyar Mikrobiológiai Társaság 2016. évi Naggyűlése, Keszthely, október 19-21, 2016. (SEMIPLINARY PRESENTATION)

3. Bányai K*, **Kemenesi G***, Budinski I, Földes F, Zana B, Marton Sz, Varga-Kugler R, Oldal M, Kurucz K, Jakab F. Új rotavirus leírása szerbiai Hosszúszárnyú denevérekben. A Magyar Mikrobiológiai Társaság 2016. évi Naggyűlése, Keszthely, október 19-21, 2016. (ORAL PRESENTATION)
*THESE AUTHORS CONTRIBUTED EQUALLY TO THE WORK
4. **Kemenesi G**, Dallos B, Görföl T, Boldogh S, Estók P, Kutas A, Oldal M, Martella V, Bányai K, Jakab F. Molecular survey of bat-transmitted RNA viruses: Discovering novel astroviruses, coronaviruses and caliciviruses. *International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance (IMED 2014), October 31-November 3., 2014, Vienna, Austria* (POSTER)

Az értekezés témakörén kívül készült publikációk

1. Fehér E, **Kemenesi G**, Oldal M, Kurucz K, Kugler R, Farkas SL, Marton S, Horváth G, Bányai K, Jakab F: Isolation and complete genome characterization of novel reassortant orthoreovirus from common vole (*Microtus arvalis*). *Virus Genes* 53: 307-311. (2017)
2. **Kemenesi G**, Kurucz K, Zana B, Tu VT, Görföl T, Estók P, Földes F, Sztancsik K, Urbán P, Fehér E, Jakab F: Highly divergent cyclo-like virus in a great roundleaf bat (*Hipposideros armiger*), Vietnam. *Archives of Virology* 162: 2403-2407. (2017)
3. Kurucz K, **Kemenesi G**, Zana B, Zeghib S, Oldal M, Jakab F: Ecological preferences of the putative West Nile virus vector *Uranotaenia unguiculata* mosquito with description of an original larval habitat. *NORTH-WESTERN JOURNAL OF ZOOLOGY* e161103 (2017)
4. Mihalov-Kovács E, Martella V, Lanave G, Bodnar L, Fehér E, Marton S, **Kemenesi G**, Jakab F, Bányai K. Genome analysis of canine astroviruses reveals genetic heterogeneity and suggests possible inter-species transmission. *Virus Research* 232: 162-170. (2017)
5. Zana B, **Kemenesi G**, Antal L, Földes F, Oldal M, Bányai K, Jakab F: Molecular traces of a putative novel insect flavivirus from *Anopheles hyrcanus* mosquito species in Hungary. *Acta Virologica* 61: 127-129. (2017)
6. Kurucz K, Kiss V, Zana B, Schmieder V, Kepner A, Jakab F, **Kemenesi G**: Emergence of *Aedes koreicus* (Diptera: Culicidae) in an urban area, Hungary, 2016 *Parasitology Research* 115: 4687-4689. (2016)
7. Zana B, **Kemenesi G**, Herczeg R, Dallos B, Oldal M, Marton Sz, Krtinic B, Gellért Á, Bányai K, Jakab F: Genomic characterization of West Nile virus strains derived from mosquito samples obtained during 2013 Serbian outbreak *Journal of Vector Borne Diseases* 53: 379-383. (2016)
8. Francuski L, Milankov V, Ludoški J, Krtinić B, Lundström JO, **Kemenesi G**, Jakab F. Genetic and phenotypic variation in central and northern European populations of *Aedes* (*Aedimorphus*) *vexans* (Meigen, 1830) (Diptera, Culicidae). *Journal of Vector Ecology* 41: 160-171. (2016)
9. Kurucz K, Kepner A, Krtinic B, Zana B, Földes F, Bányai K, Oldal M, Jakab F, **Kemenesi G**. First molecular identification of *Dirofilaria* spp. (Onchocercidae) in mosquitoes from Serbia. *Parasitology Research* 115: 3257-3260. (2016)
10. László Antal, Brigitta László, Petr Kotlík, Attila Mozsár, István Czeglédi, Miklós Oldal, **Kemenesi G**, Ferenc Jakab, Sándor Alex Nagy: Phylogenetic evidence for a new species of *Barbus* in the Danube River basin. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 96: 187-194. (2016)
11. Damásdi M, Jakab F, Kovács K, Oldal M, **Kemenesi G**, Szabó E, Vályi-Nagy I, Pytel Á, Farkas L, Szántó Á: Prevalence and type diversity of human papillomaviruses in penile cancers in Hungary. *Pathology and Oncology Research* 22: 643-646. (2016)
12. Görföl T, **Kemenesi G**, Jakab F: High diversity of bat-related viruses in Hungary. *Magyar Allatorvosok Lapja* 137: 679-686. (2015)
13. **Kemenesi G**, Kurucz K, Kepner A, Dallos B, Oldal M, Herczeg R, Vajdovics P, Bányai K, Jakab F. Circulation of *Dirofilaria repens*, *Setaria tundra*, and Onchocercidae species in Hungary during the period 2011–2013. *Veterinary Parasitology* 214: 108-113 (2015)

14. Oldal M, Sironen T, Henttonen H, Vapalahti O, Madai M, Horváth G, Dallos B, Kutas A, Földes F, **Kemenesi G**, Németh V, Bányai K, Jakab F. Serologic Survey of Orthopoxvirus Infection Among Rodents in Hungary. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 15: 317-322. (2015)
15. **Kemenesi G**, Dallos B, Oldal M, Kutas A, Földes F, Németh V, Reiter P, Bakonyi T, Bányai K, Jakab F. Putative novel lineage of West Nile virus in *Uranotaenia unguiculata* mosquito, Hungary. *VirusDisease* 25: 500-503. (2014)
16. Oldal M, Németh V, Madai M, Pintér R, **Kemenesi G**, Dallos B, Kutas A, Sebők J, Horváth G, Bányai K, Jakab F. Serosurvey of pathogenic hantaviruses among forestry workers in Hungary. *International Journal of Occupational Medicine and Environmental Health* 27: 766-773 (2014)
17. Szentpáli-Gavallér K, Antal L, Tóth M, **Kemenesi G**, Soltész Z, Dán Á, Erdélyi K, Bányai K, Dán B, Jakab F, Bakonyi T. Monitoring of West Nile Virus in Mosquitoes Between 2011–2012 in Hungary. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 14: 648-655. (2014)
18. Pintér R, Madai M, Horváth G, Németh V, Oldal M, **Kemenesi G**, Dallos B, Bányai K, Jakab F. Molecular Detection and Phylogenetic Analysis of Tick-Borne Encephalitis Virus in Rodents Captured in the Transdanubian Region of Hungary. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 14: 621-624. (2014)
19. **Kemenesi G**, Krtinić B, Milankov V, Kutas A, Dallos B, Oldal M, Somogyi N, Nemeth V, Banyai K, Jakab F. West Nile virus surveillance in mosquitoes, April to October 2013, Vojvodina province, Serbia: Implications for the 2014 season. *Eurosurveillance* 24;19(16):20779 (2014)
20. Oldal M, Németh V, Madai M, **Kemenesi G**, Dallos B, Péterfi Z, Sebők J, Wittmann I, Bányai K, Jakab F. Identification of hantavirus infection by Western blot assay and TaqMan PCR in patients hospitalized with acute kidney injury. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease* 79(2) (2014)
21. Németh V, Oldal M, Madai M, Horváth G, **Kemenesi G**, Dallos B, Bányai K, Jakab F. Molecular characterization of Dobrava and Kurkino genotypes of Dobrava-Belgrade hantavirus detected in Hungary and Northern Croatia. *Virus Genes* 47: 546-549 (2013)
22. Pintér R, Madai M, Vadkerti E, Németh V, Oldal M, **Kemenesi G**, Dallos B, Gyuranecz M, Kiss G, Bányai K, Jakab F. Identification of tick-borne encephalitis virus in ticks collected in southeastern Hungary. *Ticks and Tick-Borne Diseases* 4: 427-431 (2013)

Az értekezés témakörén kívüli konferencia szereplések

1. **Kemenesi G**, Kurucz K, Zana B, Tu Vuong Tan, Görföl T, Estók P, Földes F, Sztancsik K, Jakab F. Highly divergent Cyclo-like virus in a Great roundleaf bat (*Hipposideros armiger*), Vietnam. 8th International Conference on Emerging Zoonoses, Manhattan KS, USA, Május 7-10 2017 (poster)
2. **Kemenesi G**, Kepner A, Kurucz K, Jakab F: Dirofilariosis in Hungary, experiences from mosquito surveillance studies in Hungary and Serbia. 1ST VETERINARY ONCOLOGY AND CLINICAL PATHOLOGY MEETING – VISEGRÁD; 06/2016 (oral presentation)

Tudománymetriai mutatók:

Összesített impakt faktor: 62,155

Független idézetek száma: 145

h-index: 9