

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2023. 72. 1

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



> Novel traits and breeding concerns in sheep, cattle and poultry

> Korszerű polimorfizmus vizsgálatok húshasznú galambokban

> Flow citometriás adatelemző szoftver alkalmazása

> Fermentált folyékony takarmányok szerepe a sertéshizlalásban

> Csökkentett nyersfehérjeszintű, probiotikummal kiegészített takarmányok etetése brojlercsirkével

TARTALOM - CONTENTS

<i>George Wanjala - Putri Kusuma Astuti - Zoltán Bagi - Péter Strausz - Szilvia Kusza: Livestock breeding for welfare, adaptation and sustainability: an overview of the novel traits and breeding concerns in sheep, dairy, beef and poultry (Állattenyésztés az állatjólét, az adaptáció és a fenntarthatóság érdekében: a juh-, a tejelő- és húsmarha, valamint a baromfi ágazat új jellemzőinek és tenyésztési vonatkozásainak áttekintése)</i>	<i>1</i>
<i>Kovács Barnabás Mihály - Nagy Szabolcs Tamás: Flow-CASA: motilitási paraméterek gyors, automatizált klaszteranalízise flow citometriás adatelemző szoftver alkalmazásával (Flow-CASA: fast, automated cluster analysis of motility parameters using a flow cytometric data analysis software).....</i>	<i>22</i>
<i>Strifler Patrik - Horváth Boglárka - Bencze-Nagy Jennifer - Such Nikoletta - Csitári Gábor - Dublicz Károly - Pál László: Csökkentett nyersfehérjesszintű, probiotikummal kiegészített takarmányok hatásai brojlercsirkék termelési eredményeire és bélegészségügyi jellemzőire (Effects of low protein diets and probiotic supplementation on the performance and gut health of broiler chickens)</i>	<i>29</i>
<i>Sipos Bórkora - Balog Katalin - Kusza Szilvia - Bagi Zoltán: Korszerű polimorfizmus vizsgálatok áttekintése a húshasznú galambok termelési mutatóinak vizsgálatára és értékelésére (Overview of modern polymorphism studies for the examination and evaluation of production indicators of squab pigeons)</i>	<i>48</i>
<i>Alpár Botond - Tóth Tamás - Varga László: Fermentált folyékony takarmányok előállítási technológiai és etetésük előnyei a sertéshizlalásban - Mini szemleciikk (Fermented liquid feeds: manufacturing technologies and benefits of use in pig fattening - Mini-review)</i>	<i>68</i>
2022-ben sikeresen megvédett MTA doktori értekezés összefoglalója - Summary of DSc dissertation in the year of 2022	86
2022-ben sikeresen megvédett PhD disszertációk összefoglalói - Summaries of PhD dissertations in the year of 2022	89

Címlap kép (Frontpage photograph)

Húsgalambok (Fotó: Dr. Bagi Zoltán)

Squab pigeons (Photo: Zoltán Bagi Dr.)

LIVESTOCK BREEDING FOR WELFARE, ADAPTATION AND SUSTAINABILITY: AN OVERVIEW OF THE NOVEL TRAITS AND BREEDING CONCERNS IN SHEEP, DAIRY, BEEF AND POULTRY

GEORGE WANJALA – PUTRI KUSUMA ASTUTI – ZOLTÁN BAGI – PÉTER STRAUZS – SZILVIA KUSZA

SUMMARY

The principal goal of an animal breeder is to produce the next generation of progeny that has superior performance than the average of the parent population. Previously, genetic selection for traits to be improved emphasized functional traits of economic value. However, little attention was given to sustainability principles or breeding for sustainability (environmental sustainability, animal welfare, and consumer preferences). Thus, the current concerns on principles of sustainability have necessitated breeders to incorporate novel traits into the breeding program. Most of these novel traits have low heritability, and in some cases, they correlate with traits that compromise with the principle of breeding for sustainability. Therefore, using breeding techniques provides an opportunity for enhanced genetic gain in traits of interest as well as difficult to measure traits. This literature review provides an overview of sustainable animal breeding, strategies, and the current concerns by discussing market trends of livestock products, new considerations and traits for sustainable animal breeding or novel traits, new techniques in animal breeding, and genetic diversity in domestic animals focusing on selected animals including sheep, dairy, beef, and chicken breeding. Understanding animal breeding trends, the potential market structure for animal products, new technologies in animal breeding, and consumer concerns help in developing a sustainable farm animal breeding program to meet an ever-increasing food security demand.

ÖSSZEFOGLALÁS

Wanjala, G. – Astuti, P. K. – Bagi, Z. – Strausz, P. – Kusza, Sz.: ÁLLATTENYÉSZTÉS AZ ÁLLATJÓLÉT, AZ ADAPTÁCIÓ ÉS A FENNTARTHATÓSÁG ÉRDEKÉBEN: A JUH-, A TEJELŐ- ÉS HÚSMARHA, VALAMINT A BAROMFI ÁGAZAT ÚJ JELLEMZŐINEK ÉS TENYÉSZTÉSI VONATKOZÁSAINAK ÁTTEKINTÉSE

Az állattenyésztő fő célja, hogy a szülőpopuláció átlagánál jobb teljesítményű utódnemzedéket hozzon létre. Korábban a javítandó tulajdonságok genetikai szelekciója a gazdasági értékű funkcionális tulajdonságokat állította középpontba, és kevés figyelmet fordított a fenntarthatóság elveire (környezeti fenntarthatóság, állatjólét és fogyasztói preferenciák). A fenntarthatóság elveivel kapcsolatos jelenlegi aggályok azonban szükségessé teszik, hogy a tenyésztők új tulajdonságokat építsenek be a tenyésztési programokba. Az új tulajdonságok többsége alacsony örökölhetőséggel rendelkezik, és bizonyos esetekben olyan tulajdonságokkal korrelál, amelyek veszélyeztetik a fenntartható tenyésztés elvét. A korszerű tenyésztést támogató technológiák alkalmazása azonban lehetőséget ad az érdeklődésre számot tartó tulajdonságok esetében fokozottabb genetikai előrehaladásra, akár a nehezen mérhető tulajdonságok esetében is. Ez a szakirodalmi áttekintés a fenntartható állattenyésztésről, stratégiákról, az állattenyésztési termékek piaci trendjeivel kapcsolatos jelenlegi aggályokkal, valamint a fenntartható állattenyésztés új szempontjaival és jellemzőivel, továbbá az új tulajdonságokkal, az új állattenyésztési technológiákkal és a genetikai sokféleséggel foglalkozik, különös tekintettel a juh-, tejhasznú- és húsmarha, valamint a baromfi ágazatokra. Az állattenyésztési trendek, az állati termékek potenciális piaci szerkezetének, az új állattenyésztési technológiák és a velük kapcsolatos fogyasztói aggodalmak megértése segít egy fenntartható haszonállat-tenyésztési program kidolgozásában, amely megfelel az egyre növekvő élelmezés-biztonsági igényeknek is.

INTRODUCTION

Animal breeding involves selecting and mating genetically superior animals as parents of future generations. To do so, a breeding program is developed, clearly defining the traits of interest and a definite goal to be achieved. Nowadays, goals and selection objectives are set considering the customer's preference since breeding, in general, is a commercial activity. Previously, traits to be improved had to meet certain criteria including and not limited to 1) their economic value, 2) the existence of phenotypic and genetic variance, 3) they must be heritable, 4) they must be recordable 5) if possible, they correlate with other economically important traits (Miglior et al., 2017).

The economic value has been a driving force for selection (Miglior et al., 2017). Candidate traits were considered for selection if they are marketable and can improve the value of the current trait and/or if its improvement resulted in reduced production cost, e.g., in dairy (Schmidtmann et al., 2021), sheep (Medrado et al., 2021) and poultry (Fathi et al., 2021). Emphasis on economic traits, which were highly correlated with higher productivity and/ or high yield, led to the compromise of overall fitness traits and other non-additive traits (Alves et al., 2020).

The efficiency of selection depends on the amount of genetic and phenotypic variation of that trait in the population (Guinguina, 2020; Noguees et al., 2020). The rate of genetic gain from generation to generation depends on *inter alia* heritability of the trait (Wolc et al., 2021). Heritability is defined as the proportion of the phenotypic variation that is attributable to the genetic influence as opposed to environmental influence (Visscher et al., 2008). Performance recording (Chagunda et al., 2006) has played a key role in the success of animal breeding, and thus recordability of the trait has been vital. In some instances, a high correlation between easy-to-measure and difficult-to-measure traits has been observed (Miglior et al., 2017), easing selection for difficult to measure traits by use of indicative traits. And thus it is worth stating that continuous and success in performance recording provided more opportunities in identification of important traits and their relationship for genetic evaluation (Miglior et al., 2017).

Several criteria were used to implement genetic selection; multiple traits, independent culling, and sequential selection indices (Hazel et al., 1994). The multiple trait index has been pivotal and widely used in the selection of multiple traits simultaneously (Hazel et al., 1994).

Even in cases of success in performance recording and selection in animal breeding, data generated have been marred with inaccuracies and a slow rate of genetic gain. To improve the rate of genetic gain, several techniques have been used, most important and extensively used are assisted reproductive techniques (ART) and genomic assisted selection (discussed later).

Continuous selection for functional traits of economic value led to an overall performance improvement in animal breeding. However, some improvements were associated with a compromised natural state and integrity of the animal, raising a welfare concern. Moreover, environmental sustainability has also become a global concern globally, especially the role of livestock industry in the contribution of greenhouse gas emissions e.g., methane. In response, breeders are now obligated to include traits associated with animal welfare, as well as product quality

in the breeding program and selection index while considering the impact of the selected traits on the environment.

Therefore, this paper will briefly discuss farm animal breeding for sustainability and where necessary suggests materials for further reading. Issues discussed in the present paper include market trends of animal products, new considerations and traits for sustainable breeding, new techniques in animal breeding, genetic diversity in domestic animals, and animal welfare issue in animal breeding.

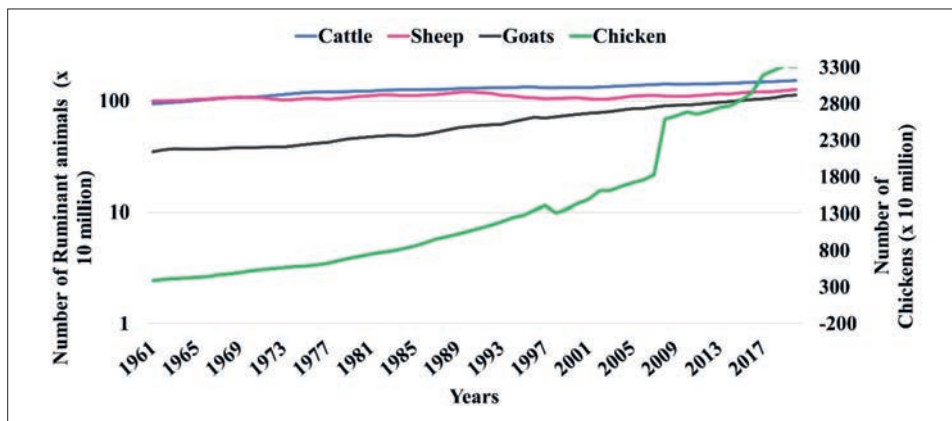
DISCUSSION

Market trends of animal products Livestock population and their trend

According to *Faostat* (2021), there has been a registered increase in global livestock populations from 1960 to 2018 suggesting a sustained increased demand for livestock products. Figure one shows the population growth of selected livestock species from 1960 to 2018.

To reach 852 metric tons (Mt), global milk output increased by 1.3% in 2019 compared to 2018. However increased production did not significantly impact milk trade as India trades only marginal quantities of milk and dairy products. The major milk-producing countries EU, New Zealand, and the United States, registered only a slight increase in 2019 (*OECD-FAO*, 2020). World milk production volumes are projected to grow by 1.6% to 997 Mt by 2029. Moreover, the cowherd is also projected to increase by 0.8%. Over the same period, milk volumes from developing countries are projected to increase more than in developed countries, with India and Pakistan being the main contributors by 30% (*OECD-FAO*, 2020).

Figure 1. A population trend for cattle, chickens, goats, and sheep from 1960 to 2018 (*faostat.fao.org*)



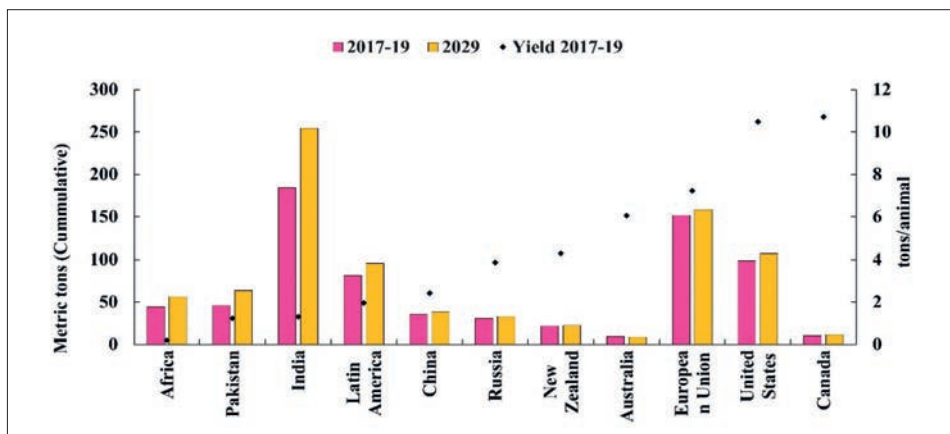
1. ábra A szarvasmarha, házityúk, kecske és juh populációs trendje 1960 és 2018 között (*faostat.fao.org*.)

kérdő állatok száma (x 10 millió) (1); évek (2); házityúkok száma (x 10 millió) (3); szarvasmarha (4); juh (5); kecske (6); házityúk (7)

Milk production of the three major dairy exporters, New Zealand, the European Union, and the United States, increased only slightly. As domestic consumption of dairy products in these three countries is stable, the availability of fresh dairy and processed products for export increased. In the People's Republic of China, the world's largest importer of dairy products, milk production increased by 3.6% in 2019. Her dairy imports, especially whole milk powder (WMP) and skim milk powder (SMP), nevertheless increased in 2019 due to increasing demand. *Figure 2* shows milk production yields and projected in selected countries (*OECD-FAO, 2020*). Although the chicken trend population remained lower than other species shown in *Figure 1*, *OECD (2020)* reported that poultry remained the fastest growing sector globally.

The outbreak of the African swine fever (ASF) in China caused a decrease in world meat production to 325 Mt in 2019, although there was a registered increase in production volumes of other meats. An increase in productivity was the main factor for the increase in meat production in many countries where meat production increased (*OECD-FAO, 2020*). The European Union (EU) production of all meat categories is projected to increase. Furthermore, meat exports increased globally by 4% from 2018 to 2019 which is attributed to increased imports by China due to ASF-related losses. For instance, the import of meat increased by 62% in China in 2019. On the other hand, exports also increased especially in Argentina, Canada, the EU, the US, and Thailand. It is also projected that meat consumption growth will increase by 12% by 2029 (*OECD-FAO, 2020*).

Figure 2. Milk production and projected yield in selected countries (*OECD-FAO, 2020*)



2. ábra Tejtermelés és várható hozam a kiválasztott országokban (*OECD-FAO, 2020*)

hozam 2017-2019 (1); metrikus tonna (halmozott) (2); tonna/állat (3); Afrika (4); Pakisztán (5); India (6); Latin-Amerika (7); Kína (8); Oroszország (9); Új-Zéland (10); Ausztrália (11); Európai Unió (12); Amerikai Egyesült Államok (13); Kanada (14)

Livestock breeding for welfare and environmental sustainability
Sheep breeding for sustainability

Sheep and goats are thought to be hardy and adapted to the environment they are produced in. A larger percentage of these species is produced under an extensive system where selection is seldom made for meat-producing breeds. However, for specialized meat, milk, and wool-producing breeds, several selection criteria are applied. But, it is more profitable to combine traits in one selection index to produce a multi-product breed (*Galal, 1986*). Under multi-product selection, traits for meat and wool, or meat and milk are considered in a breeding program besides adaptation and other traits of economic importance. The most important traits in sheep selection are traits associated with the economics of production efficiency for the product and/or products under consideration (*Bradford and Meyer, 1986*) and thus the necessity of including the following traits in a breeding program.

Reproductive traits

Reproductive traits in sheep have a vital economic value in sheep breeding. They include fertility, fecundity, and prolificacy. Fertility in simple terms is the number of lambing per year, prolificacy defines the litter size determined by ovulation rate whereas fecundity is the number of lambs produced per year (*Abdoli et al., 2016*). According to *Snowder (2002)*, it is advisable to improve meat production by increasing the biological and economic value of sheep breeds. In so doing, selection for improved reproductive efficiency was suggested. However, the heritability of reproductive traits is estimated to range between low and medium (*Rao, 1997; Abdoli et al., 2016*). Another hindrance facing genetic progress in reproductive efficiency in sheep breeding is the fact that this trait is affected by many genes and a mutation on a major gene. Luckily, the possibility of utilizing genomic tools in selection provides an opportunity of increasing the accuracy of selecting for reproductive efficiency.

Growth and meat traits

Growth and meat traits are also crucial in the economic viability of a sheep breeder. The increasing economic value of mutton relative to wool has further enhanced the desire for improved meat traits (*Rao, 1997*). Some of the growth traits include pre-slaughter weight, dressing weight, growth rate post-lambing to weaning and post-weaning to slaughter, and mature weight (*Jafari et al., 2012*) while meat traits include dressing weight percentage, carcass tissue depth at GR site, fat depth at C site, eye muscle depth, width, muscles pH among others (*Corazzin et al., 2019*).

Disease resistance

The pressure to develop sustainable production systems and low cost of production inspires breeders to select for disease resistance. Of importance is the emergence and development of zoonotic diseases and pathogen resistance to

drugs or vaccines (Raadsma et al., 1998; Bishop et al., 2002; Bishop and Morris, 2007). Furthermore, antibiotic resistance is also an issue of concern, and therefore production with a minimum requirement for veterinary attention is necessary. It is also worth noting that, one of the challenges brought forth by climate change is the emergence of new diseases, pests, and parasites. So, selection for disease resistance provides an opportunity for mitigating future epidemiological risks.

Dairy cattle breeding for sustainability

Intensive selection for productive, economically viable, and highly heritable traits has been reported to correlate with some negative traits that compromise animal welfare, health, and environmental sustainability. To address these, breeders now include novel traits in the breeding program or selection index emphasizing environmental sustainability, animal welfare, and economic efficiency (Miglior et al., 2017). Among other traits, feed efficiency, methane emission, heat stress, hoof health, immune response, milk composition, and reproductive traits are used to calculate the selection index in dairy.

Feed efficiency

Depending on the locality and availability of animal feeds, especially fiber, feed constitutes a major proportion of total dairy production cost. Feed efficiency can be described as a change in the unit of output per unit change in the animal's energy intake. The output unit is measured in terms of the amount of milk, protein, and fat content, and/or net income (Korver, 1988; Miglior et al., 2017; Guinguina, 2020). Increased feed efficiency is relevant and vital since animals with higher feed efficiency will have high returns at a lower cost of production with fewer traces of environmental degradability or ecological footprints (Guinguina, 2020). Energy efficiencies differ between breeds, hence the importance of selection to improve this trait (Korver, 1988).

Methane emission

Climate change is a global challenge that poses the greatest threat to the existence of humanity. Several factors contribute to the rate at which climate is changing and the possible severity of its impact on humanity. Greenhouse gas emission has been identified as the greatest cause of global warming. Among other emitters, the livestock sector has been listed as one of the major contributors to greenhouse gas specifically methane emission. And of significance is the dairy sector. Genetic selection has been proposed to mitigate enteric methane emissions by the dairy herd. Several studies reported genetic variability of this trait among individuals in the dairy population and a possibility of inclusion of methane emission in the breeding goal as well as selection index (Zhang et al., 2019; González-Recio et al., 2020; Richardson et al., 2021). Recently, studies reported a correlation between certain phenotypes with methane emission. For example phenotypes like feed intake, milk spectral data, and rumen microbial communities have been extensively reviewed by de Haas et al. (2017). The authors further infer

that some traits associated with low methane emission are costly and difficult to evaluate. Luckily, with the advent of genomic selection, it has been made easier for genetic evaluation as well as selection. Similar thoughts are also addressed in a literature review by *Hayes et al.* (2013) in which the authors discussed how whole genome sequencing would accelerate the selection of difficult to measure traits.

Heat stress

As discussed previously, climate change comes with several impacts that threaten the existence of humans and other organisms on the earth. One of the greatest challenges caused by climate change is heat stress. It is predicted that global warming will continue and that the average global temperature increase is projected to be 2°C (*Molina and Abadal, 2021*). Increased greenhouse gas emissions such as methane as discussed in the preceding section, are among the contributors to increased global warming (*Hayes et al., 2013*). Heat stress directly impacts cattle productivity, animal welfare, and cattle immunity (*Dahl et al., 2020*). Recently *Sammad et al.* (2020) proposed artificial cooling to mitigate the impact of heat stress on the reproduction of dairy herds notwithstanding the costs associated. Several studies have averred selection possibilities for heat stress resilience because of the existing genetic component (*Ravagnolo et al., 2000*). For example, a model of genetic evaluation of growth heat tolerance in the Angus breed was developed by *Bradford et al.* (2016). Quantitative and population geneticists are in concurrence that indigenous cattle breeds despite having a low productive potential harbor the genetic potential for heat stress resistance (*Mwai et al., 2015*). Selection for heat stress tolerance has been facilitated by the genomic revolution (*Bagnato and Rosati, 2012*). And thus many studies have embraced genomic markers to unravel genomic regions underpinning adaptations and heat tolerance (*Hayes et al., 2013; Ponsart et al., 2014; Nguyen et al., 2016*).

Breeding for heat stress tolerance will provide an opportunity for improved animal welfare and feed efficiency hence reducing methane emission and production costs thereby increasing net income from dairy while at the same time ensuring a sustainable supply of animal proteins in the future under the climate change and global human population increase scenarios.

Hoof health

Body conformation is a vital trait in dairy and its preference and emphasis in dairy farms are high e.g. in the United Kingdom (*Leach et al., 2010*). Lameness in dairy cattle negatively affects milk yield, reproductive efficiency, longevity, and increases the cost of production (*Ring et al., 2018*). Moreso, lameness has recently become an animal welfare concern that affects consumer perspective toward agriculture (*Ring et al., 2018*). Although lameness is caused by several non-genetic factors including management practices, conformation, diet, hygiene and housing system among others, the genetic influence cannot be underestimated (*Bergsten, 2001*). According to *Ring et al.* (2018), the efficiency of selection against lameness can be done by the use of phenotypic indicators like hoof health, hoof lesions, and morphological conformation score. The same authors still assert that

the heritability of lameness-related traits like hoof types and lesions is very low and thus improvement of the trait by farmer recorded traits could be hampered. For instance, a study comparing the heritability of infectious hoof lesions under pedigree-based and genomic single-step analysis suggested a heritability of 0.08 (± 0.05) for pedigree-based as compared to 0.12 (± 0.08) for genomic-based in United State Holstein Friesian cattle. Despite low heritability, selection against lameness indicators is possible and breeders must adhere to welfare concerns.

Immunity response trait

Climate change is linked with the emergence of new diseases and the enhanced pathogenicity of pathogens. These diseases may enhance the immune suppression associated with heat stress (Bagath et al., 2019). In dairy cattle breeding, selection for enhanced immunity is intended to improve the health status of the herd. Frequent occurrence of diseases on the farm increases losses and a higher likelihood of using drugs for treatment, consequently resulting in traces of drug elements in milk e.g., antibiotics (Kurjogi et al., 2019). In cattle and other species, the use of antibody-mediated and cell-mediated immune response as an adaptive indicator has demonstrated that individuals can be identified based on low or high immune response profiles (Dahl et al., 2020). Furthermore, the heritability of immune response in dairy cattle is estimated to be between low and average implying the possible slow genetic gain through generations (Berry et al., 2019) but can be enhanced by embracing genomic selection.

Beef cattle breeding for sustainability

Although the literature on the novel traits for selection in beef is scanty, the available suggest welfare-related traits as being favored during selection. However, because most beef production is done under an extensive production system, welfare issues are well addressed. Nevertheless, the industry must meet the commercial value of the investors and the consumer expectations. Some of the traits in consideration for selection in beef cattle breeding correspond to those in dairy, as discussed above, besides, traditional traits that have been under selection over a long period. However, the main consumer preferences driving beef breeding are discussed below.

Carcass and meat traits

In this context, meat quality involves both intrinsic and extrinsic considerations that occasionally are shaped to make the product more desirable and acceptable to consumers (Font-i-Furnols and Guerrero, 2014). And since consumers are the ultimate target in any commercial venture, the industry is obliged to satisfy their wishes and maintain a viable business as well. For example, a recent study by Liu et al. (2020) revealed that beef flavor likeness and tenderness were the most favored sensory traits explaining the progress in meat tenderness over time.

While carcasses and meat quality are influenced by both genetic and non-genetic factors, this paper will dwell on the genetically influenced characteristics. Carcass

traits can only be recorded after the animal has been slaughtered. In this case, genetic gain for such traits is slow as it takes longer for the animal to reach the right age for trait recording to be done. Among the carcass traits currently included in the beef selection index are longissimus muscle area, backfat thickness, and rump thickness (*Brito Lopes et al.*, 2016).

Due to the advancement of technology, it is now possible to perform the genetic evaluation for beef carcass traits. For example, literature has suggested that ultrasound can be used to select sire within the breed to increase marbling score or tenderness (*Bertrand et al.*, 2001).

Longevity

This is another trait in beef farming with a high economic value (*Rogers et al.*, 2004). The longer the female cow remains productive in the beef herd, the more profitable it is for the farmer. This reduces the cost of replacement as well as the cost associated with challenges befalling the first calvers like difficulty in calving, low birth and winning weights, etc. However, the late expression of longevity in the life of a female beef cattle hampers its genetic evaluation. For instance, it will take a considerable amount of time for the sire to be selected for longevity after all his daughters under the progeny testing program are culled (*Rogers et al.*, 2004). This is costly and time-consuming. Unlike other difficult-to-measure traits that could be selected for using other indicators, longevity is a stand-alone trait. Another setback for quick genetic progress is its low heritability (*Rogers et al.*, 2004; *Forabosco et al.*, 2006). This makes it difficult to do early selection to get fast genetic improvement. Mathematical and statistical modeling methods have been used to evaluate longevity for sires' genetic evaluation. Most commonly used are the survival analysis technique (*Rogers et al.*, 2004; *Forabosco et al.*, 2006), and the linear model (*Forabosco et al.*, 2006). However, with the advent of genomics-assisted selection, it is now possible to select for this trait early in life (*Hamidi Hay and Roberts*, 2017).

Temperament

There is also increased concern about the handle-ability of beef cattle now that most of the beef cattle production system is extensive. In general, the interaction between beef cattle and human beings is rare. This means that beef cattle do not get used to being handled by herders in their productive life unless handled during veterinary attention. It is hypothesized that; animals may become violent and temperamental during handling when the need arises. It is, therefore, necessary to select for ease to handle cattle.

Temperament is scored from docility to aggressiveness toward humans (*Hoppe et al.*, 2010). Other scores like flight time (*Kadel et al.*, 2006; *Piovezan et al.*, 2013) have been suggested to be important in beef cattle. Flight time is described as the time taken by the animals to cross a distance of 2 m after the weighing scale (*Piovezan et al.*, 2013). Genetic evaluation has suggested a medium heritability ranging between 0.2 to 0.4 (*Haskell et al.*, 2014). More details on the genetic selection for temperament traits have been extensively reviewed by *Haskell et al.* (2014).

New traits in poultry selection

The demand for high-quality proteins, white meat, environmental sustainability, consumer health, and welfare are increasing globally. Also, there is an increase in the consumption of chicken products, meat, and eggs (OECD-FAO, 2020). This new development has exerted pressure on the need to improve the genetic makeup of the poultry sector, from high producing genotypes to improved efficiency in feed utilization. In order to improve economic performance in laying chicken, breeders will need to incorporate several traits in the selection index including disease resistance, pre and post molt performance, the persistence of lay, temperament, percent of solid and lipids in the eggs, egg inclusions (blood and meat spots), albumen height, shell strength, shell color, feed conversion, residual feed consumption, body weight, egg weight, livability in the growing and laying house and age at first laying (Arthur and Albers, 2003; Parmar et al., 2006; Fulton, 2012).

Similarly, in broiler chicken breeding, the number of days from hatch to slaughter and feed efficiency are among the vital traits in consideration as this reduces the feed required to raise the birds. In addition, breeding for welfare is vital in this sector, examples of welfare-related traits include leg disorders, cardiovascular diseases, and the high mortality rate of chicks (Dawkins and Layton, 2012; Siegel et al., 2019).

New techniques in animal genetics improvements

Since the agrarian revolution, genetic selection has played a key role in improving animal genetic potential. However, in some species and traits as well, the efficiency of genetic selection and gain has been set back by inaccuracy in performance recording, low heritability, inbreeding, long generation interval, and high cost of recording some traits which need progeny testing as well as the sacrifice of animals before some traits are recorded.

At present, improved technology has hastened the recording and selection processes. Here some technologies used in animal breeding are discussed.

Assisted Reproductive Techniques (ART)

The increased demand for animal proteins resulting from increased human population and improved social status in developing countries has necessitated innovations in the field of animal breeding. The use of biotechnology has become vital in the quest for enhanced genetic gain between generations. Furthermore, the conservation of genes for future use has also been made possible by biotechnology. Moreover, gene transfer has also been eased, however, this has contributed to the global loss of genetic diversity within species. Some of the ART techniques commonly used are discussed below. As fate would have it, not all technologies, no matter how useful they are, will be without their drawbacks. One ART treatment that has been linked to serious side effects is the in vitro fertilization. Urrego et al. (2014) and Rivera (2020) have comprehensively reviewed the negative effects of ART.

Artificial insemination

Artificial insemination (AI) involves a manual collection of semen from males and transferring it to the female reproductive system (Webb, 1992). This technology is widely and successfully applied in cattle breeding especially dairy (Robertson and Rendel, 1950). Other species like sheep (Cognie, 1990), poultry (Getachew, 2016), goats (Williams et al., 1998), and many others, are nowadays being bred by artificial insemination. The use of artificial insemination opened a window for successful use of other reproductive-assisted techniques like synchronization, embryo transfer, multiple ovulations, cloning, sexing of semen and embryo, oocyte or embryo cryopreservation, and in-vitro fertilization (Verma et al., 2012). Artificial insemination is particularly vital in genetic improvement from the elite male animal. For more information on AI see (Anderson, 1945; Foote, 2010; Ombelet & Van Robays, 2015) author:{{"dropping-particle":"","family":"Ombelet","given":"W","non-dropping-particle":"","parse-names":false,"suffix":""},"dropping-particle":"","family":"Robays","given":"J","non-dropping-particle":"Van","parse-names":false,"suffix":""},"container-title":"Facts, views & vision in ObGyn","id":"ITEM-3","issue":"2","issued":{"date-parts":[["2015"]]},"language":"eng","page":"137-143","title":"Artificial insemination history: hurdles and milestones.","type":"article-journal","volume":"7","uris":["http://www.mendeley.com/documents/?uuid=229aaf1f-d05f-440e-85d4-7154b8d4d8d4"]},"mendeley":{"formattedCitation":"(Anderson, 1945; Foote, 2010; Ombelet & Van Robays, 2015 and on statistics of AI see (Thibier and Wagner, 2002).

Sperm sexing

Breeders always desire to have certain gender of offspring of the species they are breeding. In the process of sperm sexing, X and Y sperms are effectively sorted, therefore breeders can breed for the preferred gender. This process has been widely used in the dairy sector. Less documentation for other species is available. Generally, the whole process of sperm sorting could result in low sperm viability and needs a lot of care. For more information on the use of sexed semen, see (Seidel Jr, 2007). We shall make a specific mention of poultry sperm sorting in this section. Similar to mammals, in birds, females are heterogametic (ZW) and males are homogametic (ZZ). So, although it's uncommon, it is conceivable to sort sperm in chickens by swiftly isolating, visually classifying, pooling, and storing the gonads by sex. After being sexed and refrigerated, the components are thawed, separated, and then injected into sterile chicken embryos. You may read more about sperm sexing in poultry here (Ballantyne et al., 2021; Hu et al., 2022).

Multiple ovulation and embryo transfer (MOET)

Although not new, this technology is currently gaining popularity due to its importance in breed improvement from the maternal line. It is commonly used in sheep and cattle breeding. The technique remains expensive due to the required skills expertise and infrastructure, but economically viable at the selection breeding level, where breeding is done for commercial purposes (Smith, 1988). "In the recent past, the recovery of embryos required anesthesia-induced surgical

operations, which had several adverse effects, including endangering the health of the animals. *Fonseca et al.* (2016) went into a detailed discussion about the advantages and disadvantages of recovering embryos surgically as well as non-surgically from small ruminants. The use of embryo transfer in cattle has not been generally accepted; certain breeders, as reported by *Vázquez-Mosquera et al.* (2022), have widely accepted the technology while others indicated a preference against the technology, as recorded by *Clasen et al.* (2021).

Marker-assisted selection (MAS)

Marker-assisted selection uses genomic information in addition to phenotypic information to improve selection response in animal breeding (*Haley and Visscher, 1998*). Traditionally, animal breeding involved selection for functional traits influenced by a genomic region with multiple loci that contribute to the variation of the phenotype within the population. The genomic region is referred to as quantitative trait loci (QTL) (*Soller, 1994*). The use of molecular markers has provided an opportunity to build genetic linkage maps (Linkage disequilibrium), physical maps of candidate genes, and comparative maps of different farm animals (*Wakchaure et al., 2015*). Furthermore, the genomic revolution i.e., ease access to genomic information of many species, low cost of genotyping and/or genome scan, made marker-assisted selection easy. Genomic selection refers to the process of estimating breeding value and subsequent selection by using variants from the whole genome scan. Genomic selection slightly differs from MAS in that the former uses all relevant variations throughout the genome, whereas the latter uses a specific genomic region (QTL). Important markers include microsatellites, single nucleotide polymorphism (SNP), restricted fragment length polymorphism (RFLP) among others. SNPs are widely preferred because their abundance and denser nature provide more information than other markers (*Wakchaure et al., 2015*). And since most of the economically valuable phenotypes are controlled by multiple genes with an environmental influence, the main goal would be mapping out and characterizing genes that determine the QTL. Candidate gene association studies and whole-genome scans (Genotype or sequencing) are two major methodologies of identifying QTL (*Soller, 1994; Haley and Visscher, 1998; Williams, 2005; Wakchaure et al., 2015*). Genomic-assisted selection has also been embraced in current breeding strategies. By applying whole-genome sequencing, breeders use bioinformatics tools to map out genes underpinning traits of interest. The procedure is very useful for difficult-to-measure traits like traits for adaptation. Once outlier putative genomic regions are detected, a gene-phenotype association study is conducted mainly referred to as a genome-wide association study (GWAS) e.g. (*Smolucha et al., 2021; Stegemiller et al., 2021; Tao et al., 2021*) to infer the role of identified genes on the associated phenotype. Gene annotation and pathway analysis could be necessary to better understand the physiological functions of these genes.

Genetic engineering

Genetic engineering refers to the manipulation of an organism's genome by the introduction or deletion of hereditary material. In other words, the process is referred to as genome editing. New heritable material is formed by using recombinant nucleic acid (DNA or RNA) and then incorporated into the genome either directly through micro-injection, macro-injection, or micro-encapsulation and or indirectly through a vector (*Montaldo, 2006*). The author also enumerates some of the applications of genetic engineering in animal breeding including the production of transgenic animals that are resistant to diseases, production of high-yielding animals, the technique is also used in vaccine production. To learn more about this technology see *Montaldo (2006)*.

Currently, genome editing tools that are commonly used include zinc-finger nucleases (SFNs), transcription activator-like effector nucleases (TALENs), and cluster regularly interspace short palindromic repeats/associated nucleases Cas9 (CRISPR/Cas9) (*Ruan et al., 2017*). CRISPR is widely used due to its ease to use, robustness, efficiency, and cost-effectiveness. More details on genome editing have been discussed by *Ruan et al. (2017)*.

Welfare concerns in animal breeding

Animal welfare has become a topic of concern in the current socio-economy. Consumers perceive that animal welfare compliance is strongly correlated with human health consequences due to the impact the production process has on the environment (*Goldberg, 2016*). Animal welfare is defined differently by different animal welfare promoters, however, definitions have been widely involve in the ability of the animals to display their natural behavior, subjective experience, and biological functioning (*Dwyer and Lawrence, 2008*).

Previously, animal breeding was driven by the desires of the breeders and producers themselves, breeders made the selection to satisfy producers' demands, this trend disregarded consumers' preferences. For instance, in the US, there was a contest between breeding dairy cattle that produce more milk against breeding good looking cattle that produce milk. Farmers demanded good-looking cattle that produce milk, and hence selection for body conformation (*Miglior et al., 2017*). This trend now has changed, and consumer preferences are being considered in breeding programs. The concept of "breeding for sustainability" (*Gamborg and Sandøe, 2005*) has taken control of animal breeding. Furthermore, the use of some techniques has also raised concerns and some of the welfare concerns are discussed below.

In dairy, breeding for high-yielding cows is associated with a declined reproductive efficiency. To improve the reproduction ability of the cow, a breeder/farmer will need to artificially manipulate ovulation by the use of hormones, which is against the ethics and welfare standards (*Farstad, 2018*).

In beef breeding, the cardinal objective of selection is to increase the growth rate. By so doing, some breeds might develop traits that compromise the animal welfare standards especially when associated with compromised health. A typical example is the Belgium blue breed with the double muscling trait, a mutation on the

myostatin gene. This breed is highly associated with dystocia, higher numbers of cesarean sections, problems with deformation of jaws, and over enlarged tongue which affects the calf's ability to suckle. Other negative traits associated with this breed are respiratory and heart problems as well as reproductive efficiency (Farstad, 2018). So artificial insemination using semen from this breed is discouraged.

Cloning also has raised some concerns. It is reported that compared to success rates obtained in vivo after insemination and embryo transfers, the cloning success rate is lower. Besides, a significant proportion of successful implantation that survives to term develop disorders like oversized organs, increased or decreased overall growth, respiratory failures, and limb malformations (Farstad, 2018). In general, the enlarged abnormal phenotypes are referred to as large offspring syndrome (Young et al., 1998; Farstad, 2018).

The welfare concern in chicken breeding is also on the rise. For instance, breeders believe that featherless broiler birds are resource-efficient, however, others view chicken having feathers as their natural characteristic and therefore breeding featherless chickens lowers the integrity of the breed. Further, in layer chicken breeding, cockerels are viewed as by-products and they are slaughtered prematurely which lowers the intrinsic value of chicken (Farstad, 2018).

Genetic diversity in domestic animals

Selection in animal breeding is expected to maintain adequate genetic diversity within the breeds and among breeds. By so doing, production needs tend to adhere to environmental requirements (Notter, 1999). Further genetic improvement within the breed is also sustained and high productivity under the changing environmental conditions is assured. However, under intensive selection where few males are used for breeding e.g. in dairy cattle and in poultry where distinct lines are used for breeding large populations, genetic diversity is compromised (Notter, 1999). However, in some cases, breeders have opted to crossbreed to take advantage of the potential of hybrid vigor (heterosis).

Heterosis in animal breeding

Heterosis or hybrid vigor is attained when offspring are crossbred or are from parents of different genetic lines. These offsprings then perform better than the average performance of both parents (Wakchaure et al., 2015). The phenotypes that are mostly targeted for hybrid vigor include growth rate, disease resistance, higher productivity. Heterosis is caused by non-additive gene interaction (Overdominance, epistasis, and dominance), and traits with low heritability exhibit the greatest heterosis and it is least in traits with high heritability (Wakchaure et al., 2015). An example of traits with low heritability is reproductive traits. It is important to note that additive gene action does not result in heterosis (Wakchaure et al., 2015). Heterosis has been used widely in sheep breeding to improve reproductive traits, and in other animals as well. For example, many breeds have been crossbred with Booroola Merino breed to take advantage of fecB genes that influence multiple ovulations. For instance, recently a new multiparous mutton sheep breed called Huang-huai sheep was developed in China, resulting from a crossbreed

between Dorper sheep as a sire and Small-tailed Han sheep as a dam (Quan *et al.*, 2021). In dairy breeds, heterosis has been recorded on milk production traits in first lactation cattle in the Danish dairy herd (Kargo *et al.*, 2021). Besides, a recent review by Sørensen *et al.* (2008) on crossbreeding in dairy cattle, the Danish perspective intimated a 10% heterosis for total merit particularly increased longevity and improved functional traits. A varied rate of recombination has been reported in systematic crossbreeding programs (Johnston *et al.*, 2016; Shen *et al.*, 2018).

Loss of genetic diversity in domestic animals

Continuous selection for particular qualities has an effect on allele frequencies in subsequent generations. As a result, directional selection favors the frequency of favored alleles while reducing the frequency of undesirable alleles (Goszczynski *et al.*, 2018). As a result, more animals will be homozygous for alleles that impact the traits of interest, reducing genetic diversity within the population (Goszczynski *et al.*, 2018). It is recommended that breeders consider maintaining genetic diversity as one of the goals in a breeding program development. Loss of genetic diversity has been exacerbated by the advent of assisted reproductive technologies and in particular AI. This has led to an intensive selection of male animals and the global use of semen from the few selected elite males leading to widespread inbreeding.

Loss of genetic diversity is detrimental to the performance and survival of the species in the future. Gene diversity can be caused by inbreeding, intensive selection, genetic drift, and mutation among other factors. Inbred animals suffer from inbreeding depression, a decrease in performance although it is hypothesized that not all inbreedings are equally harmful e.g. ancient inbreeding is less harmful than the recent ones (Doekes *et al.*, 2019).

Traditionally, evaluation of inbreeding, co-ancestry, and inbreeding depression is performed using pedigree information alongside performance records. However, the availability of genomic markers has made it possible to achieve more accurate and precise estimates particularly when pedigree information is missing (Granado-Tajada *et al.*, 2020).

Levels of inbreeding within the populations are estimated using several methodologies including pedigree information and molecular analysis. Molecular analysis is more precise especially in breeds that do not have pedigree information. Molecular approaches include estimations of effective population size, use of runs of homozygosity, and estimation of inbreeding coefficients using algorithms among others (Eydivandi *et al.*, 2020; Nosrati *et al.*, 2021; Ocampo *et al.*, 2021).

CONCLUSION

Due to the increased awareness of consumer preferences, the importance of environmental sustainability as well as animal welfare, breeding has shifted towards satisfying the demands of various stakeholders in the livestock sector. Therefore, the development of animal breeding programs involves not only selection for traits that have positive net economic returns (additive traits) but also animal welfare-associated traits. The pain challenge hampering genetic improvement for these non-additive traits is their low heritability and difficulties in their selection. Luckily,

most of them are associated with other traits, and/or with the advent of biotechnology, it is possible to improve accuracy in their selection. In the long term, breeders will consider consumer preferences since, in commercial ventures, the ultimate target is the consumer.

REFERENCES

- Abdoli, R. – Zamani, P. – Mirhoseini, S. Z. – Ghavi Hossein-Zadeh, N. – Nadri, S. (2016): A review on prolificacy genes in sheep. *Rep. Dom. Anim.*, 51. 631–637.
- Alves, K. – Brito, L. F. – Baes, C. F. – Sargolzaei, M. – Robinson, J. A. B. – Schenkel, F. S. (2020): Estimation of additive and non-additive genetic effects for fertility and reproduction traits in North American Holstein cattle using genomic information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 137. 316–330.
- Anderson, J. (1945): The semen of animals and its use for artificial insemination. *The Semen of Animals and Its Use for Artificial Insemination*.
- Arthur, J. A. – Albers, G. A. A. (2003): Industrial perspective on problems and issues associated with poultry breeding. *Poult. Genet. Breed. Biotech.*, 1. 12.
- Bagath, M. – Krishnan, G. – Devaraj, C. – Rashamol, V. P. – Pragna, P. – Lees, A. M. – Sejian, V. (2019): The impact of heat stress on the immune system in dairy cattle: A review. *Res. Vet. Sci.*, 126. 94–102.
- Bagnato, A. – Rosati, A. (2012): *From the Editors—Animal selection: The genomics revolution*. Oxford University Press.
- Ballantyne, M. – Taylor, L. – Hu, T. – Meunier, D. – Nandi, S. – Sherman, A. – Flack, B. – Henshall, J. M. – Hawken, R. J. – McGrew, M. J. (2021): Avian primordial germ cells are bipotent for male or female gametogenesis. *Frontiers in Cell Dev. Biol.*, 9, 726827. <https://doi.org/10.3389/fcell.2021.726827>
- Bergsten, C. (2001): Effects of conformation and management system on hoof and leg diseases and lameness in dairy cows. *Vet. Clin. N. Am. Food Anim. Pract.*, 17. 1–23.
- Berry, D. P. – Twomey, A. J. – Evans, R. D. – Cromie, A. R. – Ring, S. C. (2019): Heritability—what is it, and what is it not; implications for improving cattle health. *Cattle Pract.*, 27. 1–11.
- Bertrand, J. K. – Green, R. D. – Herring, W. O. – Moser, D. W. (2001): Genetic evaluation for beef carcass traits. *J. Anim. Sci.*, 79. E190–E200.
- Bishop, S. C. – Chesnais, J. – Stear, M. J. (2002): Breeding for disease resistance: issues and opportunities. *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. (Ed. INRA) (Institut National de La Recherche Agronomique (INRA): Montpellier).
- Bishop, S. C. – Morris, C. A. (2007): Genetics of disease resistance in sheep and goats. *Small Rumin. Res.*, 70. 48–59.
- Bradford, G. E. – Meyer, H. H. (1986): Economic evaluation of breeding objectives for sheep and goats: practical considerations and examples. *3rd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 20. <https://digitalcommons.unl.edu/wcgalp/20>
- Bradford, H. L. – Fragomeni, B. O. – Bertrand, J. K. – Lourenco, D. A. L. – Misztal, I. (2016): Genetic evaluations for growth heat tolerance in Angus cattle. *J. Anim. Sci.*, 94. 4143–4150.
- Brito Lopes, F. – da Silva, M. C. – Magnabosco, C. U. – Goncalves Narciso, M. – Sainz, R. D. (2016): Selection indices and multivariate analysis show similar results in the evaluation of growth and carcass traits in beef cattle. *Plos One*, 11. e0147180.
- Chagunda, M. G. G. – Msiska, A. C. M. – Wollny, C. B. A. – Tchale, H. – Banda, J. W. (2006): An analysis of smallholder farmers' willingness to adopt dairy performance recording in Malawi. *Livest. Res. Rural Dev.*, 18.
- Clasen, J. B. – Bengtsson, C. – Källström, H. N. – Strandberg, E. – Fikse, W. F. – Rydhmer, L. (2021): Dairy cattle farmers' preferences for different breeding tools. *Animal*, 15(12), 100409. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100409>

- Cognie, Y. (1990): Current technologies for synchronization and artificial insemination of sheep. *Reproductive Physiology of Merino Sheep*, 202–207.
- Corazzin, M. – Del Bianco, S. – Bovolenta, S. – Piasentier, E. (2019): Carcass characteristics and meat quality of sheep and goat. More than beef, pork and chicken–The production, processing, and quality traits of other sources of meat for human diet (119–165). Springer.
- Dahl, G. E. – Tao, S. – Laporta, J. (2020): Heat stress impacts immune status in cows across the life cycle. *Front. Vet. Sci.*, 7. 116.
- Dawkins, M. S. – Layton, R. (2012): Breeding for better welfare: genetic goals for broiler chickens and their parents. *Anim. Welfare-The UFAW J.*, 21. 147.
- de Haas, Y. – Pszczola, M. – Soyeurt, H. – Wall, E. – Lassen, J. (2017): Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying. *J. Dairy Sci.*, 100. 855–870.
- Doekes, H. P. – Veerkamp, R. F. – Bijma, P. – de Jong, G. – Hiemstra, S. J. – Windig, J. J. (2019): Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein–Friesian dairy cattle. *Genet. Select. Evol.*, 51. 1–16.
- Dwyer, C. M. – Lawrence, A. B. (2008): Introduction to animal welfare and the sheep. In *The welfare of sheep* (1–40). Springer.
- Eydivandi, S. – Sahana, G. – Momen, M. – Moradi, M. H. – Schönherz, A. A. (2020): Genetic diversity in Iranian indigenous sheep vis-à-vis selected exogenous sheep breeds and wild mouflon. *Anim. Genet.*, 51. 772–787. <https://doi.org/10.1111/age.12985>
- Faostat-Production, F. A. O. (n.d.). *Livestock Primary*. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QA>
- Farstad, W. (2018): Ethics in animal breeding. *Reprod. Dom. Anim.*, 53. 4–13.
- Fathi, M. M. – Galal, A. – Al-Homidan, I. – Abou-Emera, O. K. – Rayan, G. N. (2021): Residual feed intake: A limiting economic factor for selection in poultry breeding programs. *Ann. Agric. Sci.*, 66. 53–57.
- Fonseca, J. F. – Souza-Fabjan, J. M. G. – Oliveira, M. E. F. – Leite, C. R. – Nascimento-Penido, P. M. P. – Brandão, F. Z. – Lehloeny, K. C. (2016): Nonsurgical embryo recovery and transfer in sheep and goats. *Theriogenology*, 86. 144–151. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2016.04.025>
- Font-i-Furnols, M. – Guerrero, L. (2014): Consumer preference, behavior and perception about meat and meat products: An overview. *Meat Sci*, 98. 361–371.
- Foote, R. H. (2010): The history of artificial insemination: Selected notes and notables. *J. Anim. Sci.*, 80. 1–10.
- Forabosco, F. – Bozzi, R. – Filippini, F. – Boettcher, P. – Van Arendonk, J. A. M. – Bijma, P. (2006): Linear model vs. survival analysis for genetic evaluation of sires for longevity in Chianina beef cattle. *Livest. Sci.*, 101. 191–198.
- Fulton, J. E. (2012): Genomic selection for poultry breeding. *Anim. Frontiers*, 2. 30–36.
- Galal, E. S. E. (1986): Selection for increased production in multi-purpose sheep and goats. *Fao Animal Production and Health Paper*, 58.
- Gamborg, C. – Sandøe, P. (2005): Sustainability in farm animal breeding: a review. *Livest. Prod. Sci.*, 92. 221–231.
- Getachew, T. (2016): A review article of artificial insemination in poultry. *World's Vet. J.*, 6. 26–35.
- Goldberg, A. M. (2016): Farm animal welfare and human health. *Current Environ. Health Rep.*, 3. 313–321.
- González-Recio, O. – López-Paredes, J. – Ouatahar, L. – Charfeddine, N. – Ugarte, E. – Alenda, R. – Jiménez-Montero, J. A. (2020): Mitigation of greenhouse gases in dairy cattle via genetic selection: 2. Incorporating methane emissions into the breeding goal. *J. Dairy Sci.*, 103. 7210–7221.
- Goszczynski, D. – Molina, A. – Terán, E. – Morales-Durand, H. – Ross, P. – Cheng, H. – Giovambattista, G. – Demyda-Peyrás, S. (2018): Runs of homozygosity in a selected cattle population with extremely inbred bulls: Descriptive and functional analyses revealed highly variable patterns. *PLoS One*, 13(7), e0200069.

- Granado-Tajada, I. – Rodríguez-Ramilo, S. T. – Legarra, A. – Ugarte, E. (2020): Inbreeding, effective population size, and coancestry in the Latxa dairy sheep breed. *J. Dairy Sci.*, 103. 5215–5226.
- Guinguina, A. (2020): Feed efficiency in dairy cows: individual cow variability in component traits. Doctoral Thesis. *Acta Universitatis Agriculturae Sueciae* number: 14 ISBN: 978-91-7760-546-1.
- Haley, C. S. – Visscher, P. M. (1998): Strategies to utilize marker-quantitative trait loci associations. *J. Dairy Sci.*, 81. 85–97.
- Hamidi Hay, E. – Roberts, A. (2017): Genomic prediction and genome-wide association analysis of female longevity in a composite beef cattle breed. *J. Anim. Sci.*, 95. 1467–1471.
- Haskell, M. J., - Simm, G. – Turner, S. P. (2014): Genetic selection for temperament traits in dairy and beef cattle. *Frontiers Genet.*, 5. 368.
- Hayes, B. J. – Lewin, H. A. – Goddard, M. E. (2013): The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity and adaptation. *Trends Genet.*, 29. 206–214.
- Hazel, L. N. – Dickerson, G. E. – Freeman, A. E. (1994): The selection index—then, now, and for the future. *J. Dairy Sci.*, 77. 3236–3251.
- Hoppe, S. – Brandt, H. R. – König, S. – Erhardt, G. – Gauly, M. (2010): Temperament traits of beef calves measured under field conditions and their relationships to performance. *J. Anim. Sci.*, 88. 1982–1989.
- Hu, T. – Taylor, L. – Sherman, A. – Keambou Tiambo, C. – Kemp, S. J. – Whitelaw, B. – Hawken, R. J. – Djikeng, A. – McGrew, M. J. (2022): A low-tech, cost-effective and efficient method for safeguarding genetic diversity by direct cryopreservation of poultry embryonic reproductive cells. *ELife*, 11, e74036. <https://doi.org/10.7554/eLife.74036>
- Jafari, S. – Hashemi, A. – Manafiazar, G. – Darvishzadeh, R. – Razzagzadeh, S. – Farhadian, M. (2012): Genetic analysis of growth traits in Iranian Makuie sheep breed. *Italian J. Anim. Sci.* 11. 18.
- Johnston, S. E. – Béréños, C. – Slate, J. – Pemberton, J. M. (2016): Conserved genetic architecture underlying individual recombination rate variation in a wild population of Soay sheep (*Ovis aries*). *Genetics*, 203. 583–598.
- Kadel, M. J. – Johnston, D. J. – Burrow, H. M. – Graser, H.-U. – Ferguson, D. M. (2006): Genetics of flight time and other measures of temperament and their value as selection criteria for improving meat quality traits in tropically adapted breeds of beef cattle. *Austral. J. Agric. Res.*, 57. 1029–1035.
- Kargo, M. – Clasen, J. B. – Nielsen, H. M. – Byskov, K. – Norberg, E. (2021): Heterosis and breed effects for milk production and udder health traits in crosses between Danish Holstein, Danish Red, and Danish Jersey. *J. Dairy Sci.*, 104. 678–682.
- Korver, S. (1988): Genetic aspects of feed intake and feed efficiency in dairy cattle: a review. *Livest. Prod. Sci.*, 20. 1–13.
- Kurjogi, M. – Issa Mohammad, Y. H. – Alghamdi, S. – Abdelrahman, M. – Satapute, P. – Jogaiah, S. (2019): Detection and determination of stability of the antibiotic residues in cow's milk. *PLoS One*, 14. e0223475.
- Leach, K. A. – Whay, H. R. – Maggs, C. M. – Barker, Z. E. – Paul, E. S. – Bell, A. K. – Main, D. C. J. (2010): Working towards a reduction in cattle lameness: 1. Understanding barriers to lameness control on dairy farms. *Res. Vet. Sci.*, 89. 311–317.
- Liu, J. – Ellies-Oury, M.-P. – Chriki, S. – Legrand, I. – Pogorzelski, G. – Wierzbicki, J. – Farmer, L. – Troy, D. – Polkinghorne, R. – Hocquette, J.-F. (2020): Contributions of tenderness, juiciness and flavor liking to overall liking of beef in Europe. *Meat Sci.*, 168. 108190.
- Medrado, B. D. – Pedrosa, V. B. – Pinto, L. F. B. (2021): Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livest. Sci.*, 247. 104477.
- Miglior, F. – Fleming, A. – Malchiodi, F. – Brito, L. F. – Martin, P. – Baes, C. F. (2017): A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 100. 10251–10271.
- Molina, T. – Abadal, E. (2021): The evolution of communicating the uncertainty of climate Change to policymakers: A Study of IPCC Synthesis Reports. *Sustainability*, 13. 2466.

- Montaldo, H. H. (2006): Genetic engineering applications in animal breeding. *Electron. J. Biotechnol.*, 9, 2.
- Mwai, O. – Hanotte, O. – Kwon, Y.-J. – Cho, S. (2015): African indigenous cattle: unique genetic resources in a rapidly changing world. *Asian-Austral. J. Anim. Sci.*, 28, 911.
- Nguyen, T. T. T. – Bowman, P. J. – Haile-Mariam, M. – Pryce, J. E. – Hayes, B. J. (2016): Genomic selection for tolerance to heat stress in Australian dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 99, 2849–2862.
- Nogues, E. – Lecorps, B. – Weary, D. M. – von Keyserlingk, M. A. G. (2020): Individual variability in response to social stress in dairy heifers. *Animals*, 10, 1440.
- Nosrati, M. – Asadollahpour Nanaei, H. – Javanmard, A. – Esmailzadeh, A. (2021): The pattern of runs of homozygosity and genomic inbreeding in world-wide sheep populations. *Genomics*, 113(3), 1407–1415. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.03.005>
- Notter, D. R. (1999): The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *J. Anim. Sci.*, 77, 61–69.
- Ocampo, R. J. – Martínez, J. F. – Martínez, R. (2021): Assessment of genetic diversity and population structure of Colombian Creole cattle using microsatellites. *Trop. Anim. Health Prod.*, 53, 1–8. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02563-z>
- OECD-FAO *Agricultural Outlook 2020–2029*. (2020): OECD. <https://doi.org/10.1787/1112c23b-en>
- Ombelet, W. – Van Robays, J. (2015): Artificial insemination history: hurdles and milestones. *Facts, Views & Vision in ObGyn*, 7, 137–143.
- Parmar, S. N. S. – Thakur, M. S. – Tomar, S. S. – Pillai, P. V. A. (2006): Evaluation of egg quality traits in indigenous Kadaknath breed of poultry. *Livest. Res. Rural Dev.*, 18, 2006.
- Piovezan, U. – Cyrillo, J. N. dos S. G. – Costa, M. J. R. P. da. (2013): Breed and selection line differences in the temperament of beef cattle. *Acta Scientiarum. Anim. Sci.*, 35, 207–212.
- Ponsart, C. – Le Bourhis, D. – Knijn, H. – Fritz, S. – Guyader-Joly, C. – Otter, T. – Lacaze, S. – Charreaux, F. – Schibler, L. – Dupassieux, D. (2014): Reproductive technologies and genomic selection in dairy cattle. *Reprod. Fertil. Dev.*, 26, 12–21.
- Quan, K. – Li, J. – Han, H. – Wei, H. – Zhao, J. – Si, H. A. – Zhang, X. – Zhang, D. (2021): Review of Huang-huai sheep, a new multiparous mutton sheep breed first identified in China. *Trop. Anim. Health Prod.*, 53, 1–8.
- Raadsma, H. W. – Gray, G. D. – Woolaston, R. R. (1998): Breeding for disease resistance in Merino sheep in Australia. *Rev. Sci. Tech.*, 17, 315–328.
- Rao, S. (1997): Genetic analysis of sheep discrete reproductive traits using simulation and field data. *Virginia Tech*.
- Ravagnolo, O. – Misztal, I. – Hoogenboom, G. (2000): Genetic component of heat stress in dairy cattle, development of heat index function. *J. Dairy Sci.*, 83, 2120–2125.
- Richardson, C. M. – Nguyen, T. T. T. – Abdelsayed, M. – Moate, P. J. – Williams, S. R. O. – Chud, T. C. S. – Schenkel, F. S. – Goddard, M. E. – van den Berg, I. – Cocks, B. G. (2021): Genetic parameters for methane emission traits in Australian dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 104, 539–549.
- Ring, S. C. – Twomey, A. J. – Byrne, N. – Kelleher, M. M. – Pabiou, T. – Doherty, M. L. – Berry, D. P. (2018): Genetic selection for hoof health traits and cow mobility scores can accelerate the rate of genetic gain in producer-scored lameness in dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 101, 10034–10047.
- Rivera, R. M. (2020): Consequences of assisted reproductive techniques on the embryonic epigenome in cattle. *Reprod. Fertil. Dev.*, 32, 65–81.
- Robertson, A. – Rendel, J. M. (1950): The use of progeny testing with artificial insemination in dairy cattle. *J. Genet.*, 50, 21–31.
- Rogers, P. L. – Gaskins, C. T. – Johnson, K. A. – MacNeil, M. D. (2004): Evaluating longevity of composite beef females using survival analysis techniques. *J. Anim. Sci.*, 82, 860–866.
- Ruan, J. – Xu, J. – Chen-Tsai, R. Y. – Li, K. (2017): Genome editing in livestock: Are we ready for a revolution in animal breeding industry? *Transgenic Res*, 26, 715–726.
- Sammad, A. – Umer, S. – Shi, R. – Zhu, H. – Zhao, X. – Wang, Y. (2020): Dairy cow reproduction under the influence of heat stress. *J. Anim. Phys. Anim. Nut.*, 104, 978–986.

- Schmidtmann, C. – Thaller, G. – Kargo, M. – Hinrichs, D. – Ettema, J. (2021): Derivation of economic values for German dairy breeds by means of a bio-economic model—with special emphasis on functional traits. *J. Dairy Sci.*, 104. 3144–3157.
- Seidel Jr, G. E. (2007): Overview of sexing sperm. *Theriogenology*, 68. 443–446.
- Shen, B. – Jiang, J. – Seroussi, E. – Liu, G. E. – Ma, L. (2018): Characterization of recombination features and the genetic basis in multiple cattle breeds. *BMC Genomics*, 19. 1–10.
- Siegel, P. B. – Barger, K. – Siewerdt, F. (2019): Limb health in broiler breeding: history using genetics to improve welfare. *J. Appl. Poult. Res.*, 28. 785–790.
- Smith, C. (1988): Applications of embryo transfer in animal breeding. *Theriogenology*, 29. 203–212.
- Smotucha, G. – Gurgul, A. – Jasielczuk, I. – Kawłucka, A. – Miksza-Cybulska, A. (2021): A genome-wide association study for prolificacy in three Polish sheep breeds. *J. Appl. Genet.*, 62. 323–326.
- Snowder, G. D. (2002): Composite trait selection for improving lamb production. *Sheep Goat Res. J.*, 17. 42–48.
- Soller, M. (1994): Marker assisted selection-an overview. *Anim. Biotechnol.*, 5. 193–207.
- Sørensen, M. K. – Norberg, E. – Pedersen, J. – Christensen, L. G. (2008): Invited review: Crossbreeding in dairy cattle: A Danish perspective. *J. Dairy Sci.*, 91. 4116–4128.
- Stegemiller, M. R. – Murdoch, G. K. – Rowan, T. N. – Davenport, K. M. – Becker, G. M. – Hall, J. B. – Murdoch, B. M. (2021): Genome-wide association analyses of fertility traits in beef heifers. *Genes*, 12. 217.
- Tao, L. – He, X. – Jiang, Y. – Liu, Y. – Ouyang, Y. – Shen, Y. – Hong, Q. – Chu, M. (2021): Genome-wide analyses reveal genetic convergence of prolificacy between goats and sheep. *Genes*, 12. 480.
- Thibier, M. – Wagner, H. G. (2002): World statistics for artificial insemination in cattle. *Lives. Prod. Sci.*, 74. 203–212. doi: 10.3390/genes12040480
- Urrego, R. – Rodríguez-Osorio, N. – Niemann, H. (2014): Epigenetic disorders and altered gene expression after use of Assisted Reproductive Technologies in domestic cattle. *Epigenetics*, 9. 803–815. <https://doi.org/10.4161/epi.28711>
- Vázquez-Mosquera, J. M. – Fernández-Novo, A. – Bonet-Bo, M. – Pérez-Villalobos, N. – Pesántez-Pacheco, J. L. – Pérez-Solana, M. L. – de Mercado, E. – Gardón, J. C. – Villagrà, A. – Sebastián, F. – Pérez-Garnelo, S. S. – Martínez, D. – Astíz, S. (2022): MOET efficiency in a spanish herd of japanese black heifers and analysis of environmental and metabolic determinants. *Biology*, 11. 2. <https://doi.org/10.3390/biology11020225>
- Verma, O. P. – Kumar, R. – Kumar, A. – Chand, S. (2012): Assisted Reproductive Techniques in farm animal from artificial insemination to nanobiotechnology. *Vet. World*, 5.
- Visscher, P. M. – Hill, W. G. – Wray, N. R. (2008): Heritability in the genomics era - concepts and misconceptions. *Nat. Rev. Genet.*, 9. 255–266.
- Wakchaure, R. – Ganguly, S. – Praveen, P. K. – Kumar, A. – Sharma, S. – Mahajan, T. (2015): Marker assisted selection (MAS) in animal breeding: a review. *J. Drug Metab. Toxicol.*, 6. e127.
- Wakchaure, R. – Ganguly, S. – Praveen, K. P. – Sharma, S. – Kumar, A. – Mahajan, T. – Qadri, K. (2015): Importance of heterosis in animals: a review. *Int. J. Adv. Eng. Tech. Innov. Sci.*, 1. 1–5.
- Webb, D. W. (1992): Artificial insemination in dairy cattle. University of Florida Cooperative Extension Service, Inst. Food Agricult. Sci., EDIS. Gainesville, Fla.
- Williams, J. L. (2005): The use of marker-assisted selection in animal breeding and biotechnology. *Rev. - Off. Int. Epizoot.*, 24. 379.
- Williams, J. L. – Leboeuf, B. – Manfredi, E. – Boue, P. – Piacere, A. – Brice, G. – Baril, G. – Broqua, C. – Humblot, P. – Terqui, M. (1998): Artificial insemination of dairy goats in France. *Livest. Prod. Sci.*, 55. 193–203.
- Wolc, A. – Settar, P. – Fulton, J. E. – Arango, J. – Rowland, K. – Lubritz, D. – Dekkers, J. C. M. (2021): Heritability of perching behavior and its genetic relationship with incidence of floor eggs in Rhode Island Red chickens. *Genet. Select. Evol.*, 53. 1–9.

Young, L. E. – Sinclair, K. D. – Wilmut, I. (1998): Large offspring syndrome in cattle and sheep. Rev. Reprod., 3. 155–163.

Zhang, X. – Amer, P. R. – Jenkins, G. M. – Sise, J. A. – Santos, B. – Quinton, C. (2019): Prediction of effects of dairy selection indexes on methane emissions. J. Dairy Sci., 102. 11153–11168.

Érkezett: 2022. március

Szerzők címe: Wanjala G. – Astuti P. K.

Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori
Iskola, Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ

Authors' address: Doctoral School of Animal Science, Centre of Agricultural
Genomics and Biotechnology, University of Debrecen
H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.
geog.wanjala@agr.unideb.hu

Bagi Z. – Kusza Sz.

Debreceni Egyetem Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ
Centre for Agricultural Genomics and Biotechnology, Faculty of Agricultural and
Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen
H-4032 Debrecen Egyetem tér 1.

Strausz P.

Corvinus Egyetem Vezetéstudományi Intézet
Institute of Management, Corvinus University of Budapest H-1093 Budapest,
Fővám tér 8.

FLOW-CASA: MOTILITÁSI PARAMÉTEREK GYORS, AUTOMATIZÁLT KLASZTERANALÍZISE FLOW CITOMETRIÁS ADATELEMZŐ SZOFTVER ALKALMAZÁSÁVAL

KOVÁCS BARNABÁS MIHÁLY- NAGY SZABOLCS TAMÁS

ÖSSZEFOGLALÁS

A gazdasági állatok spermaminőség-ellenőrzésének széles körben alkalmazott eszköze a számítógépes motilitásvizsgálat (Computer-Assisted Sperm Analysis, CASA), a műszerek több évtizede elérhető kereskedelmi forgalomban. A CASA rendszerek olyan speciális citométernek tekinthetők, amelyekkel nem fényintenzitási, hanem mozgási sebességértékeket rögzítenek, a kereskedelmi szoftverek azonban nem képesek a sejtszintű analízis végrehajtására, jellemzően csak az adott minta egyes spermium alpopulációinak arányát adják meg eredményként, ami jelentős információvesztést jelent. A szerzők előkísérletükben mélyhűtött-felolvasztott bikaspermiumok, illetve mellékheréből gyűjtött dámvad spermiumok motilitását értékelték egy kereskedelmi forgalomban elérhető CASA rendszerrel, fajspecifikus beállítások alkalmazása nélkül. A nyers adatfájlokat Excel szoftverrel rendezték táblázatba, majd txt formátumban mentve exportálták és elemezték egy flow (áramlási) citométeres adatelemző szoftverrel. A CASA által rögzített sebességértékek sejtszinten értékelhetőek, hasonlóan az áramlási citométerrel rögzített fényintenzitási értékekhez. A citométeres szoftver lehetővé teszi a sebességi paraméterek esetén is hisztogramok és kétdimenziós dot-plot ábrák vizualizációját, illetve az olyan adatelemzési eszközök alkalmazását is, mint a lin-log transzformáció, markerek és régiók kijelölése, kapuzás, különböző minták egymásra rétegezése, stb. A sejtszintű elemzés az egyes spermium alpopulációk biztosabb felismerését és a sejtlejtani változások érzékenyebb észlelését teszi lehetővé. Mivel fajspecifikus műszerbeállításokra nincs szükség, a CASA-elemzések eddig nem vizsgált állatfajokra is kiterjeszthetők. A többlépcsős adatkezelés és –értékelés felhasználási lehetőségei a spermatológiai alap kutatások, reprodukív toxikológiai vizsgálatok területén kereshetők.

SUMMARY

Kovács, B. M. – Nagy, Sz. T.: FLOW-CASA: FAST, AUTOMATED CLUSTER ANALYSIS OF MOTILITY PARAMETERS USING A FLOW CYTOMETRIC DATA ANALYSIS SOFTWARE

Computer-Assisted Sperm Analysis (CASA), is a widely used tool for controlling sperm quality in farm animals, and has been commercially available for several decades. CASA systems can be considered as special cytometers that record motion rate values rather than light intensity, but commercial CASA softwares are not capable of performing analysis at cellular level, typically reporting only the proportion of individual sperm subpopulations in a given sample, resulting in significant loss of information. In the preliminary experiment, motility of cryopreserved-thawed bull sperm and fallow deer sperm collected from the epididymis were evaluated using a commercial CASA system without the use of species-specific settings. Raw data files were tabulated with Excel software, then saved in txt format and analyzed with a flow cytometer data analysis software. The velocity values recorded by CASA can be evaluated at the cellular level, similar to the light intensity values recorded with a flow cytometer. The cytometer software also allows the visualization of histograms and two-dimensional dot-plot diagrams for velocity parameters, as well as the use of data analysis tools such as lin-log transformation, selection of markers and regions, gating, histogram overlay of different samples, etc. Cell-level analysis allows more reliable recognition of individual sperm subpopulations and more sensitive detection of sperm physiological changes. As species-specific instrument settings are not required, CASA measurements can be extended to previously untested species. This multi-stage data management and evaluation approach can be a useful tool in the basic spermatological research and reproductive toxicology studies.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A spermaminőség megítélésének legrégebbi, és a gyakorlatban máig is leginkább használt módszere a motilis spermiumok arányának mikroszkópos vizuális becslése. A módszer tagadhatatlanul gyors és egyszerű, azonban szubjektív: a vizsgálatok megbízhatóságát nagymértékben befolyásolja a mikroszkóp minősége, a vizsgáló gyakorlata és képességei (Althouse, 1997). Még tapasztalt technikusok is gyakran elfogadhatatlanul nagy eltéréssel értékelik ugyanazt a mintát (Jequier és Ukombe, 1983). Az egyes laboratóriumok és értékelő technikusok közötti variancia elfogadható szintűre csökkentése érdekében a mintavételt standardizálni célszerű (Althouse, 1997), és különös figyelmet kell szentelni a mikroszkóp tárgyasztalának, illetve a tárgylemezek, fedőlemezek egyenletes hőmérsékletére (Birks és mtsai, 1994). Külön figyelembe kell venni, hogy az üvegfelületek és a sperma között fennálló felületi feszültségváltozások is befolyásolják a vizuális értékelést (Molnár, 1962).

Az utóbbi évtizedek technikai és elsősorban számítógépes fejlődése lehetővé tette objektív motilitásvizsgálati módszerek kidolgozását (Amann, 1988; Holt, 1996). A számítógépes spermavizsgáló berendezések (CASA, computer-assisted semen analysis), nemcsak a mozgó spermiumok arányát, de a mozgás minőségét is értékelni képesek. A CASA berendezéseknek két fő típusa ismert, az egyik utólag értékeli a rögzített felvételeket, a másik azonnali, úgynevezett "real-time" értékelésre képes (Holt, 1996).

Bár a CASA rendszerek kifejlesztése során a fő cél az volt, hogy az egyes spermiumok egyedi mozgási karakterisztikáit lehessen értékelni (Amann és Waberski, 2014), a később kereskedelmi forgalomban megjelenő CASA rendszerek szoftverei jellemzően átlagértékeket közölnek az egyes spermium alpopulációk sebességi paramétereire vonatkozóan, ezzel jelentős adat- és információvesztést okozva (Holt, 1996). Tapasztalataink szerint bár az elmúlt évtizedekben a CASA eszközök hardveres fejlesztése nagy ívet futott be (ma már hordozható, akár mobiltelefonhoz kapcsolható eszközök is elérhetőek), a szoftveres oldalon továbbra sem megoldottak a közel 20 éve megfogalmazott kritikai észrevételek.

A spermium alpopulációk mozgási tulajdonságainak részletesebb vizsgálatára többen is alkalmaztak külső, statisztikai szoftveres analíziseket (Nagy és Péntek, 2005), ennek a megközelítésnek a lehetőségeit, kihívásait Martínez-Pastor és mtsai (2011) átfogó szemle cikkben ismertetik. A mélyebb statisztikai adatelemzés egyik fő akadálya azonban az, hogy nem minden CASA rendszer képes a nyers mérési adatok exportjára (Amann és Waberski, 2014).

A külső statisztikai szoftveres klaszteranalízis nyilvánvalóan mélyebb ismereteket, elemzési gyakorlatot igényel. A motilitásvizsgálat azonban egyfajta citometriai értékelésként is felfogható (Petrunkina és Harrision, 2013). Az áramlási citometria a spermavizsgálatok robusztus, gyors, precíz módszere (Nagy, 2002; Hossain és mtsai, 2011; Pena és mtsai, 2016), jellemzően olyan adatelemzési szoftveres megoldásokkal, mint a régióanalízis, kapuzás (a vizsgálat szempontjából jelentős, egyes tulajdonságokban egymáshoz hasonló események kijelölése és elkülönítése), többdimenziós megjelenítés, amelyek gyorsan és egyszerűen képesek az egyes sejt alpopulációk azonosítására, értékelésére. Ezek az opciók nem érhetőek el a CASA szoftverekben, holott alkalmazásuk az egyes motilitási, sebességi paraméterek esetében is indokolt lenne.

A jelen előkísérletünk célja az volt, hogy teszteljük egy CASA rendszerből exportált adatfájlok áramlási citometriás szoftverrel történő automatizált klaszteranalízisének lehetőségeit.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatokhoz mélyhűtött-felolvasztott bika ($n=5$) és mellékheréből post mortem gyűjtött, mélyhűtött-felolvasztott dámvad ($n=1$) spermiumok CASA értékeléssel gyűjtött sebességi (curvilinear velocity - VCL, straight line velocity - VSL, average path velocity - VAP) adatait használtuk fel. A mérésekhez MTG MedeaLAB CASA-t alkalmaztunk a gyártó útmutatóit követve. A mérések során nem alkalmaztunk fajspecifikus műszerbeállításokat, csupán az ondósejtek és egyéb alakos elemek biztos megkülönböztetésére fordítottunk figyelmet. A nyers mérési adatokat Microsoft Excel adatkezelő szoftverbe exportáltuk, majd txt formátumban mentettük. A txt fájlokat Flowing ingyenes áramlási citométeres elemző szoftverrel értékeltük (www.flowingsoftware.com, v. 2.5.1.). Az adatelemzés során a citométeres szoftverben elérhető, a szórtfény- és fluoreszcenciaintenzitási paraméterek esetében alkalmazott olyan eszközöket alkalmaztunk, mint a log transzformáció, régiókijelölés, régió kapuzás, eltérő minták egymásra rétegzése. Az adatokat egydimenziós hisztogramokon és kétdimenziós dot-plot ábrákon jelenítettük meg (1.-4. ábrák).

EREDMÉNYEK ÉS KÖVETKEZTETÉSEK

Ahogy az 1. ábrán látható, a nyers CASA sebességi adatok (VCL, VSL, VAP) egydimenziós hisztogramon ábrázolva (1. a.-c. ábra) nem mutatnak normális eloszlást. Az adatok eloszlásának normalizálására ilyen esetben a log transzformáció alkalmazható (Petrie és Watson, 2013). Áramlási citométeres adatgyűjtés során lehetséges eleve log skálán történő adatrögzítés (Givan, 2001), de egyes flow citométeres adatelemző szoftverek, mint az általunk alkalmazott Flowing, utólagos lin-log transzformációt is lehetővé tesznek. Ahogy az 1. e.-g. ábrákon látható, az egyes sebességi paraméterek esetében a log transzformáció az adatok vizuálisan jobban értékelhető eloszlását eredményezte. Az 1. d. és h. ábrán kétdimenziós dot-plot ábrán illusztráljuk a VCL és VAP értékek eloszlását log transzformáció előtt (1. d.), illetve után (1. h. ábra).

Az 1. h. ábrán megjelenített VAP/VCL adatok egy vizuálisan elkülöníthető, nagy VAP és VCL sebességértékeket mutató alcsoportot alkotnak, amelyet R1 régióként jelöltünk meg a 2. a. ábrán. Az áramlási citométeres adatelemző szoftverek lehetővé teszik az egyes régiókban található sejtek más paraméterek ábrázolása során történő azonosítását az úgynevezett kapuzás alkalmazásával. A 2. b. ábrán ugyanazon spermaminta VSL értékeit mutatjuk be log transzformáció után, és a 2. c. ábrán az R1 régióban található sejtek VSL értékei láthatók kapuzás után. A 2. d. ábrán látható Flowing output a kétdimenziós VAP/VCL dot-plot X- és Y-tengelyén megjelenített adatok számtani, geometriai átlag, illetve medián értékeit adja meg, valamint megadja az R1 régióba eső spermiumok százalékos arányát.

1. ábra CASA sebességi paraméterek egydimenziós VCL, VSL, VAP hisztogramokon, illetve VCL/VAP kétdimenziós dot-ploton megjelenítve lineáris (1.a.–d.) és logaritmikus transzformációt követően (1.e.–h.)

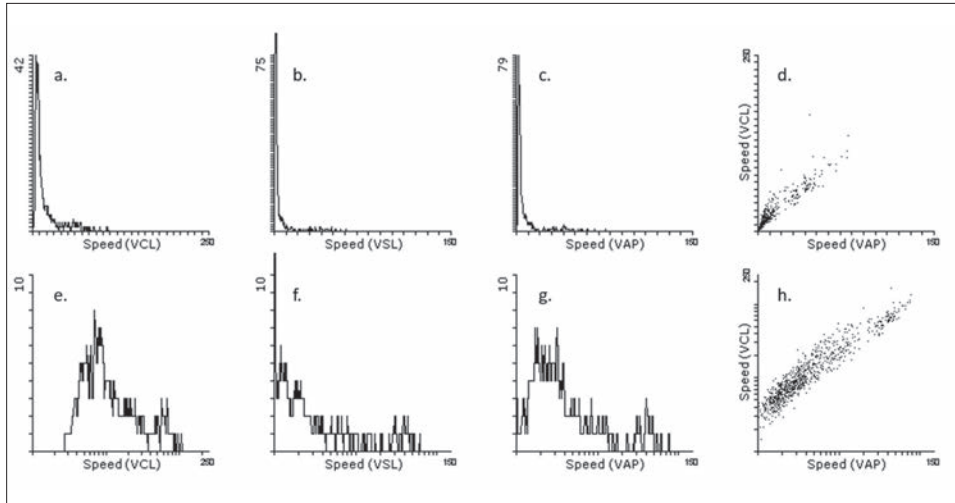


Figure 1. CASA velocity parameters displayed on one-dimensional VCL, VSL, VAP histograms and VCL / VAP two-dimensional dot-plots on linear scale (1.a.–d.) and after logarithmic transformation (1.e.–h.)

2. ábra VCL/VAP dot-ploton azonosított R1 régió (2. a.) VSL értékeinek megjelenítése kapuzás alkalmazásával. 2. b.: az összes adatot tartalmazó VSL hisztogram, 2. c.: az R1 régió kapuzott adatait tartalmazó VSL hisztogram. 2. d.: a dot-plot ábrán bemutatott VCL/VAP adatok számtani, geometriai átlag-, és medián értékei az x és y tengelyen, valamint az R1 régióba eső események százalékos értéke (Flowing output).

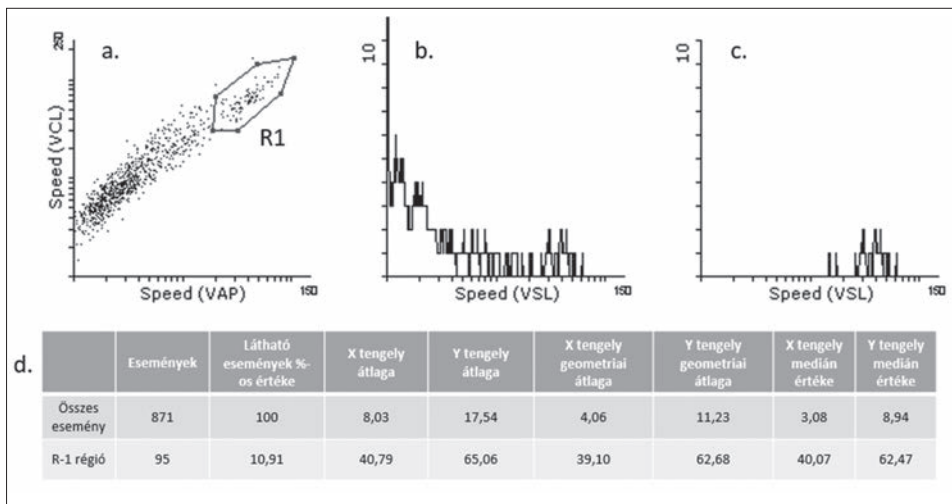


Figure 2. VSL values of events in the R1 region identified on a VCL / VAP dot plot (2. a.) using gating. 2. b. : VSL histogram containing all data, 2. c. : VSL histogram containing gated data from the R1 region. 2. d. : Arithmetic, geometric mean, and median values on the x and y axes of the VCL / VAP data presented in the dot-plot figure, as well as the percentage of events in the R1 region (Flowing output).

3. ábra Öt bika log-transzformált, egyedi eltéréseket mutató VAP-hisztogramprofilja (3. a.–e.), illetve az 1., 3. és 5. bika egymásra rétegzett histogramja (3. f.)

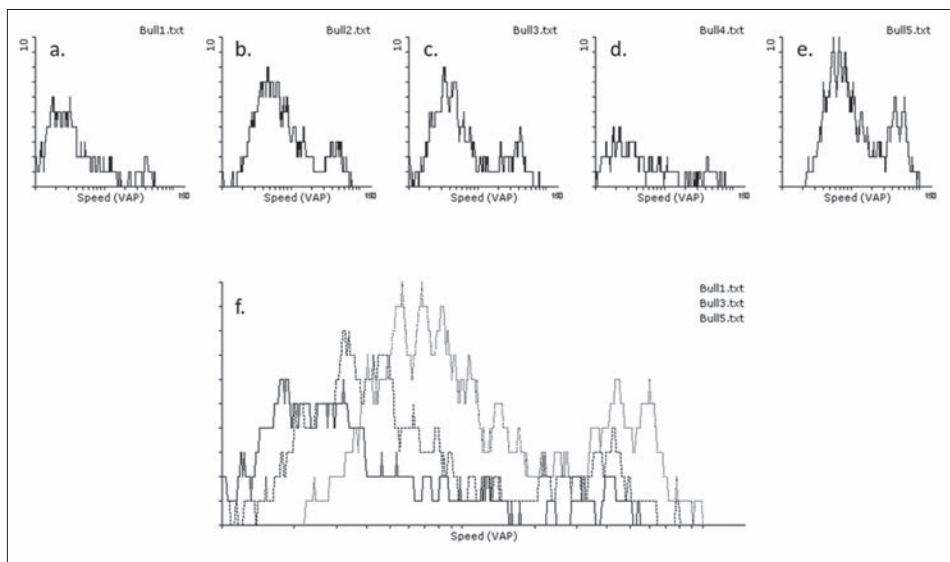


Figure 3. Log-transformed VAP histogram profile of five bulls showing individual differences (3.a.–e.). Histogram overlay of bulls 1, 3, and 5 (3. f.)

A 3. ábrán öt tenyészbika egyedi, log-transzformált VAP hisztogramprofiljai láthatók (3. a.–e.). A citométeres adatelemző szoftver lehetővé teszi egyedi hisztogramok egymásra rétegzését a gyors, vizuális értékeléshez. A 3. f. ábrán az első, harmadik és ötödik tenyészbika hisztogramjait vetítettük egymásra.

A 4. ábrán két faj egy-egy egyedének VAP hisztogramprofiljait mutatjuk be (4. a.: dámvad, 4. b.: tenyészbika), a 4. c. ábrán az egymásra vetített hisztogramok láthatók.

A sejtszintű elemzés az egyes spermium alpopulációk biztosabb felismerését és a sejtéletani változások érzékenyebb észlelését teszi lehetővé. Mivel fajspecifikus műszerbeállításokra nincs szükség, a CASA-elemzések eddig nem vizsgált állatfajokra is kiterjeszthetők. A hisztogramanalízis az egyes egyedek, illetve különböző fajok eltéréseinek gyors vizualizálását teszi lehetővé. A többlépcsős adatkezelés és –értékelés azonban nem valószínű, hogy a rutin spermaértékelés eszköze lesz, felhasználási lehetőségei inkább a spermatológiai alap kutatások, reprodukív toxikológiai vizsgálatok területén kereshetők.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A publikáció elkészítését a EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 számú projekt támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

4. ábra Mellékheréből kimosott dámvad spermiumok (4. a.) és ejakulált bikaspermiumok (4. b.) mélyhűtés-felolvasztást követően mért, log-transzformált VAP-hisztogramjai külön és egymásra rétegezve (4. c.)

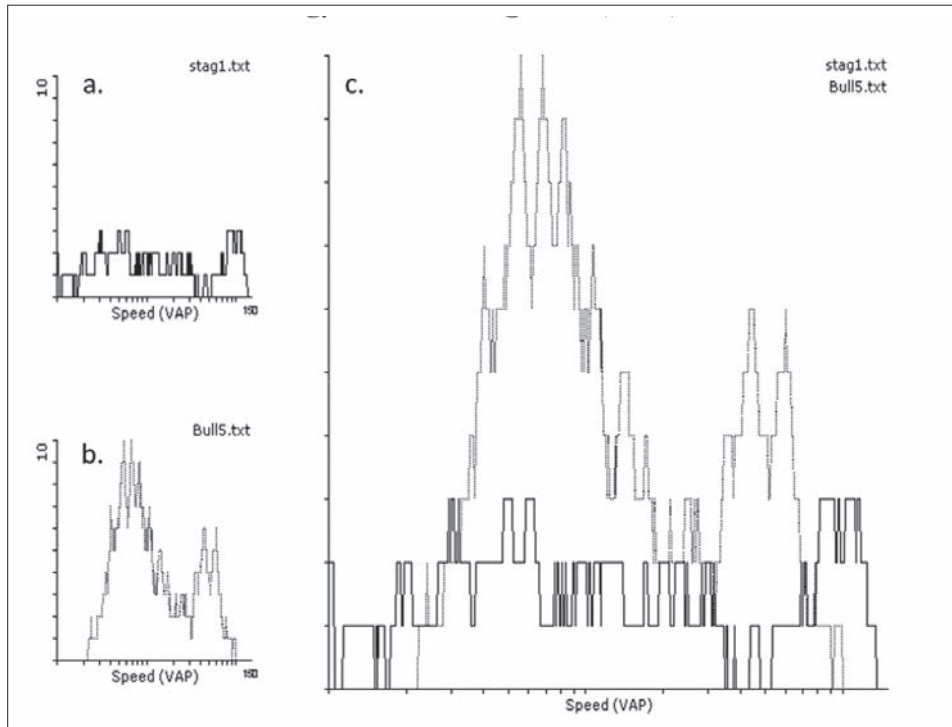


Figure 4. Log-transformed VAP histograms of fallow deer sperm washed from the epididymis (4. a.) and ejaculated bull sperm (4. b.) separately and using histogram overlay (4. c.)

IRODALOMJEGYZÉK

- Althouse, G. C. (1997): Evaluating porcine semen for artificial insemination. Part I. Standard tests. Food Anim. Pract., 30-35.
- Amann, R. P. – Waberski, D. (2014): Computer-assisted sperm analysis (CASA): capabilities and potential developments. Theriogenology, 81. 5-17.
- Amann, R. P. (1988): Relationships between computerized evaluations of spermatozoal motion and competitive fertility index. Proc 12th Tech Conf AI and Reproduction, 38-44.
- Birks, A. G. – Izzard, H. – Morroll, D. R. – Prior, J. R. – Troup, S. A. – Liebermann, B. A. – Matson, P. L. (1994): The routine assessment of sperm motility at room temperature and 37°C. Int. J. Androl. 17. 289-291.
- Givan, A. L. (2001): Flow Cytometry, First principles. Wiley-Liss, Inc., 296.
- Holt, W. V. (1996): Can we predict fertility rates? Making sense of sperm motility. Reprod. Dom. Anim., 31. 17-24.
- Hossain, M. S. – Johannisson, A. – Wallgren, M. – Nagy, S. – Siqueira, A. P. - Rodriguez-Martinez, H. (2011): Flow cytometry for the assessment of animal sperm integrity and functionality: state of the art. Asian J. Androl., 13. 406-419.
- Jequier, A. M. – Ukombe, E. B. (1983): Errors inherent in the performance of a routine semen analysis. Brit. J. Urol., 55. 434-436

- Martínez-Pastor, F. - Tizado, E. J. – Garde, J. J. - Anel, L. - de Paz, P. (2011):* Statistical Series: Opportunities and challenges of sperm motility subpopulation analysis. *Theriogenology*, 75. 783-795.
- Molnár, J. (1962):* Általános spermatológia. Akadémiai kiadó, Budapest. 252.
- Nagy, Sz. - Péntek, I. (2005):* Motilitásról másképp. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 54. 198-203.
- Nagy, Sz. (2002):* Emlős-spermiumok membránintegritás-vizsgálatai: Irodalmi áttekintés *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 51. 607-616.
- Peña, F. J. - Ortega Ferrusola, C. - Martín Muñoz, P. (2016):* New flow cytometry approaches in equine andrology. *Theriogenology*, 86. 366-372.
- Petrie, A. - Watson, P. F. (2013):* Statistics for Veterinary and Animal Science, 3rd ed., Blackwell Publishing, Oxford, 408.
- Petrunkina, A. M. – Harrison, R. A. (2013):* Fluorescence technologies for evaluating male gamete (dys)function. *Reprod. Domest. Anim.*, 48. 11-24.

Érkezett: 2022. április

Szerzők címe: Kovács B. M. - Nagy SZ. T.

Authors' address: Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Állattenyésztési Tudományok Intézet
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc u. 16.
Nagy.Szabolcs.Tamas@uni-mate.hu

CSÖKKENTETT NYERSFEHÉRJESZINTŰ, PROBIOTIKUMMAL KIEGÉSZÍTETT TAKARMÁNYOK HATÁSAI BROJLERCSIRKÉK TERMELÉSI EREDMÉNYEIRE ÉS BÉLEGÉSZSÉGÜGYI JELLEMZŐIRE

STRIFLER PATRIK – HORVÁTH BOGLÁRKA – BENCZE-NAGY JENNIFER – SUCH NIKOLETTA – CSITÁRI GÁBOR – DUBLECZ KÁROLY – PÁL LÁSZLÓ

ÖSSZEFOGLALÁS

A csökkentett nyersfehérjeszintű takarmánykeverékek és a probiotikumok alkalmazásának számosságát előnyét igazolták már külön-külön a brojlercsirkék termelési eredményei és a bél egészségi állapotának vonatkozásában. Az együttes alkalmazásra viszont kevés tudományos eredménnyel rendelkezünk. Szerzők jelen kísérletükben brojlercsirkék hizlalása során azt vizsgálták, hogy a takarmány nyersfehérjeteralmának 1,5%-kal (nevelő fázis), illetve 2%-kal (befejező fázis) történő csökkentése, továbbá egy probiotikum (BA=*Bacillus amyloliquefaciens* CECT 5940 tartalmú készítmény; 500 mg/kg) kiegészítés hogyan befolyásolja a csirkék termelési- és vágóérték paramétereit, valamint egyes bélegészségügyi tulajdonságokat. Összesen 576 Ross 308 genotípusú kakassal indult a kísérlet. Az állatok az indító fázisban (0-10. nap) fehérjecsökkentett takarmányozásban nem részesültek, a kontroll keverék mellett probiotikum-kiegészítésű keveréket fogyasztottak (C: kontroll nyersfehérjeszint; C+BA: kontroll nyersfehérjeszint+BA kiegészítés), kezelésenként 12 ismétlésben (fülkében), fülkénként 24 madárral. Nevelő (11-24. nap) – és befejező fázisban (25-39. nap) további két kezelési csoportot (LP: csökkentett nyersfehérjeszint; LP+BA: csökkentett nyersfehérjeszint+BA) alakítottak ki, kezelésenként 6 ismétlésben, fülkénként 24 madárral. A termelési paraméterek (testsúly, súlygyarapodás, takarmányértékesítés) esetében a csökkentett nyersfehérjeszintű tápot fogyasztó egyedek szignifikánsan jobb eredményt értek el a kontrollcsoport egyedéhez képest ($p<0,05$). A 29. napon végzett bélegészségügyi vizsgálat során megállapítható volt, hogy a BA kiegészítés mérsékelte a gázképződést és a kipirult Peyer plakkok előfordulását a vékonybélben ($p<0,05$). Ezen kívül a fehérjecsökkentett tápok hatására statisztikailag igazolható módon csökkent a vékonybél tünet előfordulása ($p<0,05$). A hizlalás végén, a 39. napon végzett vágóérték vizsgálat alapján elmondható, hogy a fehérjecsökkentés szignifikánsan megnövelte a hasúri zsír arányát ($p<0,05$). Az alkalmazott probiotikum a kontroll tápokot fogyasztó állatok esetében nem hatott a hasúri zsír arányára, a fehérjecsökkentett tápok esetében viszont igazoltan csökkentette az elzsírosodás mértékét ($p<0,05$).

SUMMARY

Strifler, P. – Horváth, B. – Bencze-Nagy, J. – Such, N. – Csitári, G. – Dublec, K. – Pál, L.: EFFECTS OF LOW PROTEIN DIETS AND PROBIOTIC SUPPLEMENTATION ON THE PERFORMANCE AND GUT HEALTH OF BROILER CHICKENS

The benefits of using reduced crude protein diets and probiotics separately have already been demonstrated for broiler production traits and gut health status. However, there are few scientific results for co-administration. In the present experiment, the authors investigated how the reduction of the dietary crude protein level (1.5% in the grower and 2% in the finisher phase) and the supplementation of a probiotic (BA=*Bacillus amyloliquefaciens* CECT 5940 containing product; 500 mg/kg) affects the production and carcass parameters of chickens and certain intestinal health properties. The experiment started with a total of 576 male Ross 308 one-day old chickens. Two treatments were used in the starter phase (days 0-10): a control diet (C: control crude protein level) and a probiotic supplemented diet (C + BA: control crude protein level + BA supplementation), in 12 replicates (pens) per treatment, with 24 birds per pen. Two additional treatment groups (LP:

reduced crude protein level; LP + BA: reduced crude protein level + BA) were formed in the grower (days 11-24) and finisher phase (days 25-39), with 6 replicates per treatment and 24 birds per pen. In the case of the production traits (body weight, body weight gain, feed conversion ratio), the birds fed low protein diets showed significantly better results compared to the birds in the control protein level groups ($p < 0.05$). BA supplementation reduced the gas production (ballooning) and the occurrence of inflamed Peyer's patches in the small intestine according to the examination of gut health status performed at day 29 ($p < 0.05$). In addition, the occurrence of the symptom of thin intestinal wall was decreased by reduced crude protein feeding. Furthermore, the crude protein reduction of diets led to a significantly increased ratio of abdominal fat compared to the control diets ($p < 0.05$). The probiotic supplement did not influence the ratio of the abdominal fat in the control protein groups. However, dietary BA supplementation decreased the ratio of abdominal fat of broilers fed low protein diets significantly ($p < 0.05$).

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A takarmánykeverékek nyersfehérje-tartalmának csökkentése kedvező lehetőséget biztosít a fehérjetakarmányozás hatékonyságának javítására, a fehérje túletetés negatív hatásainak elkerülésére és az ammónia emisszió csökkentésére. Az elmúlt évek kutatásai bizonyították, hogy a brojler hibridek technológiai ajánlásaiban szereplő értékeknél kisebb nyersfehérje tartalmú takarmánykeverékek is hatékonyan alkalmazhatók a hízalás során. Ennek alapfeltétele az állatok fehérje- és aminosav-szükségletének pontos kielégítése az „ideális fehérje” elv alapján, az emészthető aminosav alapú receptúrázás és a gyakorlatban széles körben elterjedt kristályos aminosav-kiegészítők használata. A táp nyersfehérje-tartalmának csökkentése esetén minél több esszenciális aminosav standardizált ileálisan emészthető (SID) értékét a szükségleti értéknek megfelelő „szinten” kell tartani a szintetikus aminosav-kiegészítők arányának emelésével. A kukorica-szója alapú keverékek esetében a metionin, a lizin és a treonin az első három limitáló aminosav, de ezek kiegészítése mellett a szintetikus valin, izoleucin és arginin pótlása is célszerű. Szója alapú tápsorral végzett korábbi kísérletünkben az átlagosan 2%-os nyersfehérje-csökkentés alkalmazásával a brojlerok súlygyarapodásának és takarmányértékességének szignifikáns javítása is sikerült a kontroll tápsorral szemben (*Dublecz és mtsai, 2018*). Egyes szerzők szerint a jövőben a jelenleginél nagyobb, kb. 3-5%-os szintű nyersfehérje-csökkentés is megvalósítható lesz a termelési eredmények romlása nélkül (*Selle és mtsai, 2020*). A 2%-os szintnél nagyobb fehérjecsökkentés esetében azonban már nagy jelentőséggel bír a nem esszenciális aminosavak rendelkezésre állása is, mint például a madaraknál a húgysavszintézishez szükséges glicin koncentrációja.

A fehérje- és aminosav-ellátás hatékonyságának javítása mellett hasonlóan fontos napjainkban az emésztőtraktus egészségével, mikrobiotájával kapcsolatos takarmányozás-élettani kérdések megválaszolása. Az antibiotikum-használat csökkentése érdekében előtérbe került különböző probiotikum-készítmények használata, amelyek mérsékelhetik a bél egészségét veszélyeztető „kihívások” negatív hatásait. A probiotikumoknak számos előnyös hatása van az állatok egészségi állapotára és jólétére (*Vuong és mtsai, 2016*). A *Bacillus*-alapú probiotikumok rendkívül megbízhatóak spóráképző képességük miatt, amely következtében a különböző környezeti behatásokkal szemben igen ellenállóak (pelletálás során

létrejövő hőhatás, gyomornedv savas kémhatása; *Shivaramaiah és mtsai*, 2011). Ezeket a baktériumokat széles körben alkalmazzák probiotikumként a humán- és állatgyógyászatban egyaránt. Korábbi vizsgálatok alapján a *Bacillus* baktériumok pozitív hatást fejtenek ki a patogén kórokozók kompetitív kizárása révén, illetve bizonyos antimikrobiális vegyületek szekréciója segítségével gátolják a patogén baktériumok szaporodását (*Cartman és mtsai*, 2008). A baktériumoknak ezen csoportja különféle enzimeket is termel (amiláz, tripszin, lipáz), így segítve a gazdaszervezetben a táplálóanyagok emésztését. A *Bacillus amyloliquefaciens* faj pozitív hatást gyakorolhat a brojlercsirkék termelési eredményeire is (*Lei és mtsai*, 2015). Habár ez az eredetét tekintve a talajbaktériumok közé tartozó mikroorganizmus nagyon hasonló a *Bacillus subtilis*hez, mégis különbségek figyelhetőek meg a kolonizációs képességeikben és az enzimtermelésükben (*Welker és Campbell*, 1967; *Reva és mtsai*, 2004). A *B. amyloliquefaciens* CECT 5940 (BA) széleskörű antimikrobiális aktivitással rendelkezik, amely brojlercsirkékkel folytatott kísérletekben a növekedési teljesítmény javulásában is megmutatkozott (*Kadaikunnan és mtsai*, 2015; *Lei és mtsai*, 2015).

Brojlercsirkékre vonatkozóan a csökkentett nyersfehérje tartalmú takarmánykeverékek és a probiotikumok vizsgálatát külön-külön számos kutatócsoport vizsgálta már. Az együttes vizsgálatra jóval kevesebb példát találunk a szakirodalomban. Kifejezetten a *Bacillus amyloliquefaciens* baktériumtörzsre vonatkozóan *Naseri és mtsai* (2020) végeztek kísérletet, ahol a teljes állományban elhalásos bélgyulladást indukáltak és így mutatták ki a BA törzs pozitív hatását a bél mikrobiótára és a táplálóanyagok emészthetőségére. Jelen kísérletünkben arra kerestük a választ, hogy indukált fertőzéstől mentes brojler állományban a BA törzs és a csökkentett nyersfehérje-tartalmú tápok együttesen hogyan befolyásolják a kísérleti állatok termelését és fontosabb bélegészségügyi jellemzőit.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Kísérleti állatok és elhelyezésük

A kísérlet helyszínét a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Élettani és Takarmányozástani Intézet Georgikon Campusán található kísérleti telep biztosította. Összesen 576 Ross 308 genotípusú napos kakással indult a kísérlet, amelyeket egy helyi keltetőből szereztünk be (Gallus Ltd., Devecser, Magyarország). A naposcsibéket egy számítógépes rendszerrel automatikusan vezérelt, optimális környezeti feltételeket biztosító, zárt teremben helyeztük el. A madarakat véletlenszerűen osztottuk szét mélyalmos rendszerű kísérleti fülkékben, ahol egy fülkében 24 állat került elhelyezésre (14 madár/m²). Alományagnak szecskázott búzaszalmát használtunk. A csirkéknek az egész hizlalási periódus alatt *ad libitum* takarmány- és ivóvíz hozzáférést biztosítottunk. A világítási, fűtési és szellőztetési programot az *Aviagen* (2019) előírásainak megfelelően állítottuk be. Az állatokat a keltetőben immunizálták fertőző bronchitis (Cevac Bron), Newcastle betegség (Vitapest) és fertőző bursitis (Cevac Ttransmune) ellen. A kokcidiózis megelőzése érdekében a csirkéket 6 napos korban élő, legyengített kokcidiózis vakcinával (Evant ®, Hipra) kezeltük.

Kísérleti kezelések és takarmányozás

A kísérlet során háromfázisú takarmányozást alkalmaztunk: indító- (0-10 nap; dercés), nevelő- (11-24 nap; granulált) és befejező fázist (25-39 nap; granulált). Az indító fázis esetében egy kontroll (C) és egy probiotikummal (Ecobiol 500® 0,5 g/kg takarmány; *Bacillus amyloliquefaciens* CECT 5940 (BA), min. 2×10^9 CFU/g; Evonik Nutrition & Care GmbH, Germany) kiegészített takarmánykeveréket etettünk (C+BA), kezelésként 12 ismétlésben (fülkében). A C csoport kísérleti keveréke a Ross 308 hibrid előírt szükségleteit kielégítő takarmánykeverék volt (Aviagen, 2019). A nevelő- és befejező fázisban négy kísérleti keveréket etettünk, mindegyik esetében 6 ismétlést alkalmazva: kontroll (C; az indító kezelés 6 fülkéje), probiotikummal kiegészített keverék (C+BA; az indító C+BA csoport 6 fülkéje), fehérjecsökkentett takarmánykeverék (LP; az indító C kezelés 6 fülkéje), probiotikummal kiegészített fehérjecsökkentett keverék (LP+BA; az indító C+BA kezelés 6 fülkéje). A csökkentett fehérjeszintű keverékek (LP) nyersfehérje-tartalma a nevelő szakaszban 1,5%-kal, a befejező szakaszban 2,0%-kal volt kisebb a kontrollkeverékek (C) nyersfehérje-tartalmánál. A kísérleti keveréktakarmányokat a MATE Georgikon Campusán állítottuk össze. A kísérleti keverékek összetételét és számított táplálóanyag-tartalmát az 1. táblázat mutatja be. Az LP és LP+BA kezelések esetében a kisebb nyersfehérjeszintet az extrahált szójadara arányának csökkentésével értük el. A keverékek mért nyersfehérje-tartalma nem tért el jelentősen a számított értékektől (1. táblázat). Hat esszenciális aminosav

1. táblázat

A kísérleti takarmánykeverékek összetétele és számított táplálóanyag-tartalma az indító-, nevelő- és befejező fázisban

Összetevők (g/kg) (1)	Indító (2)		Nevelő (3)		Befejező (4)	
	C és C+BA (5)	C és C+BA	LP és LP+BA (6)	C és C+BA	LP és LP+BA	
Kukorica (7)	375	406	431	430	463	
Búza (8)	100	100	100	100	100	
Extrahált szójadara (9)	345	239	119	215	76,9	
Extrahált napraforgódara (10)	50,0	100	150	100	150	
DDGS (11)	30,0	50,0	90,3	50,0	100	
Növényi olaj (12)	54,2	64,9	62,0	68,3	63,1	
MCP (13)	10,9	8,27	7,66	7,20	6,61	
Takarmánymész (14)	18,3	15,8	16,4	15,1	15,8	
L-lizin (Biolys®) (15)	3,82	4,45	8,78	3,78	8,87	
DL-metionin (MetAMINO®) (16)	3,14	2,33	2,63	2,02	2,40	
L-treonin (ThreAMINO®) (17)	0,89	0,73	1,65	0,54	1,65	
L-valin (ValAMINO®) (18)	0,63	0,27	1,29	0,00	1,19	
L-izoleucin (19)	0,00	0,00	1,21	0,00	1,45	
L-arginin (20)	0,00	0,00	0,72	0,00	1,14	
Premix* (21)	5,00	5,00	5,00	5,00	5,00	
Takarmánysó (22)	2,85	2,68	2,41	2,67	2,36	
Szódabikarbóna (23)	0,61	0,57	0,27	0,59	0,18	
Fitáz (Quantum Blue) (24)	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	

Összetevők (g/kg) (1)	Indító (2)		Nevelő (3)		Befejező (4)	
	C és C+BA (5)	C és C+BA	LP és LP+BA (6)	C és C+BA	LP és LP+BA	
Xilánáz (Econase XT25) (25)	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	
Összesen (26)	1000	1000	1000	1000	1000	
Táplálóanyag-tartalom (g/kg) (27)						
AMEn (MJ/kg) (28)	12,6	13,0	13,0	13,2	13,2	
Nyersfehérje – számított (29)	230	205	190	196	176	
Nyersfehérje – mért (30)	224	202,8	187,9	192,9	171,2	
Nyerszsír (31)	69,6	82,3	81,9	86,2	83,7	
Nyersrost (32)	41,7	48,6	55,9	47,8	55,0	
Ca (33)	10,5	9,0	9,0	8,5	8,5	
P hasznosítható (34)	3,5	3,0	3,0	2,7	2,7	
SID Lizin (35)	12,7	10,9	10,9	10,0	10,0	
SID Metionin (36)	6,2	5,3	5,5	4,9	5,2	
SID Metionin+Cisztein (37)	9,2	8,1	8,1	7,6	7,6	
SID Treonin (38)	8,0	7,0	7,0	6,5	6,5	
SID Triptofán (39)	2,5	2,2	1,8	2,0	1,6	
SID Valin (40)	10,0	8,7	8,7	8,0	8,0	
SID Izoleucin (41)	8,6	7,5	7,5	7,1	7,1	
SID Arginin (42)	14,1	12,5	11,3	11,8	10,6	
Glicin ekvivalens (43)	16,5	15,1	13,6	14,5	12,6	

C – kontrollkezelés; C+BA – kontroll táp probiotikummal kiegészítve; LP – nyersfehérje-csökkentés a kontrollhoz képest; LP+BA – LP táp probiotikummal kiegészítve

Table 1. Composition and nutrient content of experimental feed in the starter, grower and finisher phases

ingredients (1); starter phase (2); grower phase (3); finisher phase (4); C and C+BA groups (5); LP and LP+BA groups (6); corn (7); wheat (8); soybean meal (9); sunflower meal (10); DDGS (11); oil (12); MCP (13); limestone (14); L-lysine (15); DL-methionine (16); L-threonine (17); L-valine (18); L-isoleucine (19); L-arginine (20); premix (21); feed salt (22); sodium bicarbonate (23); phytase (24); xilánase (25); sum (26); nutrient content (27); AMEn (28); crude protein – calculated (29); crude protein – measured (30); crude fat (31); crude fibre (32); calcium (33); available P (34); SID lysine (35); SID methionine (36); SID methionine+cystine (37); SID threonine (38); SID triptophan (39); SID valine (40); SID isoleucine (41); SID arginine (42) glycine equivalent (43)

esetében kristályos aminosav-kiegészítést alkalmaztunk (lizin, metionin, treonin, valin, izoleucin, arginin). A különböző kezelések takarmányait úgy állítottuk elő, hogy a standardizált ileális emészthetőségi (SID) értékek azonosak legyenek ezen aminosavak esetében. Az esszenciális aminosavak SID-értékének és lizinhez viszonyított arányainak megállapításánál az Evonik cég AminoChick2.0® szoftverének ajánlásait vettük figyelembe (Evonik, 2014). A kísérleti keveréktakarmányok nem tartalmaztak kokcidiosztatikumokat, tárolásuk száraz és hűvös helyen történt (<20°C).

Mérések és mintavételi eljárások

A csirkék testsúlyát egyedileg megmértük napos korban, illetve az egyes takarmányozási fázisok végén (10., 24. és 39. napon), ezután megállapítottuk a

testsúlygyarapodást. Szintén a fázisok végén mértük a fülkénkénti takarmányfogyasztást, amelyet követően kiszámítottuk az adott fülkéhez tartozó átlagos egyedi takarmányfelvételt és takarmányértékesítést. A termelési paraméterek statisztikai vizsgálata során fülkeátlagokkal dolgoztunk (kezelésenként 6 ismétlés; $n=6$). A kísérleti takarmánykeverékekből minden fázis és kezelés esetében mintákat gyűjtöttünk, majd ezekből a Kjeldahl módszer (ISO 20483:2013) szerint megmértük a nyersfehérje-tartalmat.

A kísérleti állatok 29 napos korában bélegészségügyi vizsgálatra került sor a Vet-Produkt Kft. munkatársainak segítségével. Az Evonik cég által biztosított „bél egészség monitoring program” alapján ketrecenként 3-3 db egészségesnek tűnő, átlagos fejlettségű madáron végeztük el az emésztőrendszer vizsgálatát. A vizsgálatra kerülő állatok kíméletes leölése széndioxiddal végzett kábítást követően cervikális diszlokációval történt (állatkísérleti engedély száma: ZA1/040/01566-2/1/2020). Az értékelés során a következő jellemzők meglétét (1 pont) vagy hiányát (0 pont) jegyeztük fel állatonként: béltartalom gázosodás, diszbakteriózis, elhalásozott bélgulladás, fokozott bélnyák termelés, kipirult Peyer-plakkok, vékony bélfal. A kokciidiózis vizsgálatot *Johnson és Reid* (1970) által kidolgozott ún. „*Lesion scoring*” értékelő módszer szerint végeztük el. A módszer alapján az *Eimeria* fajok által okozott bélelváltozások elbírálására a bélcsontra négy szakaszára (*duodenum*, *jejunum*, *ileum*, *caecum*) vonatkozóan került sor. Az elváltozások súlyossága szerint 0-4 értékkel pontozva 0 pontot adtunk, amikor nem volt elváltozás, 4 pontot, amikor nagyon súlyos léziók látszódtak. A madaranként adott összpontszámot elosztottuk a bélszakaszok számával, s az így kapott hányadost értékeltük.

A hízalás 39. napján került sor az állatok vágóértékének megállapítására. Széndioxidos kábítás után kezelésenként 48 állat leölésére került sor. Meghatároztuk a vágási kihozatalt (a konyhakész testsúlynak az élősúlyhoz viszonyított arányát), az élősúlyhoz viszonyított ún. relatív mellfilé arányát, a relatív comb arányt és a hasúri zsír relatív arányát. A konyhakész testsúly az állatok nyúzása, az emésztőtraktus, a fej és a lábvégek eltávolítása után mért súlyt jelentette.

Statisztikai analízis

Az adatok előkészítését a statisztikai analízisre a Microsoft Office Excel 2010 programmal végeztük el, ezután az IBM SPSS (version 22, SPSS, Inc., Chicago, IL, USA) statisztikai elemzőcsomaggal értékeltük ki őket. A termelési és vágóérték paraméterek értékelése során az egyes fülkék jelentették a kísérleti egységeket. A kiugró adatok kiszűrését a varianciák homogenitásának ellenőrzése (Levenetest) követte. Az indító szakasz eredményeit t-tesztel, míg a fehérjecsökkentés és a probiotikum-kiegészítés hatását kéttényezős varianciaanalízissel (ANOVA) értékeltük. Utóbbi esetében, ha valamely tényező hatása az F-teszt alapján szignifikánsnak bizonyult, a kezelések közötti különbségek kimutatására Tukey-tesztet használtunk. A kokciidiózis pontozás (Mann-Whitney teszt) kivételével a bélegészségügyi elváltozások előfordulási arányait Khi négyzet próbával értékeltük. Szignifikánsnak fogadtuk el a csoportok közötti különbségeket 0,05-nél kisebb p-érték esetében.

EREDMÉNYEK

Termelési paraméterek

Vizsgálataink során négy termelési paraméter esetében hasonlítottuk össze a különböző kezeléseket: testsúly, testsúlygyarapodás, takarmányfelvétel és takarmányértékesítés. Az indító fázisban mért termelési paramétereket a 2. táblázat szemlélteti. A hizlalási periódus első 10 napjában (indító fázis) nem volt megfigyelhető statisztikailag igazolható különbség a kontroll és a probiotikum kezelés között ($p > 0,05$).

2. táblázat

Az indító fázisban mért termelési paraméterek

	Testsúly (g; 0. nap) (1)	Testsúly (g; 10. nap) (2)	Testsúly- gyarapodás (g) (3)	Takarmány- felvétel (g) (4)	Takarmány- értékesítés (kg/kg) (5)
C (6)	44,9	325	280	346	1,24
C+BA (7)	44,8	322	277	356	1,29
t-teszt (8)	NS	NS	NS	NS	NS

C – kontroll kezelés; C+BA – kontroll táp probiotikummal kiegészítve; NS = nem szignifikáns hatás ($p > 0,05$); $n=12$

Table 2. Summarized production traits of the starter phase

body weight day 0. (1); body weight day 10. (2); body weight gain (3); feed intake (4); feed conversion ratio (5); group control (6); group C+BA (7); t-test (8)

A takarmánykeverékek eltérő nyersfehérjesszintjét, mint kezelés hatást a hizlalás nevelő szakaszától értékeltük (3. táblázat). A csirkék testsúlyát elemezve megfigyelhető, hogy a fehérjecsökkentett kezelésben részesülő LP és LP+BA csoportok egyedei szignifikánsan ($p < 0,05$) nagyobb testsúlyt értek el a 24. és a 39. napon. A testsúlygyarapodást vizsgálva megállapítható, hogy a fehérjecsökkentés statisztikailag igazolható módon javította ezt a tulajdonságot külön a nevelő- és befejező fázisban, valamint a teljes (nevelő+befejező) időszakra vonatkoztatva egyaránt. A probiotikumot fogyasztó csoportok egyedei (C+BA és LP+BA) szignifikánsan gyengébben teljesítettek a 24. napi testsúly és a nevelő fázisban mért testsúlygyarapodás tekintetében, mint a probiotikum-kiegészítésben nem részesülő csoportok (C és LP). A kísérlet végi testsúlyt, illetve a befejező és nevelő+befejező szakaszokra vonatkozó testsúlygyarapodást azonban a probiotikum-kiegészítés nem befolyásolta igazolható módon. A takarmányfelvétel és a takarmányértékesítés eredményei a 4. táblázatban láthatóak. A takarmányértékesítésben az LP és LP+BA kezelések szignifikánsan kedvezőbb értéket produkáltak, mint a kontroll nyersfehérjesszintű kezelések (C és C+BA). A fehérjecsökkentett takarmányozási kezelés a takarmányfelvételre is szignifikáns hatással volt: a fehérjecsökkentett kezelésben résztvevő csirkék 4,2%-kal kevesebb takarmányt fogyasztottak, mint a hagyományos nyersfehérje kezelésben részesülő madarak. A probiotikum-kiegészítés ezt a két paramétert nem befolyásolta. A kísérleti kezelések nem befolyásolták szignifikánsan az elhullási arányokat a teljes

3. táblázat

A nevelő (11.-24. nap) - és a befejező fázisban (25-39. nap) mért átlagos testsúlyok és testsúlygyarapodások

Takarmánykezelések (1)		Testsúly (g) (2)		Testsúlygyarapodás (g) (3)		
Nyersfehérjeszint (4)	Probiotikum (5)	24. nap (6)	39. nap (7)	Nevelő (8)	Befejező (9)	Teljes időszak alatt (10)
Kontroll (C) (11)	BA- (13)	1061,7	2090,2	740,7	937,2	1677,9
	BA+ (14)	1043,5	2119,1	716,7	986,3	1703,1
Csökkentett (LP) (12)	BA- (13)	1140,8	2360,6	812,4	1111,1	1923,5
	BA+ (14)	1087,9	2209,5	770,8	1033,1	1803,9
A nyersfehérjeszint hatása (15)						
Kontroll (C) (11)		1052,6 ^b	2104,7 ^b	728,7 ^b	961,7 ^b	1690,5 ^b
Csökkentett (LP) (12)		1114,4 ^a	2285,1 ^a	791,6 ^a	1072,1 ^a	1863,7 ^a
Probiotikum-kiegészítés hatása (16)						
BA- (13)		1101,3 ^a	2225,4	776,6 ^a	1024,1	1800,7
BA+ (14)		1065,7 ^b	2164,3	743,7 ^b	1009,7	1753,5
Szigifikancia szint (p-érték) (17)						
Fehérjehatás (18)		< 0,001	< 0,001	< 0,001	< 0,05	< 0,001
Probiotikum hatás (19)		< 0,05	NS	< 0,05	NS	NS
Fehérjehatás+Probiotikum hatás (20)		NS	NS	NS	NS	NS

BA -/+ = probiotikum nélkül/probiotikum-kiegészítés; NS = nem szignifikáns hatás ($p > 0,05$); ^{ab} = a különböző betűjelzések szignifikáns különbséget jeleznek ($p < 0,05$ vagy $p < 0,001$); $n = 6$

Table 3. Average body weight and body weight gain in the grower- and finisher phase

dietary treatments (1); body weight (2); body weight gain (3); level of crude protein (4); probiotic supplementation (5); day 24. (6); day 39. (7); grower phase (8); finisher phase (9); sum (10); control protein level (11); reduced protein level (12); without *Bacillus amyloliquefaciens* supplementation (13); supplemented with *Bacillus amyloliquefaciens* (14); effect of crude protein level (15); effect of probiotic supplementation (16); p-values (17); effect of protein (18); effect of probiotic (19); effect of protein and probiotic (20)

kísérlet folyamán, amely az egész kísérletre vonatkozóan 4,9% volt (C: 4,2%; C+BA: 6,3%; LP: 4,9%; LP+BA: 4,2%; $p > 0,05$).

Vágóérték vizsgálat

A kísérlet végén végzett vágóérték vizsgálat eredményeit az 5. táblázat mutatja be. A vágási kihozatal, a relatív mellfilé és comb arányok esetében a kezelések nem fejtettek ki szignifikáns hatásokat ($p > 0,05$). A relatív hasúri zsír arányát vizsgálva azonban megállapítható volt, hogy a fehérjecsökkentett takarmányozás hatására szignifikánsan megnőtt a hasúri zsír beépülése a hagyományos nyersfehérjeszintű

4. táblázat

A kísérleti kezelések hatása a takarmányfelvétel és a takarmányértékesítés átlagértékeire

Takarmánykezelések (1)		Takarmányfelvétel (g/madár) (2)			Takarmányértékesítés (kg/kg) (3)		
Nyersfehérjeszint (4)	Probiotikum (5)	Nevelő (6)	Befejező (7)	Teljes időszak alatt (8)	Nevelő	Befejező	Teljes időszak alatt
Kontroll (C) (9)	BA- (11)	1380,47	2126,26	3506,72	1,87	2,27	2,09
	BA+ (12)	1369,46	2154,26	3523,72	1,91	2,20	2,07
Csökkentett (LP) (10)	BA- (11)	1355,80	2143,56	3499,36	1,67	1,94	1,82
	BA+ (12)	1279,27	2144,11	3423,38	1,66	2,08	1,90
A nyersfehérjeszint hatása (13)							
Kontroll (C) (9)		1374,96 ^a	2140,26	3515,22	1,89 ^a	2,23 ^a	2,08 ^a
Csökkentett (LP) (10)		1317,53 ^b	2143,83	3461,37	1,67 ^b	2,01 ^b	1,86 ^b
Probiotikum-kiegészítés hatása (14)							
BA- (11)		1368,13	2134,91	3503,04	1,77	2,11	1,96
BA+ (12)		1324,37	2149,18	3473,55	1,79	2,14	1,99
Szignifikancia szint (p-érték) (15)							
Fehérjehatás (16)		< 0,05	NS	NS	< 0,001	< 0,05	< 0,001
Probiotikum hatás (17)		NS	NS	NS	NS	NS	NS
Fehérjehatás+Probiotikum hatás (18)		NS	NS	NS	NS	NS	NS

BA -/+ = probiotikum nélkül/probiotikum-kiegészítés; NS = nem szignifikáns hatás (p>0,05); ^{ab} = a különböző betűjelzések szignifikáns különbséget jeleznek (p<0,05 vagy p<0,001), n=6

Table 4. Effect of dietary treatments on feed intake and feed conversion ratio

dietary treatments (1); feed intake (2); feed conversion ratio (3); level of crude protein (4); probiotic supplementation (5); grower phase (6); finisher phase (7); sum (8); control protein level (9); reduced protein level (10); without *Bacillus amyloliquefaciens* supplementation (11); supplemented with *Bacillus amyloliquefaciens* (12); effect of crude protein level (13); effect of probiotic supplementation (14); p-values (15); effect of protein (16); effect of probiotic (17); effect of protein and probiotic (18)

takarmányt fogyasztó kezelésekhez képest (p<0,05). Ezenkívül a fehérjehatás és a probiotikum hatás között igazolt kölcsönhatást figyeltünk meg. Míg a normál fehérjeszintű csoportokban nem, a fehérjecsökkentett tápot fogyasztó csoportokban a probiotikum hatására csökkent a hasúri zsír aránya a probiotikum nélküli csoporttal szemben (p<0,05).

Bélegészségügyi jellemzők

A bélegészségügyi vizsgálatra kiválasztott állatok belső szervei épek, egészségesek, a légutak tiszták, elváltozástól mentesek voltak. A bélfalak erezettsége nem volt szembetűnő, rugalmasság és jó konzisztencia jellemezte őket. A bélegész-

A takarmánykezelések hatása a kísérleti állatok vágóértékére (átlag; %)

Takarmánykezelések (1)		Vágóérték jellemző (%) (2)			
Nyersfehérjeszint (3)	Probiotikum (4)	Vágási kihozatal (5)	Mellfilé (6)	Comb (7)	Hasúri zsír (8)
Kontroll (C) (9)	BA- (11)	71,75	19,61	21,72	0,36 ^c
	BA+ (12)	72,36	19,29	21,74	0,39 ^{bc}
Csökkentett (LP) (10)	BA- (11)	72,65	19,50	21,77	0,61 ^a
	BA+ (12)	71,67	19,17	21,38	0,49 ^b
A nyersfehérjeszint hatása (13)					
Kontroll (C) (9)		72,05	19,45	21,73	0,37 ^b
Csökkentett (LP) (10)		72,16	19,34	21,57	0,55 ^a
Probiotikum-kiegészítés hatása (14)					
BA- (11)		72,20	19,56	21,74	0,48
BA+ (12)		72,02	19,23	21,56	0,44
Szignifikancia szint (p-érték) (15)					
Fehérjehatás (16)		NS	NS	NS	< 0,001
Probiotikum hatás (17)		NS	NS	NS	NS
Fehérjehatás+Probiotikum hatás (18)		NS	NS	NS	< 0,05

BA -/+ = probiotikum nélkül/probiotikum-kiegészítés; NS = nem szignifikáns hatás ($p > 0,05$); ^{ab} = a különböző betűjelzések szignifikáns különbséget jeleznek ($p < 0,05$ vagy $p < 0,001$); $n=12$

Table 5. Effect of dietary treatments on carcass composition

dietary treatments (1); carcass parameters (2); level of crude protein (3); probiotic supplementation (4); carcass yield (5); breast meat yield (6); thigh yield (7); abdominal fat (8); control protein level (9); reduced protein level (10); without *Bacillus amyloliquefaciens* supplementation (11); supplemented with *Bacillus amyloliquefaciens* (12); effect of crude protein level (13); effect of probiotic supplementation (14); p-values (15); effect of protein (16); effect of probiotic (17); effect of protein and probiotic (18)

ségügyi vizsgálat számszerű eredményeit az 6. táblázat tartalmazza. A kokcidiózis vizsgálat pontszámait a takarmányozási kezelések nem befolyásolták. Az átlagpontok az értékelő rendszer alapján a 0-0,6 közötti tartományban helyezkedtek el, normális státuszt mutatva, amikor a kokcidiózis negatív következményeire nem kell számítanunk. A negatív bélelváltozások közül háromnál mutattuk ki valamelyik takarmányozási kezelés szignifikáns hatását. Az ionofor kokcidiosztatikum program használatához képest több esetben tapasztaltunk elhalásos bélgyulladásra gyanút keltő elváltozásokat és magas gáztartalmú beleket, a bél lumenben habos béltartalmat. A vakbelek sok esetben gázosak voltak, híg, habos tartalommal, és figyelemfelkeltő volt a nagy számban tapasztalt minimális, illetve üres tartalmuk. A probiotikumot nem fogyasztó állatok esetében 52,8%-ban volt jelen intenzív gázosodás a bélben, amit a probiotikum használata közel felére, 25,0%-os előfordulási arányra csökkentett. A probiotikum további szembetűnő és igazolt kedvező hatása

6. táblázat

Bélegészségügyi vizsgálat eredményei

Takarmánykezelések (1)		Kocidiózis pontszám ¹ (n=6) (3)	Bélegészségügyi elváltozások előfordulási aránya (%; n=18) (2)						
			Gázképződés (4)	Kipirult Peyer-plakkok (5)	Vékony bélfal (6)	Fokozott bélnyák termelés (7)	Elhalásos bélgülladás (8)	Diszбактерiozis (9)	
Nyersfehérje-szint (10)									
Probiotikum (11)									
Kontroll (C) (12)		0,416	55,6	33,3	16,7	22,2	11,1	5,6	
BA- (14)		0,333	27,8	16,7	16,7	22,2	16,7	11,1	
BA+ (15)		0,277	50,0	55,6	0,0	5,6	27,8	16,7	
Csökkentett (LP) (13)		0,333	22,2	16,7	5,6	11,1	11,1	22,2	
BA+ (15)									
A nyersfehérje szint hatása (16)									
Kontroll (C) (12)		0,375	41,7	25,0	16,7 ^a	22,2	13,9	8,3	
Csökkentett (LP) (13)		0,305	36,1	36,1	2,8 ^b	8,3	19,4	19,4	
Probiotikum-kiegészítés hatása (17)									
BA- (14)		0,374	52,8 ^a	44,4 ^a	8,3	13,9	19,4	11,1	
BA+ (15)		0,333	25,0 ^b	16,7 ^b	11,1	16,7	13,9	16,7	
Szignifikancia szint (p-érték) (18)									
Fehérjehatás (19)		NS ³	NS	NS	< 0,05	NS	NS	NS	
Probiotikum hatás (20)		NS	< 0,05	< 0,05	NS	NS	NS	NS	

¹ Lesion scoring értékelő rendszere alapján (Johnson és Reid, 1970); BA -/+ = probiotikum nélkül/probiotikum-kiegészítés; NS= nem szignifikáns hatás (p>0,05)

^{a,b} eltérő betűjelek szignifikáns különbséget jelölnek (p<0,05); n=18

Table 6. Results of gut health examination

dietary treatments (1); rate of intestinal lesions (2); lesion score of coccidiosis (3); gas formation (4); flushed Peyer-plakks (5); thin intestine (6); increased mucus production (7); necrotic enteritis (8); dysbacteriosis (9); level of crude protein (10); probiotic supplementation (11); control protein level (12); reduced protein level (13); without *Bacillus amyloliquefaciens* supplementation (14); supplemented with *Bacillus amyloliquefaciens* (15); effect of crude protein level (16); effect of probiotic supplementation (17); p-values (18); effect of protein (19); effect of probiotic (20)

volt, hogy a bélfal Peyer-plakkjai kevésbé voltak kifejezettek, kipirultak (17,6%), ami a probiotikum nélküli brojlerek esetében 44,4%-ban jellemző volt. A csökkentett nyersfehérje szintű takarmányozás hatására kisebb arányban fordult elő vékony bélfal. Erős tendenciaként megfigyeltük, hogy a nyersfehérje csökkentés esetében kevesebb volt a fokozott bélnyáktermelést mutató állat (22,2 vs. 8,3%).

EREDMÉNYEK ÉRTÉKELÉSE

Kísérletünkben a nevelő és befejező fázisban alkalmaztunk csökkentett nyersfehérje-tartalmú kísérleti tápokot, amelyekre vonatkozóan a célként megfogalmazott, a kontrolltápokhoz viszonyított 1,5 (nevelő fázis) illetve 2%-os (befejező fázis) fehérje csökkentést a takarmány analízise alapján is sikerült megvalósítanunk. Számos kísérlet eredményei alapján a takarmánykeverékek nyersfehérje-tartalmának a technológiai ajánláshoz viszonyított 2%-os csökkentése a termelési eredmények romlása nélkül végrehajtható (*Belloir és mtsai*, 2015). A jelen kísérlet eredményei azt mutatják, hogy csökkentett nyersfehérjeszintű tápokkal a termelési paraméterek (testsúly, testsúlygyarapodás, takarmányértékesítés) nem csak szinten tarthatók, de javíthatók is a kontroll fehérjeszintű tápokhoz képest. *Belloir és mtsai* (2017) tendenciaszerűen javították a csirkék súlygyarapodását a 21-35. nap között, amikor a kontrolltáp 19%-os nyersfehérje-tartalmát 16%-ra csökkentették. Korábbi, hasonló felépítésű kísérletünkben a 2%-kal csökkentett nyersfehérje-tartalmú tápokkal szintén szignifikánsan jobb termelési eredményeket értünk el, mint a hagyományos tápsorral (*Dublecz és mtsai*, 2018). Ennek feltételei voltak, hogy alkalmaztuk az ideális fehérje koncepciót, illetve a legfontosabb esszenciális aminosavak SID értékét az AminoChick2.0® ajánlásnak megfelelően a kontrolltápok szintjén tartottuk hatféle kristályos aminosav-kiegészítés (lizin, metionin, treonin, valin, izoleucin, arginin) segítségével. A kontroll nevelő tápokban az izoleucin és arginin, a befejező tápokban pedig e két aminosav mellett a valin kiegészítésére sem volt szükség.

A metionin és lizin aminosavak után a brojlertápok harmadikként limitáló aminosava általában a treonin, amelynek optimalizálása már az 1-1,5%-os fehérje-csökkentés esetén is elengedhetetlen. A tápok nyersfehérje szintjének nagyobb mértékű, 2,4-4,5%-os csökkentése esetén általános tapasztalat volt a csirkék vérplazma szabad treonin koncentrációjának 66-116%-os növekedése (*Fancher és Jensen*, 1989; *Chrystal és mtsai*, 2020ab). Ezt a növekedést valószínűleg a treonint bontó treonin-dehidrogenáz enzim aktivitásának csökkenése okozhatja. Az egyik legvalószínűbb magyarázat az enzim kisebb aktivitására a csökkentett nyersfehérje szintű tápok nagyobb keményítőtartalmából eredő megemelkedett acetyl-CoA koncentráció. Az acetyl-CoA a treonin, mint ketogén aminosav katabolizmusának fő végtermékeként gátolhatja az enzim működését. A treonin 544 mmol/l vérplazma koncentrációt meghaladó növekedése esetén a takarmányértékesítés egyre kedvezőtlenebbé válik. A treoninból a nem-esszenciális glicin és szerin keletkezhet, amelyek 2%-nál nagyobb fehérjecsökkentés esetén limitáló aminosavakká válhatnak. Elméletileg a takarmány treoninszint megemelése segíthetné a glicin és szerint ellátást, ugyanakkor a vérplazma szabad treonin szintjének növekedésével az említett kísérletekben a glicin koncentrációjának egyidejű csökkenését is kimutatták a plazmában (*Chrystal és mtsai*, 2020ab).

Több mint tíz éve folytatott vizsgálatokban egyes szerzők a fehérjecsökkentett kísérleti tápok aminosav-egyensúlyát csak a lizin, metionin+cisztein és treonin esetében módosították a kontrolltápoknak megfelelő szintre, de nem használtak valin-, arginin- és izoleucin-kiegészítést, ami már abban az időben is az alacsony fehérjetartalmú tápokkal etetett brojlerek gyengébb teljesítményéhez vezetett (*Leitgeb és mtsai*, 2003; *Khajali és Moghaddam*, 2006; *Guaiume*, 2007). A brojlertápokban a negyedik limitáló aminosav kizárólag növényi eredetű alapanyagok esetén a valin, illetve ettől eltérő alapanyagbázis esetén előfordulhat, hogy az izoleucin. Mindkét aminosav elágazó szénláncú, a kísérletünkben is alkalmazott 1,5-2,0%-s nyersfehérje csökkentés esetén célszerű SID-alapon számított koncentrációjuk szinten tartása a teljesítménycsökkenés megelőzése érdekében (*Selle és mtsai*, 2020). A szója nagy koncentrációban tartalmazza az arginint, így a kontrolltápokban szintetikus arginin-kiegészítés nélkül is nagyobb volt a SID argininszintje, mint a brojler kakasokra vonatkozó AminoChick2.0® alapú ajánlások (nevelő: 12,5 vs. 11,3 g/kg; befejező: 11,8 vs. 10,5 g/kg). A csökkentett nyersfehérje-tartalmú tápokban a kristályos arginin-kiegészítésekkel a szükségletet kielégítő SID argininszinteket biztosítottuk, ami a kontroll- és a fehérjecsökkentett tápok között 1,2 g/kg SID argininkoncentráció különbséget eredményezett a kontrollkezelések javára. A SID arginin:lizin arányokat tekintve a kontrolltápok (nevelő-befejező) 1,14-1,18, míg a fehérjecsökkentett tápok 1,03-1,06 arányokkal voltak jellemezhetőek. Más szerzők eredményei alapján a tápok SID arginin:lizin különbségei jelen kísérletünkben nem magyarázhatják a csökkentett fehérjetartalmú keveréket fogyasztó brojlerek jobb testsúlygyarapodási és takarmányértékesítési eredményeit (*Fouad és mtsai*, 2013; *Zampiga és mtsai*, 2018). Sőt, *Zampiga és mtsai* (2018) a nagyobb emészthető arginin-lizin arányú tápoknál (1,05-1,07 vs. 1,15-1,17) mutattak ki szignifikánsan kedvezőbb takarmányértékesítést a hizlalás első 33 napjára vonatkozóan.

Amennyiben a hizlalás első 21 napjában a tápok nyersfehérjeszintjét 19%, a 21-35. nap között pedig 16-17% alá kívánjuk csökkenteni, akkor a növekedési teljesítmény szempontjából a glicin és szerin nem-esszenciális aminosavakból képzett un. glicin-ekvivalens (glicin (g/kg) + (0,7143 x szerin (g/kg))) koncentráció is limitálónak válik. A brojlerek glicin-ekvivalens szükséglete nem állandó, a becslések szerint az első 21 napban 11-20 g/kg között változik. A növekvő glicin-ekvivalens érték nemlineáris módon pozitívan hat a növekedési jellemzőkre és ezeket az összefüggéseket befolyásolja többek között a metionin+cisztein, a treonin, az arginin és a kolin koncentrációja is (*Siegert és Rodehutscord*, 2019). Véleményünk szerint, mivel a kísérletünkben a nevelő és befejező tápok nyersfehérjeszintjei nem csökkentek a fenti kritikus értékek alá, a kontroll és a fehérjecsökkentett tápok glicin-ekvivalens értékeinek különbségei valószínűleg nem befolyásolták a termelési eredményeket.

A csökkentett nyersfehérje-tartalmú tápokkal a kísérlet minden fázisában elért szignifikánsan nagyobb testsúlyra és testsúlygyarapodásra, kedvezőbb takarmányértékesítésre egyértelmű magyarázatot nem tudunk adni. Korábbi hasonló kísérletünkben a csökkentett nyersfehérje-tartalmú tápot fogyasztó kísérleti állatok nagyobb takarmányfelvételén alapuló, igazoltan nagyobb emészthetőaminosav-felvétele vezethetett a kontrollcsoportot meghaladó növekedési teljesítményhez (*Dublecz és mtsai*, 2018). Jelen kísérletben a tápok kisebb nyersfehérjeszintje a nevelő szakaszban csökkentette a takarmányfelvételt, míg a teljes kísérletre vonat-

kozáan a takarmányfelvétel nem különbözött a kezelések között. A tápok fehérjeszintje és a takarmányfelvétel vonatkozásában korábbi vizsgálatok sem állapítottak meg egyértelmű összefüggést, a genotípus is meghatározó volt a kísérleti állatok reakciójában (Belloir és mtsai, 2017). A tápok nyersfehérjeszintjének csökkentése bizonyítottan befolyásolja az aminosavak emészthetőségét, de aminosavanként vizsgálva növekedés és csökkenés is kimutatható (Chrystal és mtsai, 2020ab). Moss és mtsai (2018) kísérletében a mi vizsgálatunkban is alkalmazott 1,5 %-os fehérjeszint csökkentés esetében a disztális ileumban mért átlagos aminosav emészthetőségi koefficiens 5,5%-kal nőtt a kontrolltáppal összehasonlítva. Liu és mtsai (2021) szemleciikkükben számos kísérlet eredményeit dolgozzák fel az aminosav emészthetőség vonatkozásában. A meglehetősen nagy, legalább 4%-os nyersfehérje-csökkentés négy kísérletben növelte (1-14%-kal), illetve egy esetben csökkentette (5%-kal) az aminosav átlagos emészthetőségét a disztális jejunumban. A disztális ileumban mért átlagos emészthetőségi értékek négy esetben csökkentek, három esetben pedig növekedtek a tápok fehérjecsökkentésének hatására. A jejunumra vonatkozó több pozitív eredmény azzal is összefüggésben állhat, hogy a fehérjecsökkentett tápokban nagyobb arányban alkalmazott kristályos, nem fehérjéhez kötött aminosavakat közel 100%-os felszívódás jellemzi ebben a bélszakaszban. Bár jelen kísérletünkben nem mértünk aminosav emészthetőséget, az irodalmi adatok alapján a fehérjecsökkentett tápok kedvezőbb átlagos aminosav emészthetősége hozzájárulhatott a kontrollnál jobb termelési eredményekhez.

A fehérjecsökkentett takarmányok etetése hatással lehet a baromfi vágóértékére is. Kísérletünkben a vágott test, a mell- és combfilé arányát nem befolyásolták a takarmány kezelések, egyedül a hasúri zsír aránya reagált igazolt mértékben a fehérjecsökkentésre. Amennyiben a fehérjecsökkentett tápokban valin-, arginin- és izoleucin-kiegészítést nem alkalmaznak, illetve nem SID alapon történik az aminosavszintek egyenlőségének biztosítása a kezelések között, akkor a fehérjecsökkentett tápok esetében előfordulhat a vágott test és a mellfilé arányának csökkenése is a hasúri zsír arányának növekedése mellett (Law és mtsai, 2018). Kísérletünkben a kontroll és a fehérjecsökkentett tápok azonos energiataralmúak (AMEn) voltak. Utóbbiak esetében a csökkent fehérje-, illetve nitrogén-bevitel miatt a madaraknak kevesebb energiára van szüksége a felesleges nitrogén kiválasztását biztosító húgysavszintézishez. Az így keletkező energiátöbbletet a brojlercsirkék elsősorban hasúri zsírrá alakítják. A kísérletünkben kimutatott, a fehérjecsökkentett tápok hasúri zsír arányt növelő hatását korábbi saját vizsgálatunkban már tapasztaltuk, de más szerzők is megerősítik ezt a megfigyelést (Belloir és mtsai, 2017; Dublecz és mtsai, 2018). Mivel jelenleg részletes javaslatok nincsenek, további vizsgálatok szükségesek annak megállapítására, hogy a különböző nyersfehérjeszint csökkentésekhez milyen mértékű energiacsökkentést volna célszerű alkalmazni a brojlertápokban.

A bélegészségügy és a csökkentett fehérjetartalmú tápok vonatkozásában korábbi vizsgálatok arról számoltak be, hogy a tápok fehérjetartalmának csökkentése a bélbolyhok hosszának és a bélfal felszívó felületének csökkenését, kisebb mucin szekréciót idézett elő (Ding és mtsai, 2016; Law és mtsai, 2018). Ezek a negatív hatások a szerzők szerint a fehérjecsökkentett tápokban jellemző kisebb nem-esszenciális aminosavszinteknek köszönhetőek, amely aminosavak fontos energiaforrásai a bél epithel sejteinek és bizonyos kedvező hatású baktériumoknak.

Hiányukban csökkenhet a bélhám megfelelő fejlődése, a sejtosztódás és többek között a mucin szintézise. Az említett két vizsgálatban a fehérjecsökkentett keveréket fogyasztó brojlerek növekedési teljesítménye is csökkent a kedvezőtlenebb bélmorfológiai változásokkal együtt. Véleményünk szerint fontos módszertani tény a két kísérletben, hogy a tápok aminosavai esetében az optimalizálás teljes aminosav szintekre és nem SID alapon történt, illetve ez nem terjedt ki a valin, arginin és izoleucin aminosavakra. Saját kísérletünkben a fehérjecsökkentett tápok nem okoztak növekedési depressziót és teljesítmény csökkenést, tápjainkkal valószínűleg pontosabb aminosav-ellátást valósítottunk meg. A boncolással egybekötött bélegészségügyi vizsgálatunk során szignifikánsan kevesebb volt a vékony bélfal előfordulása a csökkentett fehérjetartalmú tápok hatására, illetve – tendenciaszerűen - kisebb arányban fordult elő fokozott bélnyák termelés. Ez utóbbi megfigyelés összefüggésben lehet a korábbi vizsgálatok során kimutatott csökkent mucin termeléssel.

A különböző probiotikum-készítményekhez kapcsolódóan számos pozitív hatás tulajdonítható, amelyek befolyásolják a gazdasági haszonállatok egészségi állapotát és a termelési mutatókat (Vuong és mtsai, 2016). A *Bacillus* fajokat gyakran alkalmazzák probiotikumként, mivel stabil spóráképző tulajdonságuknak köszönhetően a különböző takarmánygyártási és az emésztési folyamatok során fellépő környezeti behatásokat (pl.: pelletálás során fellépő hőhatás, gyomorsav) kiválóan tolerálják (Shivaramaiah és mtsai, 2011). Cartman és mtsai (2008) a *Bacillus* fajok pozitív hatásáról számoltak be, amely háttérben kettős ok állhat: a patogén kórokozók kompetitív kizárása, illetve a *Bacillus* fajok által szekretált antimikrobiális vegyületek együttesen visszaszorították a kórokozókat. Kadaikunnan és mtsai (2015) valamint Lei és mtsai (2015) egyaránt megállapították, hogy az általunk vizsgált *B. amyloliquefaciens* CECT 5940 széleskörű antimikrobiális aktivitással bír, így meggátolva a patogén kórokozók kolonizációját a brojlerek bélrendszerében, ezáltal jobb bélegészségügyi státuszt elérve javulnak a termelési mutatók is. A vizsgálatunkban szereplő *B. amyloliquefaciens* CECT 5940 baktériumfaj amiláz, tripszin és lipáz enzimtermelése javítja a táplálóanyagok emészthetőségét, így segítve a gazdaszervezetet. A brojlercsirke takarmányozásban használt probiotikumokkal végzett kutatások eredményei nem egybehangzóak. Lei és mtsai (2015) brojlercsirkével végzett kísérletük során szintén *B. amyloliquefaciens* kiegészítést alkalmaztak. A saját eredményeinktől eltérően a probiotikum-kiegészítés szignifikánsan megnövelte a kezelt állatok testsúlygyarapodását (befejező fázis és teljes hizlalás alatt is) és javította a fajlagos takarmányértékesítést. De Oliveira és mtsai (2019) szintén pozitív hatást értek el indukált *Eimeria maxima* és *Clostridium perfringens* fertőzésben részesített brojlerek esetében: javult a fajlagos takarmányértékesítés, a vágási- és mellhúskihozatal is. Azonban néhány tanulmányban arról számoltak be, hogy *B. amyloliquefaciens* ($1,3 \times 10^9$ CFU/g BA-KU801; An és mtsai, 2008), (1×10^6 CFU/g BA-L; Jerzsele és mtsai, 2012), (1×10^5 CFU/g BA-SC06; Wang és mtsai, 2021) kiegészítés hatására nem figyeltek meg szignifikáns különbséget a brojlerek termelési paramétereinek (testsúly, testsúlygyarapodás, takarmányfelvétel, fajlagos takarmányértékesítés) esetében, amely eredmények összhangban állnak a saját kísérletünk során a teljes hizlalási időszakra megállapított értékekkel. Vizsgálatunkban a probiotikum-kiegészítés a termelési eredményekhez hasonlóan a brojlerek vágóértékét sem befolyásolta. Pelicano és mtsai (2003) különböző

dózisú és kombinációjú probiotikum-kiegészítés (*B. subtilis*, *B. licheniformis*; takarmányban), (*Lactobacillus reuteri*, *L. johnsonii*; ivóvízben) (*Saccharomyces cerevisiae*; takarmányban) hatását vizsgálták brojlercsirke vágóérték vonatkozásában. A kontroll- és a probiotikummal kezelt csoportok között csupán egy paraméter esetében volt statisztikailag igazolható eltérés ($p < 0,01$; lábkihozatal), amely szerint a probiotikum kezelés hatására megnőtt a kihozatal. Sarangi és mtsai (2016) Cobb 500 típusú csirkékkel vizsgálta a vágóértékre és a húsminőségre gyakorolt probiotikum-hatást. Eredményeinkhez hasonlóan a probiotikummal kezelt állatok vágóértéke nem különbözött szignifikánsan a negatív kontrollcsoport értékeitől. A hizlalás 29. napján végzett bélegészségügyi vizsgálatunk alapján az alkalmazott probiotikum csökkentette a bélben a gázképződést és a kipirult, gyulladást jelző Peyer-plakkok arányát. A *Bacillus* törzseknek a bél egészségi állapotára kifejtett pozitív hatását számos korábbi vizsgálat támasztja alá. A *B. amyloliquefaciens* SC06 törzse probiotikumként alkalmazva 30 nap után csökkentette a brojlerek egyes gyulladást keltő citokinjainak (IL-6 és TNF α) koncentrációját, továbbá erősítette a bél epithel sejtjei közötti integritást biztosító fehérjekapcsolatokat az ileumban (Wang és mtsai, 2021). Saját eredményeinket erősíti meg de Oliveira és mtsainak (2019) kísérlete, akik szintén a *B. amyloliquefaciens* CECT 5940 törzssel dolgoztak *Eimeria maxima* és *Clostridium perfringens* indukált fertőzéssel kombináltan. Eredményeik alapján a probiotikum szignifikánsan csökkentette a gázképződést, a rendellenes béltartalom és a gyulladt nyálkahártya előfordulási arányát.

Az általunk használt probiotikummal Naseri és mtsai (2021) végeztek olyan kísérletet, amelyben a kiegészítőt kontroll és nyersfehérje csökkentett tápokkal vizsgálták, miközben a kísérleti állatokban szubklinikai elhalásos bélgyulladást (*Eimeria ssp.* és *C. perfringens*) indukáltak. Ilyen körülmények között a nyersfehérje csökkentés igazoltan negatívan befolyásolta a testsúlygyarapodást, míg a probiotikum pozitívan hatott erre a paraméterre. A két kezeléshatás között egyetlen esetben tudtak szignifikáns kölcsönhatást kimutatni: a probiotikum csak a fehérjecsökkentett tápok esetében volt képes redukálni a *C. perfringens* koncentrációját a vakbéltartalomban. Saját kísérletünkben is egy esetben, a hasúri zsír arány eredményeiben volt szignifikáns kölcsönhatás a kezelések között. Az alkalmazott *Bacillus* törzs a kontrolltápokot fogyasztó állatok esetében nem hatott a hasúri zsír arányára, a fehérjecsökkentett tápok esetében viszont igazoltan csökkentette az elzsírosodás mértékét. Más kutatók is kimutatták egyes probiotikumoknak a brojlerek hasúri zsír arányát csökkentő kedvező hatását, többek között a *B. subtilis* (Santoso és mtsai, 1995), *Enterococcus faecium* M47 (Weis és mtsai, 2011) és a *B. amyloliquefaciens* LFB112 (Ahmat és mtsai, 2021) esetében. A kedvező élettani hatás háttérében Santoso és mtsainak (1995) kísérletében a probiotikum kezelés következtében a májban lecsökkent triglicerid szintézis, kisebb acetyl-CoA karboxiláz enzim aktivitás állt. Az általunk kimutatott eredményt, miszerint a probiotikumoknak az elzsírosodást csökkentő hatását a takarmány fehérjeszintje is befolyásolná, más kísérletek nem erősítették meg.

KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

Kísérletünk eredményei alapján a brojlerhizlalás nevelő és befejező szakaszában a tápok 1,5, illetve 2,0%-os nyersfehérje csökkentése a legfontosabb hat esszenciális aminosav kiegészítésével és SID-alapú optimalizálásával együtt nem csak a

termelési eredmények szinten tartását biztosíthatja, hanem ezáltal nagyobb testsúlygyarapodás és kedvezőbb takarmányértékesítés is elérhető. A fehérjecsökkentett tápok esetében a metabolizálható energia (AME_n) szintjének csökkentése nélkül a hasúri zsír arányának növekedésére kell számítani. A vágóérték egyéb jellemzői, illetve a bélegészségügyi paraméterek ilyen szintű nyersfehérje csökkentés során szinten tarthatók. Az általunk alkalmazott *B. amyloliquefaciens* CECT 5940-alapú probiotikum 500 mg/kg dózisban a teljes hizlalás vonatkozásában - sem a kontroll, sem a fehérjecsökkentett tápok esetében - nem befolyásolta a kísérleti állatok növekedési jellemzőit, a vágási kihozatalt, a combok és a mellfilé arányát. A tápok fehérjecsökkentése és a probiotikum-kiegészítés közötti szignifikáns kölcsönhatás egyedül a hasúri zsír arány esetében mutatkozott meg, amikor a fehérjecsökkentett tápokhoz adott kiegészítő igazoltan csökkentette az elzsírosodás mértékét. A kiegészítő önálló pozitív hatását viszont egyértelműen kimutattuk a bélegészségügy egyes fontos jellemzői esetében.

IRODALOMJEGYZÉK

- Ahmat, M. - Cheng, J. - Abbas, Z. - Cheng, Q. - Fan, Z. - Ahmad, B. - Hou, M. - Osman, G. - Guo, H. - Wang, J. - Zhang, R. (2021): Effects of *Bacillus amyloliquefaciens* LFB112 on growth performance, carcass traits, immune, and serum biochemical response in broiler chickens. *Antibiotics*, 10. 1427-1443.
- An, B. K. - Cho, B. L. - You, S. J. - Paik, H. D. - Chang, H. I. - Kim, S. W. - Yun, C. W. - Kang, C. W. (2008): Growth performance and antibody response of broiler chicks fed yeast derived β -glucan and single- strain probiotics. *Asian Austral. J. Anim.*, 21. 1027-1032.
- Aviagen (2019): Ross 308 broiler management handbook. aviagen group, cummings research park, 5015 Bradford Drive, Huntsville, AL 35805 USA
- Belloir, P. - Lessire, M. - Van Milgen, J. - Schmidley, P. - Corrent, E. - Tesseraud, S. (2015): Reducing dietary crude protein of broiler: a meta-analysis approach. 11^{èmes} Journées de la Recherche Avicoles et Palmipèdes a Foie Gras, Tours, France, 9. 539-544.
- Belloir, P. - Méda, B. - Lambert, W. - Corrent, E. - Juin, H. - Lessire, M. - Tesseraud, S. (2017): Reducing the CP content in broiler feeds: impact on animal performance, meat quality and nitrogen utilization. *Animal*, 11. 1881-1889.
- Cartman, S. T. - La Ragione, R. M. - Woodward, M. J. (2008): *Bacillus subtilis* spores germinate in the chicken gastrointestinal tract. *Appl. Environ. Microbiol.*, 74. 5254-5258.
- Chrystal, P. V. - Moss, A. F. - Khoddami, A. - Naranjo, V. D. - Selle, P. H. - Liu, S. Y. (2020a): Impacts of reduced-crude protein diets on key parameters in male broiler chickens offered maize-based diets. *Poult. Sci.*, 99. 505-516.
- Chrystal, P. V. - Moss, A. F. - Khoddami, A. - Naranjo, V. D. - Selle, P. H. - Liu, S. Y. (2020b): Effects of reduced crude protein levels, dietary electrolyte balance and energy density on the performance of broiler chickens offered maize-based diets with evaluations of starch, protein and amino acid metabolism. *Poult. Sci.*, 99. 1421-1431.
- De Oliveira, M. J. K. - Sakomura, N. K. - de Paula Dorigam, J. C. - Doranalli, K. - Soares, L. - da Silva Viana, G. (2019): *Bacillus amyloliquefaciens* CECT 5940 alone or in combination with antibiotic growth promoters improves performance in broilers under enteric pathogen challenge. *Poult. Sci.*, 98. 4391-4400.
- Ding, X. M. - Li, D. D. - Li, Z. R. - Wang, J. P. - Zeng, Q. F. - Bai, S. P. - Su, Z. W. - Zhang, K. Y. (2016): Effects of dietary crude protein levels and exogenous protease on performance, nutrient digestibility, trypsin activity and intestinal morphology in broilers. *Livest. Sci.*, 193. 26-31.

- Dublecz, K. - Koltay, I. - Such, N. - Dublec, F. - Husvéth, F. - Wágner, L. - Péterné Farkas E. - Márton, A. - Farkas, V. - Pál, L. (2018): Lehetőségek a takarmányok nyersfehérje-tartalmának csökkentésére monogasztrikus állatokban. Állattenyésztés és Takarmányozás, 67. 273-286.
- Evonik Industries – Animal Nutrition. (2014). AMINOChick 2.0 – Amino acid recommendation software for growing broilers. Version 2.0.0.14.
- Fancher, B. I. - Jensen, L. S. (1989): Dietary protein levels and essential amino acid content: Influence upon female broiler performance during the growing period. Poult. Sci., 68. 897–908.
- Fouad, A. M. - El-Senousey, H. K. - Yang, X. J. - Yao, J. H. (2013): Dietary L-arginine supplementation reduces abdominal fat content by modulating lipid metabolism in broiler chickens. Animal, 7. 1239–1245.
- Guaiume, E. A. (2007): Effects of reduced protein, amino acid supplemented diets on production and economic performance of commercial broilers fed from hatch to market age. PhD Diss. Univ. Missouri-Columbia.
- Jerzsele, A. - Szekér, K. - Csizinszky, R. - Gere, E. - Jakab, C. - Mallo, J. - Gálfi, P. (2012): Efficacy of protected sodium butyrate, a protected blend of essential oils, their combination, and *Bacillus amyloliquefaciens* spore suspension against artificially induced necrotic enteritis in broilers. Poult. Sci., 91. 837–843.
- Johnson, J. - Reid, W. M. (1970): Anticoccidial drugs: Lesion scoring techniques in battery and floor-pen experiments with chickens. Exp. Parasitol., 28. 30-36.
- Kadaikunnan, S. - Rejiniemon, T. S. - Khaled, J. M. - Alharbi, N. S. - Mothana, R. (2015): In-vitro antibacterial, antifungal, antioxidant and functional properties of *Bacillus amyloliquefaciens*. Ann. Clin. Microbiol. Antimicrob., 14. 1-11.
- Khajali, F. - Moghaddam, H. N. (2006): Methionine supplementation of low-protein broiler diets: Influence upon growth performance and efficiency of protein utilization. Int. J. Poult. Sci., 5. 569–573.
- Law, F. L. - Zulkifli, I. - Soleimani, A. F. - Liang, J. B. - Awad, E. A. (2018): The effects of low-protein diets and protease supplementation on broiler chickens in a hot and humid tropical environment. Asian-Australas J. Anim. Sci., 31. 1291-1300.
- Lei, X. - Piao, X. - Ru, Y. - Zhang, H. - Peron, A. - Zhang H. (2015): Effect of *Bacillus amyloliquefaciens* based direct-fed microbial on performance, nutrient utilization, intestinal morphology and cecal microflora in broiler chickens. Asian Austral. J Anim Sci., 28. 239-246.
- Leitgeb, R. - Tschischej, M. - Hutterer, F. - Bartelt, J. (2003): Impact of protein reduction and arginine and valine supplementation in the diet on growth and slaughter performance of broilers. Die Bodenkultur, 54. 187–195.
- Liu, S. Y. - Macelline, S. P. - Chrystall, P. V. - Selle, P. H. (2021): Progress towards reduced-crude protein diets for broiler chickens and sustainable chicken-meat production. J. Anim. Sci. Biotechnol., 12. 20-32.
- Moss, A. F. - Sydenham, C. J. - A. F. - Khoddami, A. - Naranjo, V. D. - Liu, S.Y. - Selle, P. H. (2018): Dietary starch influences growth performance, nutrient utilisation and digestive dynamics of protein and amino acids in broiler chickens offered low-protein diets. Anim. Feed Sci. Technol., 237. 55–67.
- Naseri, K. G. - Dorigam, J. C. P. - Doranalli, K. - Kheravij, S. - Swick, R. A. - Choct, M. - Wu, S.-B. (2020): Modulations of genes related to gut integrity, apoptosis, and immunity underlie the beneficial effects of *Bacillus amyloliquefaciens* CECT 5940 in broilers fed diets with different protein levels in a necrotic enteritis challenge model. J. Anim. Sci. Biotechnol., 11. 104-116.
- Naseri, K. G. - Dorigam, J. C. P. - Doranalli, K. - Morgan, N. - Swick, R. A. - Choct, M. - Wu, S.-B. (2021): *Bacillus amyloliquefaciens* CECT 5940 improves performance and gut function in broilers fed different levels of protein and/or under necrotic enteritis challenge. Anim. Nutr., 7. 185-197.
- Pelicano, E. - Souza, P. - Souza, H. - Oba, A. - Norkus, E. - Kodawara, L. - Lima, T. (2003): Effect of different probiotics on broiler carcass and meat quality. Braz. J. Poult. Sci., 5. 207-214.

- Reva, O. N. – Dixelius, C. – Meijer, J. – Priest, F. G. (2004): Taxonomic characterization and plant colonizing abilities of some bacteria related to *Bacillus amyloliquefaciens* and *Bacillus subtilis*. FEMS Microbiol. Ecol, 48. 249-259.
- Santoso, U. - Tanaka, K. - Ohtani, S. (1995): Effect of dried *Bacillus subtilis* culture on growth, body composition and hepatic lipogenic enzyme activity in female broiler chicks. Br. J. Nutr., 74. 523–529.
- Sarangi, N. R. - Babu, L. K. - Kumar, A. - Pradhan, C. R. - Pati, P. K. - Mishra, J. P. (2016): Effect of dietary supplementation of prebiotic, probiotic, and synbiotic on growth performance and carcass characteristics of broiler chickens. Vet. World, 9. 313–319.
- Selle, P. H. – Dorigam, J. C. P. – Lemme, A. -Chrystal, P. V. – Liu, S. Y. (2020): Synthetic and crystalline amino acids: alternatives to soybean meal in chicken-meat production. Animals, 10. 729-748.
- Shivaramaiah, S. – Pumford, N. R. – Morgan, M. J. – Wolfenden, R. E. – Wolfenden, A. D. – Torres-Rodriguez, A. - Hargis, B. M. – Téllez, G. (2011): Evaluation of *Bacillus* species as potential candidates for direct-fed microbials in commercial poultry. Poult Sci., 90. 1574-1580.
- Siebert, W. – Rodehutschord, M. (2019): The relevance of glycine and serine in poultry nutrition: a review. Br. Poult. Sci., 60. 579-588.
- Vuong, C. N. – Chou, W-K – Hargis, B. M. – Berghman, L. R. – Bielke, L. R. (2016): Role of probiotics on immune function and their relationship to antibiotic growth promoters in poultry, a brief review. Int. J. Probiotics Prebiotics, 11. 1-6.
- Wang, B. - Zhou, Y. - Tang, L. - Zeng, Z. - Gong, L. - Wu, Y. - Li, W. F. (2021): Effects of *Bacillus amyloliquefaciens* instead of antibiotics on growth performance, intestinal health, and intestinal microbiota of broilers. Front. Vet. Sci., 8:679368. doi: 10.3389/fvets.2021.679368.
- Weis, J. - Hrnčár, C. - Pál, G. - Baračska, B. - Bujko, J. - Malíková, L. (2011): Effect of probiotic strain *Enterococcus faecium* M74 supplementation on the carcass parameters of different hybrid combination chickens. Sci. Pap. Anim. Sci. Biotech., 44. 149–152. Online elérhető: <https://www.scinapse.io/papers/1790402455> (accessed on 30 January 2021).
- Welker, N. – Campbell, L. L. (1967): Comparison of the α -amylase of *Bacillus subtilis* and *Bacillus amyloliquefaciens*. J. Bacteriol., 94. 1131-1135.
- Zampiga, M. -Laghil, L. – Petraccil, M. – Zhu, C. – Meluzzi, A. – Dridi, S. (2018): Effect of dietary arginine to lysine ratios on productive performance, meat quality, plasma and muscle metabolomics profile in fast-growing broiler chickens. J. Anim. Sci. Biotechnol., 9. 79-92.

Érkezett: 2022. április

Szerzők címe: Strifler P. – Such N. – Csitári G. – Duplecz K. – Pál L.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Georgikon Campus
Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Georgikon Campus
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc u. 16.
striflerpatrik@gmail.com

Bencze-Nagy J.
Bonafarm Zrt., Fiorács Kft.
Bonafarm Ltd., Fiorács Ltd.
H-2941 Ács, Fő u. 43.

Horváth B.
UBM Feed Zrt.
UBM Feed Ltd.
H-2851 Környe, Tópart u. 1.

KORSZERŰ POLIMORFIZMUS VIZSGÁLATOK ÁTTEKINTÉSE A HÚSHASZNÚ GALAMBOK TERMELÉSI MUTATÓINAK VIZSGÁLATÁRA ÉS ÉRTÉKELÉSÉRE

SIPOS BÍBORKA – BALOG KATALIN – KUSZA SZILVIA - BAGI ZOLTÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A házigalamb egyik legfőbb hasznosítási iránya a hústermelés, amit a magas biológiai értékű húsa alapoz meg. A házigalamb ugyanakkor még mindig kevésbé vizsgált fajnak tekinthető, különösen a biotechnológiai kutatások körében, mely terület rohamosan fejlődik. Napjainkban a galambhús ismét népszerű és keresett exporttermék. A növekvő termelési és piaci verseny miatt pedig az ágazat sikere és jövője a genetikai és genomikai eszközökkel támogatott precíziós szelekciós programokon is múlik. A cikk a nemesítő munkában felhasználható azon génpolimorfizmus vizsgálatok legfontosabb elemeit foglalja össze, amelyek a galambhústermelési mutatókhoz köthetők. Az itt bemutatott polimorfizmusok felelősek a növekedési tulajdonságok, a zsírszövet és az izomszövet szabályozásáért. Minden áttekintett vizsgálatban figyelembe vették a hasított test értékét és a húsmínőséget, amelyeket az egyponyos nukleotid polimorfizmusokkal (SNP) összefüggésben értékelték. Az MC3R és MC4R gének polimorfizmusai korrelációt mutattak a haszongalambok növekedési hajlamával és súlygyarapodásával. Az eddig vizsgált gének többsége a zsírszövet szabályozásában vesz részt, mint például a FABP1 gén, mely az úgynevezett zsírsavkötő fehérjék működéséért felel. A KLF12 gén hiánya vagy alulműködése pedig fokozott elhízáshoz vezet. A DGAT géncsalád felelős a triacilglicerinnel szintéziséért, amely fontos szerepet játszik az intramuszkuláris zsírlerakódás szabályozásában. Az MSTN gén befolyásolja a miozintin működését, melynek hiánya vagy mutációja szokatlan túlzomltságot idéz elő. A miogenezist a miogén szabályozó faktorok (MRF) irányítják, amelyek felelősek a vázizomzat differenciálódásáért. Ritkán tanulmányozott, de fontos tényező a MYF5 gén, amely korrelál a hasított test izomzatával és növekedési jellemzőivel. Az adenil-szukcinát-liáz (ADSL) részt vesz az inozin-monofoszfát (IMP) szintézisében, és több tanulmány is kimutatta, hogy az IMP kulcsfontosságú tényező a hús ízének kialakulásában. A felsorolt génekben tehát potenciális markerjelöltek lehetnek a haszongalambok marker alapú szelekciójához. Jelen áttekintés segít képet alkotni a vizsgált génpolimorfizmusokról a hústermelés és a termékminőség összefüggésében. Ez lehetőséget ad a további kutatási irányok meghatározására és az különböző eredmények gyakorlati hasznosítására a szelekciós programokban.

SUMMARY

Sipos, B. – Balog, K. – Kusza, Sz. – Bagi, Z.: OVERVIEW OF MODERN POLYMORPHISM STUDIES FOR THE EXAMINATION AND EVALUATION OF PRODUCTION INDICATORS OF SQUAB PIGEONS

Pigeon is one of the oldest domesticated animal species used by mankind in many ways. One of the most important of these is its high biological value meat. Squab pigeon is still a rarely researched, especially among biotechnology research, which is evolving rapidly. Pigeon meat is once again becoming a popular and sought-after export product. Because of today's increasing production and market competition, the future of the industry depends on precision selection programs supported by genetic and genomic tools. In this review the most important elements of gene polymorphism studies are summarized that can be associated with pigeon meat production indices based on the literature. Polymorphisms presented here were responsible for the regulation of growth properties, fat tissue, and muscle tissue. In all reviewed studies, carcass value indicators and meat quality were taken into account, which were then associated with the results of the single-point nucleotide polymorphism (SNP) assay. Polymorphisms in the MC3R and MC4R genes were correlated with growth propensity and weight gain in squab pigeons. Most of the genes studied so far are involved in the regulation of fat tissue. FABP1 gene is responsible for the function of so-called fatty acid-binding proteins,

and the absence or underactivity of the KLF12 gene has resulted in increased obesity. The DGAT gene family is responsible for the synthesis of triacylglycerol, which plays an important role in the regulation of intramuscular fat deposition. MSTN gene affects the function of myostatin, the absence or mutation of which results in unusual and high levels of muscularity. Myogenesis are managed by myogenic regulatory factors (MRFs), which are responsible for skeletal muscle differentiation. A rarely studied but important factor is the MYF5 gene, which correlated with carcass muscularity and growth characteristics. Adenyl succinate lyase (ADSL) are implicated in the synthesis of inosine monophosphate (IMP). In recent decades, several studies have shown that IMP is a key factor in the taste of meat. These genes could be a potential candidate genetic marker for marker-assisted selection in squab pigeon. The review helps to form a picture of the gene polymorphisms studied in squab pigeons in the context of meat production and product quality. This provides an opportunity to identify the further research directions and to use the different results in practical selection programs.

BEVEZETÉS

A galambtenyésztés hosszú történelmi múltra tekint vissza, elég csak a hobbi célból tartott díszgalamb fajtákra, vagy a versenysportra nemesített postagalambokra gondolni. Az egyik legjelentősebb hasznosítási irány a hústermelésben való felhasználás, ami néhány évtizede még a magyar állattenyésztésnek is komoly exportvolumennel rendelkező ágazata volt. A galambhús-fogyasztás számos országban tradicionális értéknek tekinthető, népszerűségét pedig a galambhús könnyű előállíthatóságának és magas biológiai értékének köszönhetette. Magyarországon a társadalmi és kulturális átalakulások következtében ugyan háttérbe szorult a galambhús fogyasztása, de az utóbbi évek törekvéseinek köszönhetően a hazai gasztronómia újra felfedezte ezt az értékes alapanyagot, ami az ágazat újbóli fellendülését eredményezheti. Az európai országokat tekintve elsősorban Franciaországban, Nagy-Britanniában és Olaszországban mutatkozik újból nagyobb érdeklődés a galambhús termékekre. Legnagyobb mértékben azonban az USA-ban, a Közel-Keleten és Kínában bővül a piac, így az exportlehetőségek is perspektivikus jövőt vázolnak fel az ágazat számára.

Nem vitatott jelentősége ellenére a házigalamb (*Columba livia domestica*) mégis a kevésbé kutatott háziállatfajok körébe tartozik, ami különösen igaz a rohamosan fejlődő biotechnológiai és molekuláris genetikai, valamint genomikai területekre. Márpedig ezek rendkívül hasznos eszközöket biztosítanak az állattenyésztés korszerűsítéséhez és fejlesztéséhez. Napjainkban a termelési tulajdonságok kialakításában szerepet játszó gének és génváltozatok detektálása genetikai markerekkel azért fontos, mert ennek segítségével megvalósulhat a marker alapú szelekció (Marker Assisted Selection-MAS) (Wakchaure és mtsai, 2015), mely módszer potenciálisan növelheti a genetikai előrehaladás időegységre vonatkoztatott mértékét. A haszonállatok genetikai markerekre alapozott szelekciója egyre szélesebb körben terjed el, és bár baromfi fajok esetében már sikerrel alkalmazzák, de a házigalamb fajban mégis sok esetben hiányosan feltérképezett terület, és a gyakorlati alkalmazás bevezetéséhez még további alap kutatások szükségesek.

A hús minőségét egyszerre több tényező is befolyásolja, beleértve a zsírosodási hajlamot, az izomfejlődést, izomérzékenységet és a hús ízét. Ezeket számos élettani folyamat szabályozza egyszerre, ezért meghatározásuk nem könnyű feladat. A következőkben összefoglaljuk a házigalamb fajban eddig ismert, a hústermelés szempontjából jelentősebbnek tekinthető molekuláris genetikai ku-

tatásokat, ezen belül is a galambhús termelési mutatóival összefüggésbe hozható génpolimorfizmusokra vonatkozó eddigi eredményeket.

A GALAMBHÚS JELENTŐSÉGE ÉS FELHASZNÁLÁSA

Az emberi populáció növekedése következtében egyre nagyobb az igény az egyik legértékesebb élelmiszerforrásunk, az állati eredetű fehérjeforrások előállítására. Becslések szerint az egy főre eső húsfogyasztás a világon 2050-re a 2019-es érték 40 %-ával fog emelkedni (*de Souza-Vilela és mtsai, 2019*). Napjainkban a hús előállítását döntően néhány faj dominálja (pl.: házityúk, sertés, szavasmarha), ami ellátásbiztonsági és termék diverzifikáció szempontból sem ideális. Ezzel egyidőben számos új táplálkozási trend megjelenésének következtében az emberiség egyre nagyobb érdeklődést mutat a különleges minőségű, prémium hústermékekre, így ezek piacán jelentős bővülés várható (*Bagi és Kusza, 2014*). Egyre jelentősebb a speciális igényű és/vagy tudatos vásárlói réteg megjelenése is világszerte, akik például a klímaváltozás miatt a melegebb napokon is jólesően fogyasztják, könnyebben emészthető húsfajtákat szeretnének fogyasztani, vagy akik a húselőállítás ökológiai lábnyomát (például vízigény) vagy a termelés természetességét (GMO, hormonok, antibiotikumok mellőzése) veszik figyelembe. Ugyanígy, a társadalom egyre szélesebb rétegét érintik a különböző terápiás vagy diétás étrendek, de a megszokottól eltérő és/vagy magas minőséget kereső vásárlók tömege is folyamatosan nő (*Paládi-Kovács, 1999; Osman és mtsai, 2014*). Ezen igények kielégítésére a házigalamb hibridek is képesek lehetnek. A pecsenyegalamb ideális jelölt lehet továbbá a különleges minőségű termékek fejlesztésére is, mert húsanak magas a biológiai és élvezeti értéke.

A galambhús szerte a világban egyre népszerűbb a fogyasztók körében. Európában elsősorban Franciaországban (*Lengyel, 2020*), Nagy-Britanniában és Olaszországban, de már az USA-ban is vannak jó példák erre vonatkozóan (*Pomianowski és mtsai, 2009*). Dél-Kínában pedig házi galambokat nevelnek a szabadban, mely az ízletes és tápláló húsa miatt ritka ínycsengőnek számít. Ebben a régióban biztos kereslet van a jó minőségű galambhúsra, ezért az az élelmiszerpiacon is remekül megállja a helyét (*Dong és mtsai, 2019*). Említésre méltó még a Közel-Keleten hagyományokat őrző galambtenyésztés is (*Jilly, 2015*), de Bangladesben is például a viszonylag alacsony befektetések, kevesebb takarmány, illetve tartási költségek miatt, továbbá az egyszerű és gazdaságos tartási gyakorlatnak köszönhetően szintén rendkívül népszerű a galambtartás és galambhús fogyasztás (*Asaduzzaman és mtsai, 2012*).

Így tehát számos lehetőség nyílik napjainkban nem csak világviszonylatban, de Magyarországon is a pecsenyegalamb-ágazat differenciálására és új piacok meghódítására, még akkor is, ha Nyugat-Európában bizonyos szubkultúrákban erősödik a húsfogyasztás ellenes lobbis. Az Európán kívüli, fejlődő országok piacain tapasztalható a legnagyobb kereslet bővülés, így ezek az exportlehetőségek generálják a magyar húsgalamb ágazat dinamikus fejlődését napjainkban, melyre a kormányzati támogatási program is támogatást biztosít. A magyar ágazat korszerű genotípusú, modern tenyészállat szükségletét jelenleg kizárólag importból fedezik. Ez jelentős kitérítést és kiszolgáltatottságot jelent, amit, figyelembe véve a fejlesztési terveket, hosszú távon nem lehet fenntartani. Emiatt szükségszerű új, innovatív megközelítések és módszerek alkalmazása az ágazatban.

MOLEKULÁRIS GENETIKAI ESZKÖSZÖK ÉS MÓDSZEREK

A különböző gének polimorfizmusainak vizsgálata minden esetben a polimeráz láncreakció (Polymerase Chain Reaction - PCR) technológiáján alapszik, amely a molekuláris biológiai (genetikai) kutatások nélkülözhetetlen eszközévé vált. Segítségével lehetőségünk van a DNS szakaszok specifikus megsokszorozására a további vizsgálatok érdekében. Napjainkban széleskörben alkalmazzák a biotechnológiai vizsgálatok területén, amelybe beletartoznak a korszerű állattenyésztési technológiák is. Általánosságban véve az összes PCR technika ugyanazon az elméleten alapul, melynek célja a mintából nyert DNS szál replikációja in vitro körülmények között. A polimerizációs folyamat speciális csövekben és adott hőmérsékleten megy végbe. A reakcióközegnek mindig tartalmaznia kell az általunk kinyert DNS mintát, valamint a mesterségesen szintetizált primereket, dezoxiribonukleozidokat (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), a DNS polimeráz enzimet és az enzim optimális működését biztosító anyagokat ([http_1](http://1)). Különböző DNS markerek létrehozására többféle technika is alkalmazható, melynek egyike a polimeráz láncreakció -restrikciós fragmenthossz-polimorfizmus technika (PCR-RFLP), ahol általában DNS mintaként cDNS-t (komplementer DNS szál) vagy ritkábban genomi DNS-t használnak. A polimorfizmus alapja itt a DNS restrikciós endonukleázok segítségével történő emésztése, melynek eredményeként megfelelő hosszúságú DNS-fragmentumok keletkeznek. Az emésztést követően pedig, hogy ezek az objektumok láthatóvá váljanak, fluoreszcens jelöléssel ellátott oligonukleotid próbával hibridizáltatják őket (*Pedryc, 2008*). Egy másik lehetséges kombináció a PCR-egyszálú DNS konformáció polimorfizmus (PCR-SSCP), amely segítségével lehetséges még nem jellemzett pontmutációk jelenlétének a meghatározása. Ez a módszer a mutáció DNS régió belüli pontos helyének meghatározására nem alkalmas. Előnye azonban, hogy univerzális primerek segítségével hajtják végre a PCR, ami azt jelenti, hogy a primerek képesek más-más fajon belül ugyanahhoz a konzervatív szakaszhhoz hibridizálni, a fajokat ezután pedig a DNS szakaszokon belüli szekvencia-eltérések alapján lehet majd azonosítani. A vizsgálatokban gyakran alkalmazott módszer még a kvantitatív real-time PCR (qPCR), ahol az mRNS-ről átíródott komplementer DNS-ről (cDNS) kapunk információt (*Csikós, 2015*). Ehhez RNS mintákra van szükség, melyeket mindig egy meghatározott szövetből izolálnak, ahol a keresendő gén expresszálódik. A hagyományos PCR technológiákon kívül itt lehetőség van a reakciófolyamat minden egyes ciklusa végén detektálni és mennyiségileg is meghatározni a keletkező PCR-termékeket (*Sambrook és Russel, 2001*). Egy másik hatékony módszer a KASP-PCR (Kompetitive Allele Specific PCR), amely egy homogén, fluoreszcencia alapú genotipizálási technológia, amely a kifejesztés után hamar globális szinten elterjedten alkalmazottá vált. Az említett technológia az allél-specifikus kiterjesztésen és a fluoreszcens rezonancia energiaátvitelen (FRET) alapul (*Kumpatla, 2012*). A multiplex módszerekkel szemben számos előnnyel rendelkezik, ugyanis kisebb átfutási idő, kisebb genotípus hiba arány, és nagyobb flexibilitás jellemzi (*He és mtsai, 2014*). Ezzel a technológiával nukleotid szinten megjelenő genetikai variációkat lehet azonosítani és mérni, azaz az SNP illetve InDel pozíciók is könnyedén kutathatók. Az így kapott eredmények új távlatokat nyitnak az SNP-markerekkel segített szelekciós technológia fejlesztéséhez bármilyen állatfajban (*Kusza és mtsai, 2018; Chang és mtsai, 2021; Lakhssassi és mtsai, 2021*).

A húsformákat, illetve az izomzat mennyiségét meghatározó kandidáns géneket és polimorfizmusokat jól lehet azonosítani ezen módszerek segítségével (Chang és mtsai, 2021). Az ilyen vizsgálatok elvégzésével javítható a vágási kihatatal, illetve az izomzat mennyiségét befolyásoló allélok azonosításával javulhat az előállított vágóállatok minősége is. A baromfiágazaton belül leginkább a házityúk számít alaposan kutatottnak, ugyanis ez a legátfogóbb genomikai eszköztárral rendelkező faj (Burt, 2005; Wright és mtsai, 2009; Sodhi és mtsai, 2013). A házityúk esetében elvégzett tanulmányokban például a növekedéssel és húsminőséggel kapcsolatos SNP-eket, illetve a génekre gyakorolt nemi hatások összefüggéseit is vizsgálták (Peng és mtsai, 2015), továbbá megállapították, hogy bizonyos SNP-nek a heterozigóta állapota nagyobb élősúlyt, hasított testtömeget, zsigerelt súlyt, illetve mellizom súlyt is eredményezhet (Wang és mtsai, 2014; Manjula és mtsai, 2018). A házizgalambok esetében túlnyomó részben a versenyteljesítményekkel összefüggésbe hozható polimorfizmusokat vizsgálták korábban ilyen módszerekkel (Proskura és mtsai, 2014; Proskura és mtsai, 2015; Dybus és mtsai, 2018; Jędrzejczak-Silicka és mtsai, 2019; Chang és mtsai, 2021). Látható, hogy ugyan feltártak már több húsminőséggel összefüggésbe hozható SNP-t, a házizgalamb fajban ezek alkalmazása még nem tudott jelentősebb mértékben elterjedni.

A HÚSMINŐSÉGET MEGHATÁROZÓ GÉNEK AZ EDDIGI VIZSGÁLATOK ALAPJÁN

A hús minősége az egyik legfontosabb befolyásoló tényezők egyike a fogyasztók vásárlási döntéseiben (Papanagiotou és mtsai, 2013). Az elmúlt évtizedekben a takarmányozás és tartástechnológia korszerűsítése/intenzitása az állattenyésztés gyors növekedéséhez vezetett, ami azonban a genetikai szelekció előtérbe kerülése ellenére sajnálatos módon sok esetben magával hozta a húsminőséggel kapcsolatos negatív tulajdonságokat (halvány (pale), puha (soft), vizenyős (exudatív) ún. PSE) (Berri és mtsai, 2001). Az ember életszínvonalának javulásával, a hús iránti igény ezért már nem csak a hús mennyiségi tulajdonságaira, hanem egyre inkább a hús minőségégi paramétereire koncentrált. A fenotípusos jellemzőket viszont minden esetben meghatározza az egyed genotípusos tulajdonsága, ezért lényeges ezeknek a feltárása és a különböző polimorfizmusok meghatározása (Shin és Chung, 2006). A hús minőségét és a hasított test tulajdonságait nagyon sok tényező befolyásolja egyszerre, beleértve ebbe a hús ízet, az izomérzékenységet, az intramuszkuláris zsír százalékot (IMF) és az izomfejlődést. Az utóbbi időben nagyobb figyelmet kapott tehát a hasított test összetételének vizsgálata és a hús minősége, ami különösen Kínában és sok dél-kelet ázsiai országban figyelhető meg (Chen és mtsai, 2008; Khan és mtsai, 2019).

A hús minőségégi paraméterei közé tartozik a hús színe, a pH-ja, a víztartóképesége, lédúsága, puhasága, ízminősége, állaga és zsireloszlása (Fletcher, 2002; Wang és mtsai, 2014). A hagyományos szelekciós módszerekkel azonban igen nehézkes javítani a húsminőségégi tulajdonságokon, mivel ennek vizsgálata és értékelése minden esetben az állatok levágását követeli, és jelentős költségekkel is jár (Davis és mtsai, 2008). Ezen kívül a húsminőségégi tulajdonságok figyelembevételével az apák kiválasztása utódvizsgálatokat is igényel, ami növeli a generációs intervallumot,

és csökkenti a genetikai előrehaladást, közben szintén költséges és időigényes feladat (Gill és mtsai, 2010; Magalhães és mtsai, 2019).

Figyelembe véve a húsminőségi tulajdonságok hagyományos módszerekkel történő szelekcióinak nehézségeit, a markerrel segített szelekció (Marker-Assisted Selection, MAS) alternatív megoldást nyújthat (Gao és mtsai, 2007; Otto és mtsai, 2007; Raza és mtsai, 2019). A MAS alapja az, hogy bizonyos molekuláris genetikai markereket, az úgynevezett SNP-eket (egy pontos nukleotid polimorfizmusokat), használjuk fel egy vagy több fenotípusos tulajdonság azonosítására, amelyek az egész genomban megtalálhatóak, kiszűrhetők (Shin és Chung, 2006). A húsminőségi jellemzői gazdaságilag fontosak a hústípusú állatfajtáknál, és ezeket a jellemzőket gyakran komplexen, egyszerre több gén is befolyásolja (Gill és mtsai, 2010). A húsminőségi paraméterekkel történő összefüggésvizsgálatokkal pedig számos következtetést lehet levonni a haszongalambok csoportjában is, melyek meghatározására szükséges ismernünk a hasított test jellemzőit, illetve a vágás előtti élősúlyt (LW), a hasított testsúlyt (CW), a félig kiszigerelt súlyt (SEW), a kiszigerelt súlyt (EW), a mellizom súlyát (BMW) és a hasi zsírtömeget (AFW) (Yin és mtsai, 2016).

Növekedési és húsminőségi tulajdonságokat meghatározó gének

A melanokortin 3 receptor egy fehérjemolekula, melyet az MC3R gén kódol. Ezek a transzmembrán fehérjék úgynevezett G-protein-kapcsolt receptorok. Felületükhöz általában hormonok vagy neurotranszmitterek kötődnek stimuláló jelmolekulaként, melyek aktiválásával változás következik be a sejtben. Az MC3 receptorok G-proteinjeit az MSH (melanocita-stimuláló hormon) és az ACTH (adrenokortikotropin) hormonok stimulálják, amelyek az agyban expresszálódnak. Korábbi laboratóriumi kísérletek alapján azokban az egerekben, amelyekben ez a gén hiányzott, megnövekedett a zsírtömeg, csökkent a testtömeg, valamint csökkent a táplálékfelvétel is. Ebből pedig arra a következtetésre jutottak, hogy ennek a receptornak a működése nagy szerepet játszhat az energiaháztartás szabályozásában (http_2), hiánya pedig összefüggésbe hozható a fiatalkori növekedési ütem csökkenésével is (Lam és mtsai, 2021). A melanokortin receptorok közül az MC3 mellett, a melanokortin 4 receptor (MC4) is fontos szerepet tölt be a táplálkozási viselkedésben és az anyagcsere szabályozásában. Ezt a szintén G-protein receptort az MC4R gén kódolja, G-fehérjéihez pedig α -melanocita-stimuláló hormonok (α -MSH) kapcsolódnak (Magenis és mtsai, 1994).

A házizgalambok MC3R és MC4R génjeinek vizsgálata esetében is a baromfi fajokban végzett korábbi vizsgálatokból a legcélszerűbb kiindulni, hiszen az említett gének kódoló régiója 93%-os homológiát mutat a házi tyúk faj és a házi galamb faj között (Yan és mtsai, 2010). Korábbi vizsgálatokban az MC3R-A1424G polimorfizmus a vágás előtti súlyt, a vágási testtömeget és a láb izomtömegét befolyásolta a különböző házityúk hibridekben. Ezen kívül azonban a leginkább szignifikáns eredményt ($p < 0,05$) a mellkasi izomtömegegre gyakorolt hatása adta, G315T mutációja pedig összefüggést mutatott ($p < 0,05$) a 7 hetesen mért testtömeg és a hasított test tömege között, melyek szintén előnyös tulajdonságok bizonyulhatnak a húshibrid galambok esetében is (Su és mtsai, 2006). Az MC4R gén polimorfizmusai a házityúkon kívül a beagle kutyafajtában is hasonló eredmé-

nyeket mutattak, ahol azok szintén a testtömegnövekedéssel mutattak összefüggést (Zhang és mtsai, 2006).

Az MC3R és MC4R gének részleges kódoló szekvenciájában lévő SNP-k vizsgálatára egyszálú konformációs polimorfizmus módszert (PCR-SSCP) használtak (Li és mtsai, 2008). Az MC3R gén T91G SNP-jének BB genotípusú ($p < 0,05$), az MC4R gén A903G SNP-jében pedig az AA genotípusú ($p < 0,05$) egyedek voltak a legkedvezőbbek a testnövekedés és súlygyarapodás szempontjából. Az eredmények szerint viszont a két gén erős kölcsönhatásban is van egymással, ezért együttesen is befolyásolják a növekedési és a testösszetéti tulajdonságokat. Ennek mérése azonban nem csak az egyes gének hatásainak az összeadását jelenti, hanem az egyes genotípusok közötti összefüggéseket is figyelembe veszi, ezáltal pedig nem csak egyedileg vizsgálja a legkiválóbbnak tartott genotípusokat. A genotípusok kombinációja is szignifikánsnak ($p < 0,05$) mutatkozott a vizsgált haszongalambok testsúlyára nézve, mely esetben a BB/AA allélpárral rendelkező egyedek testtömeggyarapodása kedvezőbb volt, mint az AA/BB genotípusoké. Többszörös összehasonlítás eredményeként pedig ugyanez volt elmondható a hasított test tömegével kapcsolatban is, bár a testösszetétellel kapcsolatban nem találtak értékelhető összefüggést. A vizsgálat gyenge pontja, hogy csupán 50 egyedet vontak be. A kis elemszám miatt további vizsgálatok szükségesek az eredmények statisztikai alátámasztására, annak érdekében, hogy megalapozottabb képet kapjunk a testösszetéti indexek és a genotípusok kapcsolatáról. Mivel a vizsgálat nem tudott egyértelmű következtetéseket levonni ezen gének testtömegnövekedésre és testösszetételre gyakorolt hatásáról, ezért a továbbiakban a részletes és kiterjedt kutatások érdekében szükséges lehet nagyobb elemszámú, más testösszetétellel rendelkező és/vagy más fejlődési szakaszra is kiterjedő kísérleti csoportok összehasonlítása (Li és mtsai, 2008). Ez pedig lehetőséget nyújthat az egyértelmű genotípusok vagy genotípuskombinációk kiszűrésére, melyek a testtömeg és összetétel javítása érdekében alkalmazható genetikai markerként szolgálhatnak.

Az elmúlt évtizedekben számos tanulmány kimutatta, hogy az inozin-monofoszfát (IMP) a hús ízének egyik kulcsfontosságú összetevője (Kuchiba-Manabe és mtsai, 1991; Kawai és mtsai, 2002), az adenil-szukcinát-liáz (ADSL) pedig az a kulcsenzim, amely részt vesz az IMP szintézisében (Kmoch és mtsai, 2000). Az ADSL gén ennek értelmében tehát szintén egyike lehet azoknak a géneknek, amelyek azonosításával befolyásolhatjuk a hasított test tulajdonságait és a húsminőséget (Shu és mtsai, 2009; Ye és mtsai, 2010; Fang és mtsai, 2012). A házigalamb ADSL génjében lévő polimorfizmusokról, ennek hatásairól azonban szintén nem készült még kellő számú tanulmány a hús értékmérőire és minőségére vonatkozóan, ahogy ezt már a többi gén esetében is tapasztalhattuk (Mao és mtsai, 2018a). Mao és mtsai (2018a) összesen 200 galambból vettek mintát és vágtak le, majd ezt követően hét húsminőségi tulajdonságot és 11 hasított testi tulajdonságot mértek egyedenként. A DNS szekvenálását követően, az ADSL gén polimorfizmusai és a húsminőség, valamint a hasított test tulajdonságai közötti összefüggéseket elemezték. Az ADSL gén exonjaiban a szekvenálási eredmények alapján összesen 9 nukleotid mutációt találtak (C139T, C181T, T4926C, C5013T, T13010C, C13065G, C1420T, C6812T, G10696A, C139T, C181T). Az összes mutáció szinonim volt, kivéve a C13065G SNP-t, amely aminosav-változást okozott. Ezen túlmenően

az egy pontos nukleotid-polimorfizmusok (SNP) közül kettő mutatott szignifikáns összefüggést a hús minőségével és a hasított test tulajdonságaival. A 11. exonban található C13065G SNP esetében az AA és AB genotípusú galambok mellizmának IMP-tartalma magasabb volt, mint a BB genotípusban ($p < 0,01$). A 10. exonban található G10696A SNP összefüggésbe hozható a hasított test mutatóival, amelyben az AA és AB genotípusok nagyobb értékeket mutattak, mint a BB genotípus ($p < 0,01$). Az eredmények szerint tehát az ADSL gén szoros kapcsolatban áll a hús minőségével és a hasított test értékmutatóival a házigalambok esetében is. A G10696A és C13065G SNP-k pedig előnyös tulajdonságok genetikai markereként lehetnek alkalmazhatók a haszongalambok markerszelekciós tenyésztése esetén (Mao és mtsai, 2018a).

Zsírosodást befolyásoló gének

A zsírsavkötő fehérjék (FABP) a lipidkötő fehérjék tagjai, amelyek részt vesznek a metabolizmus és a lipidek intracelluláris transzportjában. A korábbi tanulmányok alapján a zsírsavkötő fehérjéket (FABP) szabályozó gének kulcsszerepet játszhatnak a hús minőségi jellemzőinek kialakulásában (Kozioł és mtsai, 2018). A FABP egy alacsony molekulatömegű fehérjecsalád, amely kölcsönhatásba lép zsírsavakkal (Ockner és mtsai, 1972), melyekhez hozzátartozik egy hidrofób ligandumkötő fehérje szupergéncsalád is (Zimmerman és Veerkamp, 2002; Wang és mtsai, 2006a). A mai napig tizenkét típusú FABP fehérjét írtak le, amelyek közül tíz kizárólag emlős fajokban fordul elő (Liu és mtsai, 2008). Érdekes, hogy mindegyik FABP család fehérjéje nagy homológiát mutat, hasonló molekulaszervezettel és molekulatömeggel (Zimmerman és Veerkamp, 2002; Storch és Corsico, 2008). Legfőbb tulajdonságuk, hogy részt vesznek a vízben oldhatatlan zsírsavak és egyéb hidrofób ligandumok szállításában a mitokondriumon belül (Niewold és mtsai, 2004; Tyra és mtsai, 2011). Ezen kívül a FABP-k szabályozhatják az enzimek és a géntranszkripció aktivitását, és megvédhetik az enzimeket a detergenstől, például a szabad zsírsavak hatásától, amelyek jelátviteli funkcióval rendelkeznek (Zimmerman és Veerkamp, 2002; Wang és mtsai, 2006a).

A fehérjecsalád működésében részvevő gének közül a FABP1, más néven L-FABP, főleg a májban expresszálódik. Ezt a gént már több állatfajban is vizsgálták a hús minőségével összefüggésben, különösen a zsírosodási tulajdonságok meghatározásában betöltött lehetséges szerepe miatt (Wang, és mtsai, 2006a; Zhang és mtsai, 2013; Zhao és mtsai, 2013). Brojler csirkékben végzett vizsgálatokból megállapítható volt, hogy a FABP1 gén polimorfizmusai összefüggnek a hústípusú házi tyúk hasi súlyával és a hasi hányad zsírszázalékával, ami azt jelenti, hogy a FABP1 gén bizonyos lokusza befolyásolta a csirkék zsírosodási jellemzőit (Wang és mtsai, 2006b; Zhao és mtsai, 2013). Egy másik tanulmány pedig bizonyította, hogy a FABP1 gén T1740C polimorfizmusa jelentős hatással volt a márványozottságra és az intramuszkuláris zsírtartalomra a sertések esetében (Zhang, és mtsai, 2013). Sőt, a FABP1 is szerepet játszik a zsírsavak szintézisében és lebontásában és azok intracelluláris mozgásának elősegítésében (Newberry és mtsai, 2012), valamint a májsejtek szabad zsírsavak (free fatty acids, FFA) felvételében és lipidmetabolizmusában (Gao és mtsai, 2010).

A kínai taishen king galambokban végzett temporális-térbeli expressziós min-

tázatok azt mutatták, hogy a FABP1 tizenegy vizsgált szövetben széles körben expresszáldott, beleértve a szívet, májat, lépet, tüdőt, vesét, lábizomzatot, mellizmot, zúzát, gyomrot, vékonybelet és a bőr alatti zsírszövetet. Hetente 10 tojó galambot vizsgáltak kikeléstől 4 hetes korokig, azzal a céllal, hogy megállapítsák a FABP1 időbeli-térbeli expressziós profilját. Ezenkívül további 468 (hím:tojó=1:1) négy hetes galambot is vizsgálat alá vontak egy kereskedelmi galambfarmról. Nyilvánvalóan az összes szövet közül a májban voltak a legmagasabb expressziós szintek mérhetőek, hiszen ez a fehérjecsálád fő szintetizálási helye. Egy hetes kor után azonban ugyanezek a tendenciák voltak még megfigyelhetők a vékonybélben és a bőr alatti zsírszövetben is. A kifejeződés szintje a kikeléstől számítva folyamatosan csökkent a vesében, két-négy hetes kor között pedig már kifejezetten alacsony szintet mutatott. 0 és 4 hetes kor között a májban volt a legmagasabb expressziós szint, ezt követte a vékonybél és a bőr alatti zsírszövetek. A vizsgálatban öt új SNP-t találtak, amelyek kapcsolatban álltak egymással és Hardy-Weinberg egyensúlyban voltak. Három különböző genotípust (AA, AB és BB) mutattak ki négy SNP-ben (G161C, T1298C, C1376T és T1388C), az ötödik SNP-ben (C3389T) viszont csak két genotípust (AA és AB) írtak le. Az összes kimutatott mutáció szinonim volt, mivel nem okoztak aminosav változást. A T1298C és C3389T számú SNP-k esetében az AA genotípusnak volt a legnagyobb a gyakorisága, és az A allélja magas frekvenciát mutatott, míg a G161C, C1376T és T1388C számú SNP-k esetében, a BB genotípus volt a domináns, és B allélja mutatott nagyobb gyakoriságot. Az asszociációs elemzés kimutatta, hogy a G161C SNP esetében az AB és BB genotípusok mellizom szövetében magasabb ($p \leq 0,01$) volt az inozinsavkoncentráció, mint az AA genotípusban. A három genotípus közül, a legnagyobb intramuszkuláris zsírszázalékot a BB genotípus mutatta ($p < 0,01$), valamint a BB genotípus mellizomzatában szignifikánsan nagyobb FABP1 mRNS szintet figyeltek meg, mint az AA és AB genotípus esetében ($p < 0,01$). A SNP C1376T-t tekintve az AB és BB genotípusban volt a legmagasabb ($p < 0,01$) az intramuszkuláris zsír a mellizomban, ellentétben az AA genotípussal. Az mRNS expressziós szintjére ugyanez volt igaz. A korrelációs analízis egyértelműen arra utalt, hogy a FABP1 mRNS expressziós szintje szorosan összefügg az inozinsavval ($p < 0,05$) és az intramuszkuláris zsírtartalommal ($p < 0,01$). A szignifikánsan pozitív eredmények összefüggést mutattak tehát a FABP1 mRNS expressziós szintje és a házigalamb faj mellizomzatában található inozinsav mennyisége, valamint intramuszkuláris zsírtartalma között. Ez a pozitív összefüggés jól szemlélteti, hogy a FABP1 fontos szerepet játszik a galambok lipid anyagcseréjében és befolyásolja a haszongalambok húsmínőségét. Mivel a magasabb inozinsav és az intramuszkuláris zsírtartalom kiválasztása komoly gondot jelent a jó minőségű, húshasznosítású tenyészállatok szelekciós programjaiban, különösen a Kínában tenyésztett házigalamboknál. Ezek az eredmények viszont komoly hasznosítási potenciállal rendelkeznek (Mao és mtsai, 2018b; Dong és mtsai, 2019), mivel a FABP1 potenciális jelölt gén lehet a marker-asszisztált szelekcióban a húshasznú galambok tenyésztése esetében is, a jobb minőségű hústermékek előállítására érdekében (Mao és mtsai, 2020).

A diacilglicerin acil-transzferáz (DGAT) egy olyan enzim, amely katalizálja a trigliceridek bioszintézisét, ami elengedhetetlen a zsírszövet kialakulása és a zsír lerakódása szempontjából. Ezt az aciltranszferáz enzimet a DGAT1 és a DGAT2 gének kódolják (Cases és mtsai, 1998), mely utóbbi exonjaiban sikerült SNP-eket

azonosítani, majd elemezni DNS szekvenálási módszerekkel, ezt követően pedig az eredményeket összevetni a hasított test és a húsminőségi tulajdonságokkal. Összesen 5 nukleotid mutációt észleltek a gén 3., 4., 5. és 6. exonjában. Az elemzés három genotípust (AA, AB és BB) tárt fel a G18398T és G22484C SNP-k esetében, amelyekben egyaránt az AA genotípus (0,36 és 0,86) és az A allél (0,525 és 0,895) volt a legmagasabb gyakorisággal jelen. A gén 3. exonjában található G18398T SNP-ben a BB genotípusú egyedek szignifikánsan jobb húsminőséget és alacsonyabb hasi zsírtartalmat mutattak, mint az AA vagy AB genotípusok. A 6-os exonban található G22484C SNP AA genotípusához kapcsolódtak a magasabb súly és % értékek a hasított test jellemzése során, míg a BB genotípusú egyedeket a húsminőségre vonatkozó paraméterek tekintetében jellemezték sokkal jobb értékek az AA és AB genotípusokhoz képest. Ennek következtében levonható a következtetés, hogy a G18398T és G22484C SNP-k szintén felhasználhatók genetikai markerekként a genomszelekciós tenyésztések során (Mao és mtsai, 2018b).

A Krüppel-szerű transzkripció faktorok (KLF-ek) családján belül 17 különféle KLF-et azonosítottak (KLF1–KLF17) (Pearson és mtsai, 2008). Ezek a génexpressziót befolyásoló fehérjék részt vesznek a sejtfolymatok jelentős részében, mint például a glükoneogenezisben és a szív működésben (Shindo és mtsai, 2002; Fisch és mtsai, 2007). A KLF15 volt az, amelyről először megállapították, hogy részt vesz az adipogenezisben és a glükóz homeosztázisban (Uchida és mtsai, 2000; Gray és mtsai, 2007). A KLF15 expresszióját számos szövetben kimutatták beleértve a májat, a szívet, a vesét, a zsírt és a vázizmokat (Gray és mtsai, 2002). Kísérleti egerek esetében a KLF15 hiánya abnormális lipid- és energiaáramláshoz vezetett az izomszövetekben. Érdekesség még, hogy a KLF15 szintje mind az emberekben, mind az egerekben két-háromszorosára is nőhet erőteljesebb testmozgás hatására, ezt követően pedig szabályozza az izomszövet zsírégető és erőtermelési képességét. A gén működésének hiánya továbbá megakadályozza a hatékony zsírégetést, és az aerob folyamatok fennmaradását, ez pedig a zsírszövet felhalmozódást és elhízást eredményez (Halder és mtsai, 2012). Házityúkokban végzett kutatások kimutatták, hogy ez a gén befolyásolhatja a tyúkok növekedési és hasított test tulajdonságait, bár ez esetben lényegesen kevesebb információ áll rendelkezésünkre (Lyu és mtsai, 2014), ugyanígy a házigalamboknál is, ahol a KLF15 gén működési funkciója még nem meghatározott teljesen (Yin és mtsai, 2016).

Izomfejlődést befolyásoló gének

Az izomrostok képződését az úgynevezett miogén szabályozó faktorok (MRF) befolyásolják. Ezek olyan fehérjék, amelyek kulcsszerepet játszanak az izomdifferenciálódás vagy miogenezis szabályozásában, különösen a vázizomzat fejlődésében (Sabourin és Rudnicki, 2000). Az MRF család tagjai 4 izomspecifikus, transzkripció faktorok kódolnak, amelyek a miogenin (MYOG) és még további három faktor (MYOD1, MYF5, MYF6) (Naidu és mtsai, 1995). Ezeket a géneket a miogenezisben betöltött jelentős szerepük miatt fontos markereknek tekintik a húsminőség megállapítása szempontjából (Robakowska-Hyżorek és mtsai, 2010).

A MYF5 az emlősök fejlődése során fejeződik ki a leginkább és nagyon fontos szerepet tölt be az izomcsoportok elkülönülése és kialakulásuk során (Ott és mtsai, 1991). A MYF5 kifejeződése továbbá elősegíti sejtszaporodást és növeli

mononukleáris mioblasztok számát (Verner és mtsai, 2007; Liu és mtsai, 2012; Biressi és mtsai, 2013). A MYF5 függetlenül képes elindítani a miogén programot, és így meghatározó génként működhet (Halder és mtsai, 2008). A MYF5 genetikai változatai szorosan összefüggenek az izomképződéssel, a hústermelő haszonállatok esetében pedig a kapcsolódó tulajdonságokkal, végső soron pedig a növekedést befolyásolják döntően (Singh és Dilworth, 2013). Leggyakrabban a MYOD és MYOG génekre összpontosítottak az eddigi tanulmányokban, melynek oka, hogy az MYF5 gén igen széleskörű szabályozó funkcióval rendelkezik, ami megnehezíti tanulmányozását, ezért sokkal kevesebb figyelmet kapott eddig, különösen a galamboknál.

Yin és mtsai (2016) vizsgálatában a szekvenálási eredmények alapján összesen 11 nukleotidmutációt találtak. A MYF5 génben eddig 5 mutációt azonosítottak (T5067A, C5084T, C5101T, T5127A és C5154G), melyek mindegyike a 3. exonban volt megtalálható. A KLF15 génben a maradék hat mutáció mindegyike a 2. exonban volt megfigyelhető (C1398T, C1464T, G1542A, C1929T, G1965A és A2355G). A KLF15 fehérje mindegyik nukleotidmutációja szinonim volt. A MYF5 és KLF15 génekben három genotípust mutattak ki (AA, AB és BB). E három genotípus közül az AA genotípus volt a leggyakoribb, míg az AB és BB genotípus gyakorisága viszonylag alacsony volt. Az eredmények szerint az A allél volt ezek közül a dominánsabb. A MYF5 gén esetében a C5084T és a T5127A SNP genotípusai szignifikáns összefüggést mutattak a galambok hasított test tulajdonságaival (hasított testsúly, félig kizsigerelt súly, kizsigerelt súly, mellizom súlya, hasi zsír súlya, vágási kihozatal, félig kizsigerelt vágás aránya, kizsigerelt vágás aránya, mellizom aránya, hasi zsír aránya). A két lókuszon belül pedig a BB genotípus viszonylag magasabb asszociációs értékeket mutatott, mint az AA vagy AB genotípusúaké. A KLF15 SNP-jének genotípusai és a hasított test paraméterei között azonban nem figyeltek meg szignifikáns összefüggést. Látható tehát, hogy a MYF5 gén a jövőben is potenciálisan vizsgált gén lehet, amely befolyásolja a hasított test tulajdonságait a háziállatokban és bizonyítottan a haszongalambokban is. Utóbbiak esetében a C5084T és T5127A SNP-k BB genotípusa szelekciós genetikai marker lehet a húshasznú galambok tenyésztése során.

A miosztatint az izomnövekedés egyik legerősebb negatív szabályozójának tartják. A funkcionális miosztatin (MSTN) hiánya vagy mutációja szokatlan izomzatot, például „kettős izomzatot” eredményezhet, mint ahogy a belga kék szarvasmarhák esetében is. Az MSTN variabilitásáról szóló legújabb tanulmányok azt mutatják, hogy összefüggésbe hozható a kutyák és a versenylovak teljesítményével is (Mosher és mtsai, 2007; Giri és mtsai, 2022). Az MSTN gén néhány vizsgált polimorfizmusa, mint például annak 11 bp-os deléciója (nt821(del11)), vagy a mutáns izomhipertrofia allélja szarvasmarhában (Bellinge és mtsai, 2005), illetve az 1-es intronjában leírt B allélja a juhokban (Hickford és mtsai, 2010), pedig összefüggésbe hozható a növekedéssel, az izomtömeggel és a hasított test jellemzőivel (Dall'Olio és mtsai, 2010). A miosztatin hatásmechanizmusával kapcsolatos kutatások kimutatták, hogy a miosztatin kritikus mértékben befolyásolja az állóképességi tulajdonságok kialakulását, különösen annak inaktíválódása vagy csökkent expressziós szintje esetén. Figyelembe véve az MSTN magas szintű homológiáját a gerincesek között, okkal feltételezhető, hogy ugyanez a korreláció fordul elő verseny- és haszongalambokban egyaránt. Az MSTN gén polimorfizmusának vizsgálata, amely az állóké-

pességi tulajdonságok potenciális markerének tekinthető, meghatározó vizsgálati terület lehet a haszongalamb-tenyésztés szempontjából (*Dybus és mtsai*, 2013).

Dybus és mtsai (2013) összesen 376 házigalambot genotipizáltak PCR-RFLP módszerrel, ahol a genotípus-gyakoriság ($p < 0,01$) és az allélgyakoriság ($p < 0,01$) közötti különbségeket vizsgálták meg különböző csoportok között. A vizsgálatba vett csoportokat, 144 versenyalamb (Natural Antwerpen tenyésztőállomás-Belgium), 117 röp- és díszgalamb (helyi tenyésztőktől) és 115 húshasznú galamb alkotta. Az MSTN T allél gyakorisága valamennyi vizsgált egyedben igen alacsony volt (0,149), de fontos, hogy a haszongalambok csoportjában ez a ritka génváltozat jóval gyakoribb volt (0,291), amelyeket bőséges izomtömeg és magasabb testtömeg-izomtömeg arány jellemzett, mint a másik két fajtacsoport esetében ($p < 0,001$). Statisztikailag szignifikáns különbség a genotípus- és allélgyakoriságban volt megfigyelhető a csoportok között. Az MSTN/Btgl polimorfizmus alapján 3 genotípust figyeltek meg (TT, CC és CT). Az elemzett SNP molekuláris alapja egy C→T allélok közötti átmenet, mely az MSTN gén 3. exonjában található a 287. kodonban (ACC - ACT), ami a treonin nevű aminosavat kódolja. A legmagasabb allélfrekvenciát (T allél: 0,464) a strasser fajtában észlelték, ahol az egyedek több, mint 50%-a heterozigóta volt. Ez nem meglepő, hiszen ez esetben egy igen jellemző, nagytestű húshasznosításra is tartott fajtáról beszélünk. Természetesen hasonló tendencia volt megfigyelhető a legnépesebb házigalamb csoportnál, a haszongalamboknál is, ahol az egyedek 47,4%-a mutatott heterozigotizást (*Dybus és mtsai*, 2013).

Az MSTN génexpresszió szabályozásának és ezáltal a miosztatin hatásmechanizmusának megismerése új, és izgalmas utakat nyithat meg számunkra. A haszongalambtenyésztésben legfőképpen a nevelési, testtömeggyarapodási és húsminőségi tulajdonságokkal kapcsolatban lenne nagy jelentősége a marker alapú tenyésztésnek, ezen kívül pedig az új galambfajták kialakítása során vagy a meglévő fajták/hibridek feljavításához is nagyban hozzájárulna a különböző polimorfizmusok pontos ismerete és célzott szelekciója. Ez nem csupán a húshasznú galambok genetikai előrehaladását biztosítaná, de egy igen drága és világszinten is népszerű sport, a postagalambászat területén is kamatoztatható lenne a jobb versenyeredmények érdekében (*Jerolmack*, 2007). A galambtenyésztés növekvő pénzügyi értéke pedig már önmagában egy erős indok világszerte, hogy a kutatók nagyobb figyelmet fordítsanak erre a háziállat fajra is. Az MSTN gén polimorfizmusa pedig az egyik legígéretesebb marker, mind a haszongalambok, mind a postagalambok genomszelekciós tenyésztése területén (*Dybus és mtsai*, 2013).

Az 1. táblázatban röviden összegeztük a húsminőséggel összefüggő egypontos nukleotid polimorfizmusokat, illetve azok hatásait a házi galamb fajban.

1. táblázat

Húsminőséggel összefüggő SNP-k és hatásuk áttekintése házigalambban

Gének (1)	SNP-k (2)	Szignifikáns hatások (3)	Genotípusok (4)	Referencia (5)
FABP1	G161C, T1298C, C1376T, T1388C	Az AA, AB és BB genotípusok megfelelnek a GG, CT és CC genotípusoknak. A G161C SNP esetében az AB és BB genotípusú galambok mellizom-szövetében nagyobb volt az inozinsav-koncentráció, mint az AA genotípusban. A három genotípus közül, a legnagyobb intramuszkuláris zsírszázalékot a BB genotípus mutatta. A BB genotípus mellizomzatában szignifikánsan nagyobb FABP1 mRNS szintet figyeltek meg, mint az AA és AB genotípus esetében. Az SNP C1376T-t tekintve az AB és BB genotípusban volt a legnagyobb az intramuszkuláris zsír a mellizomban, ellentétben az AA genotípussal. (6)	AA, AB, BB	(Mao és mtsai, 2020)
	C3389T		AA, AB	
MC3R, MC4R	T91G	Az MC3R gén T91G SNP-jének BB genotípusú, az MC4R gén A903G SNP-jében pedig az AA genotípusú egyedek voltak a legkedvezőbbek a testnövekedés és súlygyarapodás szempontjából. A kombinált genotípus-elemzés alapján pedig BBAA allélpárral rendelkező egyedek testtömeggyarapodása kedvezőbb volt, mint az AABB genotípusoké. (7)	BB	(Li és mtsai, 2008)
	A903G		AA	
MSTN	MSTN/Btgl	A T allél gyakorisága valamennyi vizsgált galambban alacsony volt (0,149), de a haszongalambok csoportjában jóval gyakoribb volt (0,291), mint a másik két csoportban ($p < 0,01$). (8)	TT, CT, CC	(Dybus és mtsai, 2013)
MYF5	T5067A, C5084T, C5101T, T5127A, C5154G	A MYF5 gén esetében a C5084T és a T5127A SNP genotípusai szignifikáns összefüggést mutatnak a galambok hasított test tulajdonságaival. A két SNP-n belül pedig a BB genotípus viszonylag magasabb asszociációs értékeket mutatott, mint az AA vagy AB genotípusúaké. Az AA, AB és BB genotípusok a TT, AT és AA allélpárokat jelentik. (9)	AA, BB, AB	(Yin és mtsai, 2016)
KLF15	C1398T, C1464T, G1542A, C1929T, G1965A, A2355G	A KLF15 SNP-jének genotípusai és a hasított test paraméterei között nem figyeltek meg szignifikáns összefüggést. Az AA, AB és BB genotípusok a CC, CT és TT allélpárokat jelentik. (10)	AA, BB, AB	
ADSL	C139T, C181T, T4926C, C5013T, T13010C, C13065G, C6812T, G10696A	A 11. exonban található C13065G SNP esetében az AA és AB genotípusú galambok mellizom IMP-tartalma magasabb volt, mint a BB genotípusban ($p < 0,01$). A 10. exonban található G10696A SNP összefüggésbe hozható a hasított test mutatóival, amelyben az AA és AB genotípusok nagyobb értékeket mutattak, mint a BB genotípus ($p < 0,01$). (11)	AA, BB, AB	(Mao és mtsai, 2018a)
	C1420T		AA, BB	

Gének (1)	SNP-k (2)	Szignifikáns hatások (3)	Genotípusok (4)	Referencia (5)
DGAT2	G18398T, G22484C	A gén 3. exonban található G18398T SNP esetében a BB genotípusú egyedek szignifikánsan jobb húsminőséget (kedvezőbb értékű az inozinsav és az intramuszkuláris zsír koncentrációja a mellizomban) és alacsonyabb hasi zsírtartalmat mutattak, mint az AA vagy AB genotípusok. A 6-os exonban található G22484C SNP AA genotípusa mutatta a legjobb hasított testi tulajdonságokat, míg a BB genotípusú egyedeknek sokkal jobb értékei voltak a húsminőséget (nyíróerő és az intramuszkuláris zsír koncentrációja a mellizomban) tekintve az AA és AB genotípusokhoz képest. (12)	AA, AB, BB	(Mao és mtsai, 2018b)

Table 1. Review of meat quality-related SNPs and their effects in domestic pigeons

genes (1); SNPs (2); significant effects (3); genotypes (4); reference (5); AA, AB and BB genotypes correspond to GG, CT and CC genotypes. In the case of the G161C SNP, the inosinic acid concentration was higher in the breast muscle tissue of the AB and BB genotype pigeons than in the AA genotype. Among the three genotypes, the BB genotype showed the highest intramuscular fat percentage. A significantly higher FABP1 mRNA level was observed in the breast muscle of the BB genotype than in the AA and AB genotypes. Regarding the SNP C1376T, the AB and BB genotypes had the highest intramuscular fat in the breast muscle, in contrast to the AA genotype. (6); Individuals with the BB genotype of the T91G SNP of the MC3R gene and the AA genotype of the A903G SNP of the MC4R gene were the most favorable in terms of body growth and weight gain. Based on the combined genotype analysis, the body weight gain of individuals with the BBAA allele pair was more favorable than that of the AABB genotypes. (7); The frequency of the T allele was low in all tested pigeons (0.149), but it was much more frequent in the group of utility pigeons (0.291) than in the other two groups ($p < 0.01$) (8); In the case of the MYF5 gene, the C5084T and T5127A SNP genotypes showed a significant correlation with the carcass traits of the pigeons. Within the two SNPs, the BB genotype showed relatively higher association values than those of the AA or AB genotypes. The AA, AB and BB genotypes represent the TT, AT and AA allele pairs (9); No significant correlation was observed between genotypes of the KLF15 SNP and carcass traits. Genotypes AA, AB, and BB represent allelic pairs CC, CT, and TT. (10); In the case of the C13065G SNP located in exon 11, the IMP content of the breast muscle of pigeons with AA and AB genotypes was higher than that of BB genotypes ($p < 0.01$). The G10696A SNP in exon 10 was associated with carcass traits, in which genotypes AA and AB showed higher values than genotype BB ($p < 0.01$). (11); In the case of the G18398T SNP located in exon 3 of the gene, individuals with the BB genotype showed significantly better meat quality (more favorable concentration of inosinic acid and intramuscular fat in the breast muscle) and lower abdominal fat content than the AA or AB genotypes. The AA genotype of the G22484C SNP located in exon 6 showed the best carcass traits, while the BB genotype individuals had much better meat quality values (shear force and intramuscular fat concentration in the breast muscle) compared to the AA and AB genotypes. (12)

KÖVETKEZTETÉSEK

A házigalamb fajban az eddig vizsgált gének polimorfizmusai a legtöbb esetben a növekedési tulajdonságokért, a zsírszövet és az izomszövet szabályozásáért voltak felelősek. Ezekben a vizsgálatokban a hasított test értékmutatóit és a húsminőséget vették figyelembe, amiket aztán az SNP vizsgálat eredményeivel összefüggésben elemeztek. A növekedési hajlammal és testtömeg-gyarapodással az MC3R és MC4R gén polimorfizmusai mutattak korrelációt a húshasznú galambok esetében.

A zsírszövet szabályozásával kapcsolatban jóval több gént vizsgáltak. A FABP1 gén az úgynevezett zsírsavkötő fehérjék működéséért felel, a KLF12 gén hiánya vagy elégtelen működése fokozott elhízást eredményezett, a DGAT géncsalád pedig a triacilglicerín-szintéziséért felelős, mely fontos szerepet tölt be az intramuszkuláris zsírlerakódás szabályozásában. Az MSTN gén hiánya vagy mutációja szokatlan, fejlett izmoltságot eredményez. A miogenezis során a vázizmok differenciálódását miogén szabályozó faktorok (MRF) irányítják. Ezek közül ritkán vizsgált, de szintén jelentőséggel bíró faktor a MYF5 gén, mely korrelációban volt a hasított test izmoltságával és a növekedési tulajdonságokkal egyaránt. Az adenil-szukcinát-liáz (ADSL) fontos szerepet játszik az inozin-monofoszfát (IMP) szintézisében, az elmúlt évtizedekben pedig számos tanulmány kimutatta, hogy az IMP a hús ízének egyik kulcsfontosságú összetevője, ezért az ADSL gén polimorfizmusai is meghatározó markerként működhetnek a genomselektív nemesítések terén. Összességében látható, hogy a molekuláris genetikán alapuló vizsgálatok hatékony megoldásokat kínálhatnak az állattenyésztés ezen, éppen fellendülőben lévő szegmensében. A kutatások nagy része a legtöbb esetben kis elemszámú vizsgálatokkal történt, mely okot adhat a vizsgálatok szélesebb körű kiterjesztésére a pontos ismeretek elmélyítése érdekében. Ezen túl azonban más fajokhoz képest viszonylag kevés gén polimorfizmusa került a kutatások középpontjába a házigalambban, ezért érdemes lenne továbbiak bevonása, és a vizsgálatok ilyen irányú kiterjesztése is. Ehhez jó kiindulási pontot jelentenek a korábban már széleskörűen kutatott háziállatfajok hústermelést és húsminőséget befolyásoló polimorfizmusai is.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Az Innovációs és Technológiai Minisztérium ÚNKP-21-4 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült.

IRODALOMJEGYZÉK

- Asaduzzaman, M. – Mahiuddin, M. – Howlider, M. – Hossain, M. – Yeasmin, T.* (2012): Pigeon farming in Gouripur Upazilla of Mymensingh district. *Bangladesh Sci. J. Anim. Sci.*, 38. 142-150. DOI: <https://doi.org/10.3329/bjas.v38i1-2.9923>
- Bagi, Z. – Kusza, Sz.* (2014): Values of Hungarian pigeon breeding. *Acta Agraria Debreceniensis*, 57. 9-14.
- Bellinge, R. H. S. – Liberles, D. A. – Iaschi, S. P. A. – O'brien, P. A. – Tay, G. K.* (2005): Myostatin and its implications on animal breeding: a review. *Anim. Genet.*, 36. 1-6.
- Berri, C. – Wacrenier, N. – Millet, N. – Le Bihan-Duval, E.* (2001): Effect of selection for improved body composition on muscle and meat characteristics of broilers from experimental and commercial lines. *Poult. Sci.*, 80. 833-838.
- Biressi, S. – Bjornson, C. R. – Carlig, P. M. – Nishijo, K. – Keller, C. – Rando, T. A.* (2013): Myf5 expression during fetal myogenesis defines the developmental progenitors of adult satellite cells. *Dev. Biol.*, 379. 195-207.
- Burt, D. W.* (2005): Chicken genome: Current status and future opportunities. *Gen. Res.*, 15. 1692-1698.
- Cases, S. – Smith, S. J. – Zheng, Y. W. – Myers, H. M. – Lear, S. R. – Sande, E. – Farese, R. V.* (1998): Identification of a gene encoding an acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *PNAS*, 95. 13018-13023.

- Chang, C. C. – Silva, B. B. I. – Huang, H. Y. – Tsai, C. Y. – Flores, R. J. D. – Tayo, L. L. – Tyan, Y. C. – Tsai, M. A. – Catulin, G. E. M. – Chuang, K. P. (2021): Development and validation of KASP assays for the genotyping of racing performance-associated single nucleotide polymorphisms in pigeons. *Genes*, 12. 1383. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes12091383>
- Chen, J. L. – Zhao, G. P. – Zheng, M. Q. – Wen, J. – Yang, N. (2008): Estimation of genetic parameters for contents of intramuscular fat and inosine-5'-monophosphate and carcass traits in Chinese Beijing-You chickens. *Poult. Sci.*, 87. 1098-1104.
- Csikós, Á. (2015): Fajazonosítás élelmiszerekből PCR-SSCP metodika fejlesztésével. PhD disszertáció, Debreceni Egyetem, Debrecen, 127.
- Dall'Olio, S. – Fontanesi, L. – Nanni Costa, L. – Tassinari, M. – Minieri, L. – Falaschini, A. (2010): Analysis of horse myostatin gene and identification of single nucleotide polymorphisms in breeds of different morphological types. *J. Biotechnol. Biomed.* DOI:10.1155/2010/542945
- Davis, G. P. – Moore, S. S. – Drinkwater, R. D. – Shorthose, W. R. – Loxton, I. D. – Barendse, W. – Hetzel, D. J. S. (2008): QTL for meat tenderness in the *M. longissimus lumborum* of cattle. *Anim. Genet.*, 39. 40-45.
- de Souza-Vilela, J. – Andrew, N. R. – Ruhnke, I. (2019): Insect protein in animal nutrition. *Anim. Prod. Sci.*, 59. 2029-2036.
- Dong, X. – Cao, H. – Mao, H. – Hong, Q. – Yin, Z. (2019): Association of MyoD1 gene polymorphisms with meat quality traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *J. Poult. Sci.*, 56. 20-26.
- Dybus, A. – Proskura, W. S. – Pawlina, E. – Nowak, B. (2018): Associations between polymorphisms in the myostatin, α A-globin and lactate dehydrogenase B genes and racing performance in homing pigeons. *Vet. Med.*, 63. 390-394.
- Dybus, A. – Proskura, W. S. – Sackowski, S. – Pawlina, E. (2013): A single nucleotide polymorphism in exon 3 of the myostatin gene in different breeds of domestic pigeon (*Columba livia* var. *domestica*). *Vet. Med.*, 58. 32-38.
- Fang, X. – Zhang, J. – Xu, H. – Zhang, C. – Du, Y. – Shi, X. – Chen, H. (2012): Polymorphisms of diacylglycerol acyltransferase 2 gene and their relationship with growth traits in goats. *Mol. Biol. Rep.*, 39. 1801-1807.
- Fisch, S. – Gray, S. – Heymans, S. – Haldar, S. M. – Wang, B. – Pfister, O. – Jain, M. K. (2007): Krüppel-like factor 15 is a regulator of cardiomyocyte hypertrophy. *PNAS*, 104. 7074-7079.
- Fletcher, D. L. (2002): Poultry meat quality. *World's Poult. Sci. J.*, 58. 131-145.
- Gao, N. – Qu, X. – Yan, J. – Huang, Q. – Yuan, H. Y. – Ouyang, D. S. (2010): L-FABP T94A decreased fatty acid uptake and altered hepatic triglyceride and cholesterol accumulation in Chang liver cells stably transfected with L-FABP. *Mol. Cell. Biochem.*, 345. 207-214.
- Gao, Y. U. – Zhang, R. – Hu, X. – Li, N. (2007): Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm animals. *Meat Sci.*, 77. 36-45.
- Gill, J. L. – Bishop, S. C. – McCorquodale, C. – Williams, J. L. – Wiener, P. (2010): Associations between single nucleotide polymorphisms in multiple candidate genes and carcass and meat quality traits in a commercial Angus-cross population. *Meat Sci.*, 86. 985-993.
- Giri, S. K. – Nayan, V. – Legha, R. A. – Pal, Y. – Bhardwaj, A. (2022): Characterization of Partial Sequence of Myostatin Gene Exon 2 along with SNP detection in Indian Horse Breeds (*Equus caballus*). *J. Equine Vet. Sci.*, 116. 104047.
- Gray, S. – Feinberg, M. W. – Hull, S. – Kuo, C. T. – Watanabe, M. – Banerjee, S. S. – Jain, M. K. (2002): The Krüppel-like factor KLF15 regulates the insulin-sensitive glucose transporter GLUT4. *J. Biol. Chem.*, 277. 34322-34328.
- Gray, S. – Wang, B. – Orihuela, Y. – Hong, E. G. – Fisch, S. – Haldar, S. – Cline, G. W. – Kim, J. K. – Peroni, O. D. – Kahn, B. B. – Jain, M. K. (2007): Regulation of gluconeogenesis by Krüppel-like factor 15. *Cell Metab.*, 5., 305-312.
- Haldar, M. – Karan, G. – Tvrdik, P. – Capecchi, M. R. (2008): Two cell lineages, myf5 and myf5-independent, participate in mouse skeletal myogenesis. *Dev. Cell*, 14., 437-445.

- Haldar, S. M. – Jeyaraj, D. – Anand, P. – Zhu, H. – Lu, Y. – Prosdocimo, D. A. – Jain, M. K. (2012): Krüppel-like factor 15 regulates skeletal muscle lipid flux and exercise adaptation. PNAS, 109. 6739-6744.
- He, C. – Holme, J. – Anthony, J. (2014): SNP Genotyping: The KASP Assay. In Crop breeding (pp. 75-86). Humana Press, New York, NY.
- Hickford, J. G. H. – Forrest, R. H. – Zhou, H. – Fang, Q. – Han, J. – Frampton, C. M. – Horrell, A. L. (2010): Polymorphisms in the ovine myostatin gene (MSTN) and their association with growth and carcass traits in New Zealand Romney sheep. Anim. Genet., 41. 64-72.
- Jędrzejczak-Silicka, M. – Dudaniec, K. – Dybus, A. (2019): Association of alpha-a globin gene polymorphism with its expression level in racing pigeons. Acta. Sci. Pol. Zootech., 18. 19-26.
- Jerolmack, C. (2007): Animal archeology: Domestic pigeons and the nature – culture dialectic. Qual. Sociol. Rev., 3. 74-95.
- Jilly, B. (2015): Háztáji és magángazdasági haszongalamb-tartás, fejlesztése, jövedelmezősége, foglalkoztatást elősegítő hatása. AWETH, 11. 96-103.
- Lakhssassi, K. – Iguacel, L. P. – Sarto, M. P. – Lahoz, B. – Folch, J. – Jiménez, M. A – Alabart, J. L. – Serrano, M. – Calvo J. H. (2021): Marker assisted selection in Rasa Aragonesa sheep breed by using a SNP panel for parentage assignment. Options Méditerranéennes, A, 125, 619-624.
- Kawai, M. – Okiyama, A. – Ueda, Y. (2002): Taste enhancements between various amino acids and IMP. Chem. Senses, 27. 739-745.
- Khan, R. – Raza, S. H. A. – Junjvlieke, Z. – Xiaoyu, W. – Garcia, M. – Elnour, I. E. – Linsen, Z. (2019): Function and transcriptional regulation of bovine TORC2 gene in adipocytes: roles of C/EBP γ , XBP1, INSM1 and ZNF263. Int. J. Mol. Sci., 20. 4338.
- Kmoch, S. – Hartmannová, H. – Stibůrková, B. – Krijt, J. – Zikánová, M. – Šebesta, I. (2000): Human adenylosuccinate lyase (ADSL), cloning and characterization of full-length cDNA and its isoform, gene structure and molecular basis for ADSL deficiency in six patients. Hum. Mol. Genet., 9. 1501-1513.
- Kozioł, K. – Pałka, S. – Migdał, W. – Otwinowska-Mindur, A. – Kmiecik, M. – Migdał, A. – Bieniek, J. (2018): Single nucleotide polymorphisms within rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) fatty acids binding protein 4 (FABP4) are associated with meat quality traits. Livest. Sci., 210. 21-24.
- Kuchiba-Manabe, M. – Matoba, T. – Hasegawa, K. (1991): Sensory changes in umami taste of inosine 5'-monophosphate solution after heating. J. Food Sci., 56. 1429-1432.
- Kumpatla, S. P. (2012): Genomics-assisted plant breeding in the 21st century: technological advances and progress. Scienceweb academic papers collection.
- Kusza, S. – Csiszter, L. T. – Ilie, D. E. – Sauer, M. – Padeanu, I. – Gavojdian, D. (2018): Kompetitive Allele Specific PCR (KASP™) genotyping of 48 polymorphisms at different caprine loci in French Alpine and Saanen goat breeds and their association with milk composition. PeerJ, 6. e4416.
- Lam, B. Y. H. – Williamson, A. – Finer, S. – Day, F. R. – Tadross, J. A. – Gonçalves Soares, A. – O'Rahilly, S. (2021): MC3R links nutritional state to childhood growth and the timing of puberty. Nature, 599. 436-441.
- Lengyel, A. (2020): Húsgalambtenyésztés - A franciák így csinálják, Kistermelők Lapja, 10. 22-23.
- Li, S. P. – Ning, Z. H. D. – Sun, F. Y. – Bai, X. J. (2008): Correlation analysis between MC3R and MC4R gene polymorphism and growth traits in pigeon. Yi Chuan=Hered., 30. 1333-1340.
- Liu, Q. C. – Zha, X. H. – Faralli, H. – Yin, H. – Louis-Jeune, C. – Perdiguero, E. – Dilworth, F. J. (2012): Comparative expression profiling identifies differential roles for Myogenin and p38 α MAPK signaling in myogenesis. J. Mol. Cell Biol., 4. 386-397.
- Liu, R. Z. – Li, X. – Godbout, R. (2008): A novel fatty acid-binding protein (FABP) gene resulting from tandem gene duplication in mammals: transcription in rat retina and testis. Genom, 92. 436-445.
- Lyu, S. J. – Tian, Y. D. – Wang, S. H. – Han, R. L. – Mei, X. X. – Kang, X. T. (2014): A novel 2-bp indel within Krüppel-like factor 15 gene (KLF15) and its associations with chicken growth and carcass traits. Br. Poult. Sci., 55. 427-434.

- Magalhães, A. F. B. – Schenkel, F. S. – Garcia, D. A. – Gordo, D. G. M. – Tonussi, R. L. – Espigolan, R. – de Albuquerque, L. G. (2019): Genomic selection for meat quality traits in Nelore cattle. *Meat Sci.*, 148. 32-37.
- Magenis, R. E. – Smith, L. – Nadeau, J. H. – Johnson, K. R. – Mountjoy, K. G. – Cone, R. D. (1994): Mapping of the ACTH, MSH, and neural (MC3 and MC4) melanocortin receptors in the mouse and human. *Mam. Gen.*, 5. 503-508.
- Manjula, P. – Cho, S. – Suh, J. K. – Seo, D. – Lee, J. H. (2018): Single nucleotide polymorphism of TBC1D1 gene association with growth traits and serum clinical-chemical traits in chicken. *Korean J. Poult. Sci.*, 45. 291-298.
- Mao, H. – Xu, X. – Liu, H. – Cao, H. – Dong, X. – Xu, N. – Yin, Z. (2020): The temporal-spatial patterns, polymorphisms and association analysis with meat quality traits of FABP1 gene in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 61. 232-241.
- Mao, H. G. – Cao, H. Y. – Liu, H. H. – Dong, X. Y. – Xu, N. Y. – Yin, Z. Z. (2018a): Association of ADSL gene polymorphisms with meat quality and carcass traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 59. 604-607.
- Mao, H. G. – Dong, X. Y. – Cao, H. Y. – Xu, N. Y. – Yin, Z. Z. (2018b): Association of DGAT2 gene polymorphisms with carcass and meat quality traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 59. 149-153.
- Mosher, D. S. – Quignon, P. – Bustamante, C. D. – Sutter, N. B. – Mellersh, C. S. – Parker, H. G. – Ostrander, E. A. (2007): A mutation in the myostatin gene increases muscle mass and enhances racing performance in heterozygote dogs. *PLoS Genet.*, 3. e79.
- Naidu, P. S. – Ludolph, D. C. – To, R. Q. – Hinterberger, T. J. – Konieczny, S. F. (1995): Myogenin and MEF2 function synergistically to activate the MRF4 promoter during myogenesis. *Mol. Cell Biol.*, 15. 2707-2718.
- Newberry, E. P. – Kennedy, S. M. – Xie, Y. – Luo, J. – Croke, R. M. – Graham, M. J. – Davidson, N. O. (2012): Decreased body weight and hepatic steatosis with altered fatty acid ethanolamide metabolism in aged L-Fabp^{-/-} mice. *J. Lipid Res.*, 53. 744-754.
- Niewold, T. A. – Meinen, M. – Van der Meulen, J. (2004): Plasma intestinal fatty acid binding protein (I-FABP) concentrations increase following intestinal ischemia in pigs. *Res. Vet. Sci.*, 77. 89-91.
- Ockner, R. K. – Manning, J. A. – Poppenhausen, R. B. – Ho, W. K. (1972): A binding protein for fatty acids in cytosol of intestinal mucosa, liver, myocardium, and other tissues. *Science*, 177. 56-58.
- Osman, K. M. – Marouf, S. H. – Mehana, O. A. – Al Atfeehy, N. (2014): *Salmonella enterica* serotypes isolated from squabs reveal multidrug resistance and a distinct pathogenicity gene repertoire. *Rev. Sci. Tech.*, 33. 997-1006.
- Ott, M. O. – Bober, E. – Lyons, G. – Arnold, H. – Buckingham, M. (1991): Early expression of the myogenic regulatory gene, myf-5, in precursor cells of skeletal muscle in the mouse embryo. *Development*, 111. 1097-1107.
- Otto, G. – Roehe, R. – Looft, H. – Thoelking, L. – Knap, P. W. – Rothschild, M. F. – Kalm, E. (2007): Associations of DNA markers with meat quality traits in pigs with emphasis on drip loss. *Meat Sci.*, 75. 185-195.
- Paládi-Kovács, A. (1999): Népi gazdálkodás a Bódva-völgyében. [In: Bodnár M. – Rémiás T. (szerk.) Tanulmányok a Bódva-völgye múltjából. Putnok. Gömöri Múzeum és Baráti Köre. 808 p.
- Papanagiotou, P. – Tzimitra-Kalogianni, I. – Melfou, K. (2013): Consumers' expected quality and intention to purchase high quality pork meat. *Meat Sci.*, 93. 449-454.
- Pearson, R. – Fleetwood, J. – Eaton, S. – Crossley, M. – Bao, S. (2008): Krüppel-like transcription factors: a functional family. *Int. J. Biochem. Cell Biol.*, 40. 1996-2001.
- Pedryc, A. (2008): Kajszfajták genetikai jellemzése mikroszatellit és S-lókuszt polimorfizmus alapján (Doktori disszertáció, BCE).
- Peng, Y. D. – Xu, H. Y. – Ye, F. – Lan, X. – Peng, X. – Rustempašić, A. – Yin, H. D. – Zhao, X. L. – Liu, Y. P. – Zhu, Q. – Wang, Y. (2015): Effects of sex and age on chicken TBC1D1 gene mRNA expression. *Gen. Mol. Res.*, 14. 7704-7714.

- Pomianowski, J. F. – Mikulski, D. – Pudyszak, K. – Cooper, R. G. – Angowski, M. – Jozwik, A. – Horbanczuk, J. O. (2009): Chemical composition, cholesterol content, and fatty acid profile of pigeon meat as influenced by meat-type breeds. *Poult. Sci.*, 88. 1306-1309.
- Proskura, W. S. – Cichoń, D. – Grzesiak, W. – Zaborski, D. – Sell-Kubiak, E. – Cheng, Y. H. – Dybus, A. (2014): Single nucleotide polymorphism in the LDHA gene as a potential marker for the racing performance of pigeons. *J. Poult. Sci.*, 0130237.
- Proskura, W. S. – Dybus, A. – Łukaszewicz, A. – Hardziejewicz, E. – Pawlina, E. (2015): The single nucleotide polymorphisms in lactate dehydrogenase-a (LDHA) and feather keratin (F-KER) genes and racing performance of domestic pigeon. *Zesz. Nauk. UP Wroc.*, Biol. Hod. Zwierz., LXXVI. 608. 37-42.
- Raza, S. H. A. – Khan, R. – Abdelnour, S. A. – Abd El-Hack, M. E. – Khafaga, A. F. – Taha, A. – Ohran, H. – Mei, C. – Schreurs, N. M. – Zan, L. S. (2019): Advances of molecular markers and their application for body variables and carcass traits in Qinchuan cattle. *Genes*, 10. 717-740.
- Robakowska-Hyżorek, D. – Oprządek, J. – Żelazowska, B. – Olbromski, R. – Zwierzchowski, L. (2010): Effect of the g.-723G→T Polymorphism in the bovine myogenic factor 5 (MYF5) gene promoter region on gene transcript level in the longissimus dorsi muscle and on meat traits of Polish Holstein-Friesian cattle. *Biochem. Genet.*, 48. 450-464.
- Sabourin, L. A. – Rudnicki, M. A. (2000): Developmental biology: Frontiers for clinical genetics. *Clin. Genet.*, 57. 16-25.
- Sambrook, J. – Russell, D. W. (2001): Molecular Cloning: Ch. 8. In Vitro amplification of DNA by the polymerase chain reaction (Vol. 2). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Shin, S. C. – Chung, E. R. (2006): Association of SNP marker in the thyroglobulin gene with carcass and meat quality traits in Korean cattle. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.*, 20. 172-177.
- Shindo, T. – Manabe, I. – Fukushima, Y. – Tobe, K. – Aizawa, K. – Miyamoto, S. – Nagai, R. (2002): Krüppel-like zinc-finger transcription factor KLF5/BTEB2 is a target for angiotensin II signaling and an essential regulator of cardiovascular remodeling. *Nat. Med.*, 8. 856-863.
- Shu, J. T. – Bao, W. B. – Zhang, X. Y. – Ji, C. J. – Han, W. – Chen, K. W. (2009): Combined effect of mutations in ADSL and GARS-AIRS-GART genes on IMP content in chickens. *Br. Poult. Sci.*, 50. 680-686.
- Singh, K. – Dilworth, F. J. (2013): Differential modulation of cell cycle progression distinguishes members of the myogenic regulatory factor family of transcription factors. *The FEBS Journal.*, 280. 3991-4003.
- Sodhi, S. S. – Jeong, D. K. – Sharma, N. – Lee, J. H. – Kim, J. H. – Kim, S. H. – Kim, S. W. – Jon, S. (2013): Marker assisted selection-applications and evaluation for commercial poultry breeding. *Korean J. Poult. Sci.*, 40. 223-234.
- Storch, J. – Corsico, B. (2008): The emerging functions and mechanisms of mammalian fatty acid-binding proteins. *Ann. Rev. Nutr.*, 28. 73-95.
- Su, Y. – Jiang, X. S. – Zhu, Q. (2006): Studies on the single nucleotide polymorphism (SNP) sites in melanocortin receptor -3, -4 genes and the relations between the SNPs and slaughter and meat quality traits in chickens [Dissertation]. Sichuan Agriculture University.
- Tyra, M. – Ropka-Molik, K. – Eckert, R. – Piórkowska, K. – Oczkiewicz, M. (2011): H-FABP and LEPR gene expression profile in skeletal muscles and liver during ontogenesis in various breeds of pigs. *Dom. Anim. Endocrinol.*, 40. 147-154.
- Uchida, S. – Tanaka, Y. – Ito, H. – Saitoh-Ohara, F. – Inazawa, J. – Yokoyama, K. K. – Marumo, F. (2000): Transcriptional regulation of the CLC-K1 promoter by myc-associated zinc finger protein and kidney-enriched Krüppel-like factor, a novel zinc finger repressor. *Mol. Cell Biol.*, 20. 7319-7331.
- Verner, J. – Humpolíček, P. – Knoll, A. (2007): Impact of MYOD family genes on pork traits in Large White and Landrace pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, 124. 81-85.
- Wakchaure, R. – Ganguly, S. – Praveen, P. K. – Kumar, A. – Sharma, S. – Mahajan, T. (2015): Marker assisted selection (MAS) in animal breeding: a review. *J. Drug Metab. Toxicol.*, 6. e127.

- Wang, B. – Min, Z. – Yuan, J. – Zhang, B. – Guo, Y. (2014): Effects of dietary tryptophan and stocking density on the performance, meat quality, and metabolic status of broilers. *J. Anim. Sci. Biotech.*, 5. 1-7.
- Wang, Q. – Li, H. – Li, N. – Leng, L. – Wang, Y. – Tang, Z. (2006a): Identification of single nucleotide polymorphism of adipocyte fatty acid-binding protein gene and its association with fatness traits in the chicken. *Poult. Sci.*, 85. 429-434.
- Wang, Q. – Li, H. – Li, N. – Leng, L. – Wang, Y. (2006b): Tissue expression and association with fatness traits of liver fatty acid-binding protein gene in chicken. *Poult. Sci.*, 85. 1890-1895.
- Wright, D. – Boije, H. – Meadows, J. R. S. – Bed'hom, B. – Gourichon, D. – Vieaud, A. – Boichard, M. T. – Rubin, C.J. – Imsland, F. – Hallböök, F. – Andersson, L. (2009): Copy number variation in intron 1 of SOX5 causes the pea-comb phenotype in chickens. *PLoS Gen.*, 5:e1000512.
- Yan, W. – Yi, S. – Yiping, L. – Xiao-Song, J. – Liang, L. – Huarui, D. – Qing, Z. (2010): Genetic diversity of MC3R gene and its association with slaughter traits and meat quality traits in chickens. *Acta Vet. Zootech. Sin.*, 38. 1027-1031.
- Ye, M. H. – Chen, J. L. – Zhao, G. P. – Zheng, M. Q. – Wen, J. (2010): Correlation between polymorphisms in ADSL and GARS-AIRS-GART genes with inosine 5'-monophosphate (IMP) contents in Beijing-you chickens. *Br. Poult. Sci.*, 51. 609-613.
- Yin, Z. Z. – Dong, X. Y. – Dong, D. J. – Ma, Y. Z. (2016): Association of MYF5 and KLF15 gene polymorphisms with carcass traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 57. 612-618.
- Zhang, Y. B. – Ba, C. F. – Su, Y. H. – Zeng, R. X. (2006): Relationship between MC4R gene polymorphism and body weight trait in beagle dogs. *Yi Chuan= Hered.*, 28. 1224-1228.
- Zhang, Y. H. – Dai, L. S. – Ma, T. H. – Wang, S. Z. – Guo, J. – Li, F. J. – Zhang, J. B. (2013): Association of T1740C polymorphism of L-FABP with meat quality traits in Junmu No. 1 white swine. *Genet. Mol. Res.*, 12. 235-41.
- Zhao, Y. – Rong, E. – Wang, S. – Zhang, H. – Leng, L. – Wang, Y. – Li, H. (2013): Identification of SNPs of the L-BABP and L-FABP and their association with growth and body composition traits in chicken. *J. Poult. Sci.*, 50. 300-310.
- Zimmerman, A. W. – Veerkamp, J. H. (2002): New insights into the structure and function of fatty acid-binding proteins. *Cell. Mol. Life Sci.*, 59.1096-1116.
- http_1://docplayer.hu/15603073-Polimeraz-lancreakcio-a-gentechnologia-nelkulozhetetlen-eszkoze.html
http_2://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene?Db=gene&Cmd=ShowDetailView&TermToSearch=4159

Érkezett: 2022. május

Szerzők címe: Sipos B.

Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar

Authors' address: Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen
 H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.
 biborka0501@gmail.com

Balog K.

Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
 Doctoral School of Animal Science, University of Debrecen
 H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.

Bagi Z. – Kusza Sz.

Debreceni Egyetem Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ
 Centre for Agricultural Genomics and Biotechnology, University of Debrecen
 H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.

FERMENTÁLT FOLYÉKONY TAKARMÁNYOK ELŐÁLLÍTÁSI TECHNOLÓGIÁI ÉS ETETÉSÜK ELŐNYEI A SERTÉSHIZLALÁSBAN (MINI-SZEMLECIKK)

ALPÁR BOTOND – TÓTH TAMÁS – VARGA LÁSZLÓ

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők áttekintik az egyre népszerűbb fermentált folyékony takarmányok előállításának főbb gyártástechnológiáit és ismertetik a takarmányfeleségek sertéshizlalásban történő felhasználásának kedvező hatásait. A teljes értékű takarmánykeverékek fermentálása egyszerű módszer, azonban nem jelent lényeges előnyt az egyes takarmány-alapanyagok fermentálásához képest, ugyanis csökkentheti az etetett takarmányadag energiaszintjét és aminosav-vesztéséget is eredményezhet. A takarmányadag szénhidrátban gazdag komponenseinek elkülönített fermentálása viszont lehetőséget teremt arra, hogy az erjesztett gabona vagy gabonakeverék több takarmányfázisnak is komponense legyen akár eltérő arányban, míg a teljes értékű takarmánykeverék csak az adott korcsoporttal etethető. Az irányított fermentáció előnyösebb, mint a spontán erjedés, mert utóbbi növeli mind az ecetsav, mind a biogén aminok koncentrációját és kedvezőtlenül befolyásolva az erjesztett folyékony takarmány ízletességét. Irányított fermentációhoz történő felhasználásra számos tejsavbaktérium-faj (pl. *Lactiplantibacillus plantarum*, *Pediococcus pentosaceus* stb.) törzsei alkalmasak. Az irányított fermentáció során gyenge savak és enzimkeverékek hozzáadásával, továbbá egyéb paraméterek (pl. erjesztési hőmérséklet, visszaoltás mértéke, alkalmazott takarmány-víz arány) szabályozásával pozitívan lehet befolyásolni a takarmányok előállítási folyamatát. A késztermék kívánatos jellemzői az alábbiak: 4,5 alatti pH-érték, >150 mmol/l tejsav, <40 mmol/l ecetsav, <5 mmol/l vajsav, <0,8 mmol/l etanol és >10⁹ TKE (telepképzőegység)/ml tejsavbaktérium. Összefoglalóan megállítható, hogy az erjesztett folyékony takarmányok több szempontból is haszonnal alkalmazhatók a sertéshizlalásban.

SUMMARY

Alpár, B. – Tóth, T. – Varga, L.: FERMENTED LIQUID FEEDS: MANUFACTURING TECHNOLOGIES AND BENEFITS OF USE IN PIG FATTENING (MINI-REVIEW)

In this review article, the major manufacturing technologies for the increasingly popular fermented liquid feeds (FLF) are described, and the benefits of using FLF in pig nutrition are discussed. Fermentation of compound feed is a relatively simple method; however, it provides no benefits compared to the separate fermentation of raw materials, as it can decrease the energy content of feed and may also result in a loss of amino acids. The separate fermentation of the carbohydrate-rich components of the diets creates the opportunity for the fermented grain or grain mixture to be a component of several feed phases, even in different proportions. In contrast, the complete feed can only be fed to the given age group. Controlled fermentation is superior to spontaneous fermentation because the latter increases the concentrations of acetic acid and biogenic amines, thereby negatively influencing the sensory properties of FLF. Specific strains of various lactic acid bacteria (LAB) species, including *Lactiplantibacillus plantarum* and *Pediococcus pentosaceus*, may be suitable for controlled fermentation. Moreover, the production process of FLF can be positively affected by the addition of weak acids (e.g., formic, sorbic, and benzoic acids) and nonstarch polysaccharide-degrading enzymes and through controlling specific fermentation parameters, such as temperature, backslope proportion, and feed-to-water ratio. The optimum properties of the final product are as follows: pH-value below 4.5, >150 mmol/l of lactic acid, <40 mmol/l of acetic acid, <5 mmol/l of butyric acid, <0,8 mmol/l of ethanol, and >10⁹ CFU/ml of viable LAB. In conclusion, using FLF has multiple benefits for pig nutrition.

BEVEZETÉS

Egyes fermentált élelmiszerek (pl. sajt, joghurt, sör stb.) előállításához hasonlóan, a gazdasági állatokkal etetett takarmányok erjesztése is évezredek múlta tekint vissza. Fermentálás révén, a káros mikroorganizmusok visszaszorulása miatt, a takarmányok eltarthatósági ideje jelentősen növelhető. A fermentált folyékony takarmányok ("fermented liquid feed", FLF) sertéstakarmányozásban történő használatáról és azok előnyeiről az elmúlt években számos külföldi irodalmi áttekintés látott napvilágot (*Scholten és mtsai, 1999; Brooks, 2008; Missotten és mtsai, 2010a; Jha és Berrocoso, 2016; Xu és mtsai, 2020*). Ennek háttérében korábban a hozamfokozó célú antibiotikumok alkalmazásának betiltása állt, jelenleg pedig az Európai Unió 2022-ben életbe léptetett antibiotikum-csökkentési rendelkezései miatt aktuális ez a témakör. Ismert tény, hogy a FLF-takarmányok visszaszorítják a *Salmonella* fajokat és a coliformok okozta hasmenés kialakulásának esélyét, továbbá kedvezően befolyásolják a bél-mikrobióta összetételét, így hatékony immunmodulátor szerepet játszanak. A választott malacokkal és hízósertésekkel végzett kísérletek publikált eredményeinek összegzése (metaanalízise) során megállapították, hogy a fermentált takarmányok etetése javítja a fontosabb természetes mutatókat (pl. napi súlygyarapodás, fajlagos takarmányértékesítés), amelynek elsődleges oka a táplálóanyagok jobb emészthetősége (*Xu és mtsai, 2020*).

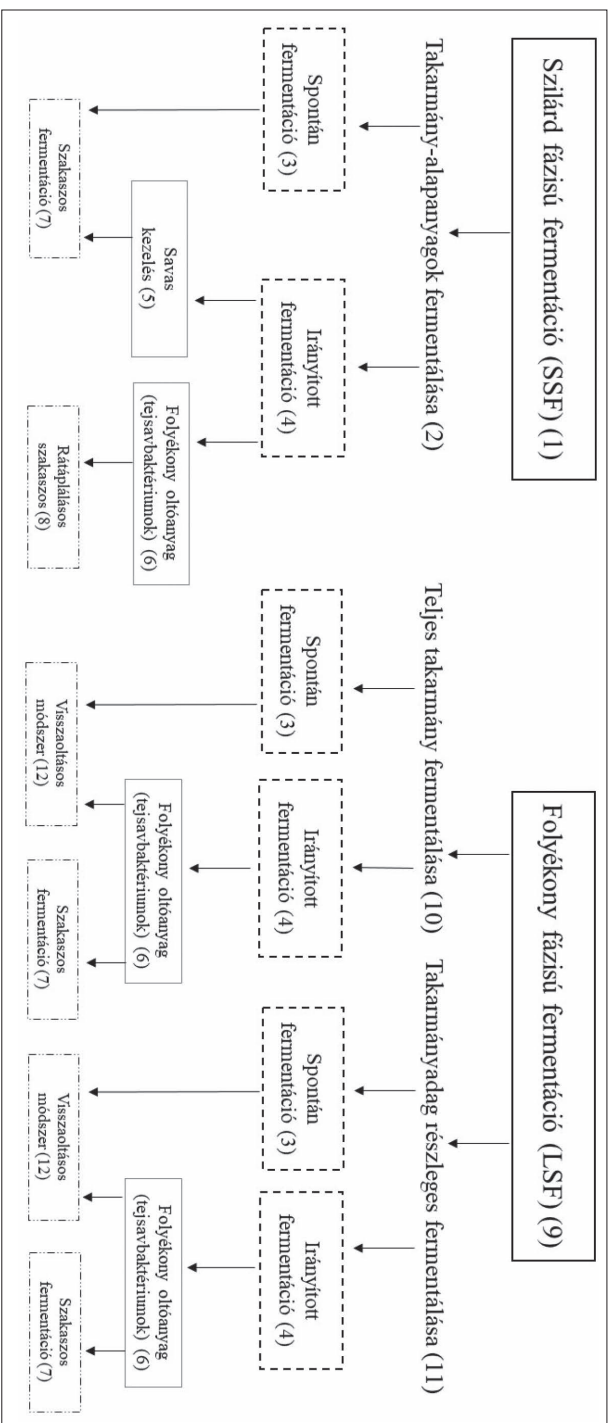
Az elmúlt időszakban az egyes takarmányalapanyagok fermentálása – különös tekintettel a szójadarára (*Cho és mtsai, 2007; Cervantes-Pahm és Stein, 2010; Jones és mtsai, 2010; Yuan és mtsai, 2017; Zhang és mtsai, 2018; Wang és mtsai, 2020*), a repcedarára (*Shi és mtsai, 2016; Czecz és mtsai, 2021*), a gabonafélékre (*Scholten és mtsai, 2002; Moran és mtsai, 2006*), a gabona és szójadara keverékére (*Lu és mtsai, 2019*), valamint különböző melléktermékekre (*Scholten és mtsai, 1999*) – és azok sertéstakarmányozásban való alkalmazása szintén a kutatások középpontjába került.

Szemleciikkünkkel az a célunk, hogy a sertéstartásban dolgozó szakemberek számára tudományos igényű áttekintést adjunk a fermentált folyékony takarmányok előállítására alkalmazott fontosabb gyártástechnológiákra vonatkozóan, illetve röviden ismertessük etetésük előnyeit.

SZILÁRD ÉS FOLYÉKONY TAKARMÁNYOK FERMENTÁLÁSÁNAK TÍPUSAI

A takarmányok kiindulási nedvességtartalmától függően szilárd vagy félszilárd közegű ("solid state fermentation", SSF), illetve ún. szubmerz (SmF) vagy más néven folyadék közegű ("liquid state fermentation", LSF) fermentációt különböztünk meg. A SSF és a LSF típusait, attól függően, hogy takarmány-alapanyagot (búza-, árpa-, extrahált szójadara) vagy teljes értékű takarmánykeveréket (pl. malacnevelő, hízó) értünk alatta, az 1. ábrán foglaltuk össze. A spontán (nem kontrollált) erjesztéshez képest az irányított (kontrollált) fermentálást előzetesen aktivált tejsavbaktérium-törzsekkel történő beoltással (inokulálással) végzik. Utóbbi erjesztés kimenetele kiszámíthatóbb, mely gyakorlati szempontból mindenképpen előnyt jelent. A szakaszos fermentációs eljárás egymástól elkülönülő folyamatok sorozata, melyek minden esetben a komponensek (pl. takarmány, víz, oltóanyag

1. ábra Gazdasági állatok takarmányozásában alkalmazott fermentációs eljárások



Alpár és mtsai (2022)

Figure 1. Fermentation processes used in the feeding of farm animals

solid state fermentation (SSF) (1); fermentation of feedstuffs (2); spontaneous fermentation (3); acid treatment (5); liquid starter culture (LAB) (6); batch fermentation (7); fed-batch (8); liquid state fermentation (LSF) (9); fermentation of compound feed (10); partial fermentation of feed ration (11); back-slopping method (12)

stb.) összemérésével kezdődnek és a végtermék begyűjtésével, az edény ürítésével végződnek. Rátáplálásos módszernél a fermentációt folyamatosan végzik, miközben rendszeres időközönként adagolják a takarmányokat (esetleg oltóanyagot is) és gyűjtik be a végterméket. Visszaoltásos módszernél az előző fermentálás végtermékének bizonyos hányadát alkalmazzák a következő erjesztés indító kultúrájaként. Mindezekről részletesebben a későbbi fejezetekben még lesz szó.

A magyarországi sertés- és szarvasmarha-takarmányozásban a szilárd takarmányalapanyagok és késztakarmányok használata terjedt el, az erjesztéses módszerek közül pedig az SSF eljárás a leggyakoribb. Elsősorban szarvasmarhánál az erjesztett tömegtakarmányok (szilázs, szenázs), a mindkét állatfajjal etethető erjesztett gabonadarák (pl. corn-mix, CM) és szem-csutka keverékek (corn-cob-mix, CCM) szintén SSF módszerrel készülnek. Ugyanakkor meg kell említeni, hogy a nedves(ített) etetés és a folyékony takarmányok használata egyre több sertéstartó országban növekszik, ezért a közeljövőben az LSF technológia szélesebb körű hazai elterjedésével lehet számolni.

Régóta ismert, hogy a gyakorlati sertéstartásban, hogy a nedves etetés és a folyékony takarmányok használata a száraz formájú teljes értékű takarmánykeverékek alkalmazásához képest javítja a hízósertések napi takarmányfelvételét. A nedvesítés mértéke (szilárd takarmány:víz; 1:1,5-től 1:4-ig, morzsalékony→folyékony) és az alkalmazott folyékony összetevő típusa (pl. víz, ipari eredetű folyékony melléktermék, pl. tejsavó) különféle FLF-termékek előállítását teszi lehetővé spontán és/vagy irányított LSF-technológiával.

TELJES TAKARMÁNY VAGY TAKARMÁNY-ALAPANYAG FERMENTÁLÁSA

A folyékony teljes értékű takarmányok, illetve a takarmány-alapanyagok fermentálásának malacok és hízósertések teljesítményére, valamint az egyes táplálóanyagok emészthetőségre gyakorolt hatását az 1. és 2. táblázatban foglaltuk össze.

A komplett takarmányt fermentálni a kézenfekvő módszernek tűnhet, ugyanakkor problémák is adódhatnak, mert a fermentációs folyamat egyes esszenciális táplálóanyagok (pl. vitaminok és aminosavak, különösen a takarmányhoz hozzáadott szintetikus aminosavak) veszteségét okozhatja (*Canibe és Jensen, 2003; Niven és mtsai, 2006; Brooks, 2008*).

Scholten (2001) a takarmány szénhidrátban gazdag frakciójának elkülönített fermentálását és a fehérjedús résszel csak közvetlenül az etetés előtti összekeverését javasolja. A takarmányadag szénhidrátban gazdag komponenseinek külön történő fermentálása számos gyakorlati előnnyel bír. Elsőként, a gabonafélék pufferkapacitása kisebb, mint a késztakarmányoké, ezért a pH értékük a fermentáció során sokkal gyorsabban csökken (*Canibe és Jensen, 2012*). Másodsor, kisebb fehérjetartalmuk miatt kevesebb, az emésztőrendszer nyálkahártyájára káros fehérjebomlástermék (pl. ammónia és biogén aminok) keletkeznek belőlük. Harmadszor, a gabonaféléknek a késztakarmányokhoz képest sokkal kiszámíthatóbb az összetételük, így könnyebb hozzájuk starterkultúrát választani és ezáltal irányítani az erjedési folyamatokat. Végül, egy fermentált gabona vagy gabonakeverék több takarmányfázisnak is komponense lehet (akár eltérő arányban), ami kevesebb tárolókapacitást igényel ahhoz képest, mint ha komplett takarmányadagokat kellene önállóan tárolni (*Scholten, 2001*).

1. táblázat

Folyékony teljes takarmány fermentáció hatása malacok és hizsertések teljesítményére

Referencia (1)	Adag típusa (2)	Takar- mány:víz arány (3)	Fermentá- lás típusa (4)	Fermentáció (5)			pH	Etetés módja (9)	Fázis (10)	Megfigyelések (11)
				in Kubá- cious idő (6)	hőmér- séklet, °C (7)	kiegészítő (8)				
Caribe és Jensen (2003)	SzT	1:2,5	Visszaoltás (50%, 2 x/ nap) (12)		20		n.a.	Korlá- tozott, napi 2x (13)	Hízó (>31 kg) (14)	FtFT csökkentet- te leginkább az enterobaktériumok számát. A takar- mányfelvétel és a testtömeggyarapodás viszont a NfFT-nél volt a legjobb (15)
	NfFT						5,98			
	FtFT						4,36			
van Winsen és mtsai (2001)	SzT	1:2	Inokulált (16)		20	Lpb. <i>plantarum</i>	5,70	Ad <i>libitum</i>	Hízó (17)	Az FtFT csökkentette az enterobaktériumok számát a bélben, gyo- morban kisebb volt a pH-érték (18)
	FtFT						4,10			
Caribe és mtsai (2010a)	FtFT	1: 2,5	Visszaoltás (40%, 1 x/ nap) (19)		~16		4,38	Ad <i>libitum</i>	Malac (22)	Az ecetsav koncentráció emelkedés a FtFT-ban nem befolyásolta jelentő- sen a növekedési teljesít- ményt (23)
							4,28			
							4,16			
Hong és mtsai (2009)	SzT	1:1,5	Visszaoltás (20%) (24)		30		7,00	Korlá- tozott, testtö- meg 4%-a (25)	Malac (22)	Nagyobb takarmányfelvé- tel volt az 5.-6. élethétén az FtFT csoportnál, 6 hetes etetés során nem volt különbség. A napi testtömeggyarapodás na- gyobb volt az 5.-6. héten a kísérlet alatt (26)
	FtFT						4,20			

Feng és mtsai (2007) *Bacillus subtilis* WB117 starterkultúra felhasználásával fermentáltak extrahált szójadarát. Azt tapasztalták, hogy a kezelés a kiindulási szójadarához képest megszüntette a tripszinh inhibitor aktivitást és javította a táplálóértéket. O'Meara és mtsai (2020) szintén nem javasolják a teljes takarmány fermentálást, mert azt tapasztalták, hogy az ezzel etetett csoport gyengébb növekedési erélyre és takarmány-hasznosításra volt képes a másik három (nedvesített száraz, nem fermentált folyékony és fermentált gabonát tartalmazó folyékony) takarmányadagot fogyasztó csoportokhoz viszonyítva. A rosszabb természetes termelési mutatókat ennél a csoportnál (teljes takarmány fermentálás) az aminosav degradációval és energiavesztéssel magyarázták. A hivatkozott szerzők azt is megállapították, hogy a fermentált gabonával kiegészített folyékony takarmányt fogyasztó hízósertések napi súlygyarapodása és fajlagos takarmány-értékesítése nem volt lényegesen jobb, mint a nem fermentált friss, folyékony takarmányadaggal etetett állatoké.

SPONTÁN FERMENTÁCIÓ

Vízzel összekeverve, a különböző takarmány-összetevőkben természetes módon előforduló tejsavbaktériumok és élesztőgombák elszaporodnak, tejsavat, ecetsavat, ill. etanolt állítanak elő, ezzel csökkentve a keverék kémhatását (Canibe és Jensen, 2012). Beal és mtsai (2005) különböző betakarítási helyekről származó 56 db búza- és 44 db árpaminta 72 órás spontán erjedésének eredményei alapján megállapították, hogy a módszer nem megfelelő a biztonságos és ízletes végtermék előállításához, mivel a fermentáció kimenetele eltérő lehet. Más szerzők kimutatták, hogy a spontán erjedés növeli mind az ecetsav, mind a biogén aminok koncentrációját, ami kedvezőtlenül befolyásolja az erjesztett folyékony takarmány ízletességét (Brooks és mtsai, 2003; Niven és mtsai, 2006), ezért a spontán erjedés kerülendő.

IRÁNYÍTOTT FERMENTÁCIÓ

A fermentált folyékony takarmányok minősége úgy is javítható, hogy a takarmányt olyan tejsavbaktériumokkal oltjuk be, amelyek rövid idő alatt nagy mennyiségű tejsavat termelnek (Brooks és mtsai, 2003; Missotten és mtsai, 2009). A fermentált folyékony sertéstakarmányok előállításához leginkább alkalmas tejsavbaktériumok jótékony törzseinek kiválasztására több kutatás is irányult, így pl. Missotten és mtsai (2009) összesen 146 tejsavbaktérium törzset izoláltak malacok (n = 5) vékonybél-tartalmából, illetve tíz különböző gazdaságból származó vágósertés (n = 10) vakbél-tartalmából és a laboratóriumukban előzetesen vizsgált folyékony, fermentált takarmányokból. A 146 törzsből a tejsavtermelő képesség és a savanyítási erély alapján tíz törzset választottak ki és ezeket összehasonlították *Salmonella* spp. elleni hatékonyságuk, valamint az *in vitro* körülmények között végzett szakaszos fermentáció (30°C, 72 óra, 4:1 víz:takarmány arány) során mutatott erjesztőképességük alapján. A tejsavtermelés, a pH-csökkentés és a *Salmonella* spp.-re gyakorolt antibakteriális hatás alapján három *Lactobacillus* törzset (*Lactobacillus johnsonii* MB 3123, *Ligilactobacillus salivarius* MB 3182 és *Lactiplantibacillus plantarum* MB 3083) különösen hatékonynak találtak. A fermentált folyékony takarmányok beoltásához a más szerzők által is gyakran alkalmazott baktériumfajokat a *L. plantarum* és a *Pediococcus* spp. használtak (Missotten és mtsai, 2010a). A tervezett takarmány

2. táblázat

Önállóan fermentált, majd folyékony készadagba kevert alapanyagok hatása az emészthetőségre és a sertések naturális mutatóira

Referencia (1)	Adag típusa (2)	Fermentált anyag (3)	Takar- mány:víz arány (4)	Fermen- táció típusa (5)	Fermentáció (6)			Fázis (10)	Megfigyelések (11)
					in kubá- ciós idő (7)	hőmér- séklet, °C (8)	kiegészítő (9)		
Wang és mitsai (2007)	SzT		1:1,79				Választott malac (14)	Fermentált szójánál jelentősen csökkent a takarmányfelvétel, de a tesztörmeg-gyarapodás és a takarmányfelvétel jobb volt a 10% fermentált szójás csoportnál (15)	
	SzT	Extr. szója (12)		Inokulált (13)	72 óra (hours)	37			
	SzT	Extr. szója (12)		Inokulált (13)	72 óra (h)	37	<i>Lactiplan- tibacillus plantarum</i>		
Scholten és mitsai (2002)	NfFT						Választott malac (14)	Fermentált búza hozzá- adása a takarmányhoz pozitívan befolyásolta a bél nyálkahártya élettani állapotát és struktúráját a gyomor-bél traktus első szakaszában (17)	
	FgFT	Búza (16)	1: 2,2	Inokulált (13)	24 óra (h)	30			
Jørgensen és mitsai (2010)	NfFT		1:2,75				40,5 ± 3 kg súlódó (20)	Az erjesztés árpánál 6%- kal, búzánál pedig 3%-kal javította a szárazanyag, szerves anyag és energia ileális emészthetőségét (21)	
	FgFT	Búza (16)	1:2,75	Spontán (19)	48 óra (h)	25			
	NfFT		1:2,75						
	FgFT	Árpa (18)	1:2,75	Spontán (19)	48 óra (h)	25			

(Folytatás a következő oldalon)

Referencia (1)	Adag típusa (2)	Fermen- tált alap- anyag (3)	Takar- mány:víz arány (4)	Fermen- táció típusa (5)	Fermentáció (6)			Fázis (10)	Megfigyelések (11)
					inkubá- ciós idő (7)	hőmér- séklet, °C (8)	kiegészítő (9)		
Canibe és mitsai (2007)	SzT		1:2,5					Választott malac (14)	Az FgFT pH-ja nagyobb volt, kevesebb ecetsavat és biogén amint tartal- mazott, mint az FtFT. Emiatt az FtFT javíthatja a takarmányfelvitelt és a teljesítményt (23)
	FtFT		1:2,5						
	FgFT	Búza (16), Árpa (18)	1:2,5	Visszaol- tás (50%), 3x/nap (22)	7-6,5- 10,5 óra (h)	20	-		
Sholly és mitsai (2011)	NfFT		1:2,75					Hízó (25)	Az erjesztés hatására javult a szervesanyag, a nyersfehérje és a zsír belsőiról mért emészt- hetősége az árpában, valamint a nyersfehérje és a zsír emészthetősége a búzában. (26)
	FgFT	Árpa (18)	1:2,75	Spontán, visszaol- tás (50%) (24)	48 óra (h)	25	-		
	NfFT		1:2,75						
Vadopalas és mitsai (2020)	FgFT	Búza (16)	1:2,75	Spontán, visszaol- tás (50%) (24)	48 óra (h)	25	-	Választott malac (14)	A teljesítmény és az egészségi állapot vál- tozása nélkül sikerült részlegesen kiváltani a drágább extrahált szója- darát fermentált repcével. A bélsár-mikrobiota összetétele is kedvezőbb volt (28)
	NfFT								
	FgFT	Repceda- ra (27)	1:1,22	Inokulált (13)	12 óra (h)	30 ± 2	-	<i>Lpb. plantarum</i> , <i>Lactocaseibacillus</i> <i>casei</i> , <i>Lentilactobacillus</i> <i>farraginis</i> , <i>P</i> <i>acidilactici</i> , <i>Liquorilactobacillus</i> <i>uvarum</i>	

Referencia (1)	Adag típusa (2)	Fermen- tált alap- anyag (3)	Takar- mány:víz arány (4)	Fermen- táció típusa (5)	Fermentáció (6)			Fázis (10)	Megfigyelések (11)
					inkubá- ciós idő (7)	hőmér- séklet, °C (8)	kiegészítő (9)		
O'Meara és mitsai (2020)	SzT							Hízó (25)	Az FtFT-csoport testtö- meg-gyarapodása és takarmány-értékesítése szignifikánsan elmaradt a másik 3 csoporttól. FtFTt ezért nem javosol- nak hízőknél az aminosav- és energijavesztésé- miatt. FgFT-nél viszont gyorsabban csökken a pH (29)
	NfFT		1:2,5						
	FgFT		1:2,5	Inokulált (13)	48 óra (h)		<i>Lpb. plantarum + P. acidilactici</i>		
	FtFT		1:2,5	Inokulált (13)	48 óra (h)		<i>Lpb. plantarum + P. acidilactici</i>		

SzT = Száraz Takarmány, Dry Feed; NfFT = Nem-fermentált Folyékony Takarmány, Nonfermented Liquid Feed; FgFT = Fermentált-gabona Folyékony Takarmány, Fermented-cereal Liquid Feed; FtFT = Fermentált-tejlesztő Folyékony Takarmány, Fermented-compound diet Liquid Feed

Table 2. Effect of separately fermented raw materials implemented into liquid diets on digestibility and natural performance of pigs

reference (1); type of diet (2); fermented raw material (3); feed:water ratio (4); type of fermentation (5); fermentation (6); incubation time (7); temperature (8); additive (9) phase (10); observations (11); soybean meal (12); inoculated (13); weaned piglet (14); The trypsin inhibitor was significantly reduced in fermented soybean. ADG, FI, FCR were better in the 10% ferm. group (15); wheat (16); Addition of fermented wheat to the feed had a positive effect on mucosal physiology and structure in the first part of the gastrointestinal tract. (17); barley (18); spontaneous (19); 40.5 ± 3 kg grower pig (20); Fermentation improved the ileal digestibility of dry matter, organic matter and energy by 6% for barley and 3% for wheat. (21); backslipping (50%), 3x/day (22); FgFT had a higher pH, less acetic acid and biogenic amine than FtFT. It can improve feed intake and performance (23); spontaneous, backslipping (50%) (24); finisher pig (25); Total tract digestibility of organic matter, crude protein, and fat in barley and crude protein and fat in wheat improved as a result of fermentation. (26); rapeseed meal (27); Without a change in performance and health status, they managed to partially replace the more expensive soybean meal with fermented rapeseed meal. Fecal microbiota improved (28); ADG and FCR of FtFT group were significantly behind the other three groups. FtFT is not recommended for fattening pigs due to amino acid and energy loss. In FgFT pH decreases faster. (29)

alanyagok fermentációjának optimális kimenetele szempontjából hasznos lehet már a starterkultúrát is ugyanolyan szénhidrátforrások felhasználásával tenyésztani (Scholten, 2001). Ha például a fermentálandó anyag a búza, amelynek keményítője a tárolás során dextrinre és maltózra bomlik, akkor célszerű a startertenyészetet is ilyen szubsztrátumon előszaporítani. A starterkultúrában lévő tejsavbaktériumok így főként olyan enzimeket kezdenek termelni melyek majd hasznosak lesznek a nagyléptékű fermentációnál, ennek köszönhetően intenzívebb tejsavtermelésre, és gyorsabb a pH csökkenésre számíthatunk.

A FOLYÉKONY FERMENTUM MINŐSÉGÉT BEFOLYÁSOLÓ TÉNYEZŐK

A fermentált folyékony takarmány, azaz a végtermék minőségét leginkább a kezdetben jelenlévő mikroorganizmusok típusa, a szubsztrátum mennyisége és minősége, valamint a különféle erjedési paraméterek (pl. idő, hőmérséklet, takarmány:víz arány) befolyásolják (Niba és mtsai, 2009; Missotten és mtsai, 2010a; Canibe és Jensen, 2012; Zentek és Boroofeni, 2020). A takarmányban természetesen jelen lévő vagy a fermentálás előtt hozzáadott tejsavbaktériumok mennyisége határozza meg a tejsavtermelés mértékét. Minél gyorsabban termelődik tejsav annál nagyobb ütemben csökken a pH-érték és annál hatékonyabban szoríthatók vissza a kórokozó baktériumok, pl. *Salmonella* spp. vagy *E. coli* (Missotten és mtsai, 2010a).

Az elmúlt időszakban többen is vizsgálták a folyékony erjesztett takarmányokban előforduló tejsavbaktériumok, ill. élesztőgombák diverzitását (Canibe és mtsai, 2010b; Gori és mtsai, 2010; Canibe és Jensen, 2012) és a mikrobapopulációk összetételének sokféleségét állapították meg. Általában a *L. plantarum* és a *Pediococcus pentosaceus* a leggyakoribb tejsavbaktérium-fajok az erjesztett folyékony takarmányokban. Olstorp és mtsai (2008) arról számoltak be, hogy a fermentált folyékony takarmányokban a baktériumfajok összetétele változik a fermentációs folyamat során. Megállapították, hogy 5 napos spontán erjesztés alatt kezdetben még a *P. pentosaceus* volt a domináns populáció, a 3. naptól azonban a *L. plantarum* vette át az uralkodó szerepet. Hasonló megfigyelést tettek a beoltott erjesztett folyékony takarmányokkal kapcsolatban is, amennyiben az inokulumként használt tejsavbaktérium-törzs dominanciája nem maradt meg az erjesztés alatt (Missotten és mtsai, 2010a). Amikor élesztőgombák uralják az erjedés folyamatát, akkor a jelenlévő élesztőtörzsek függvényében akár pozitívan, akár negatívan módosulhat az erjesztett folyékony takarmány minősége (Missotten és mtsai, 2010a). Az élesztők sejtfalának mannán-oligoszacharidjai megkötik az enterobaktériumokat, ezzel csökkentve azok kötődését a bélművelekhez, A fermentált takarmányokban előforduló nagy élesztőgomba-koncentráció ebből a szempontból tehát előnyös. Mikkelsen és Jensen (1998) fordított arányosságot mutattak ki sertések emésztőtraktusának élesztő- és enterobaktérium-koncentrációja között. Más szerzők viszont felhívják a figyelmet az élesztőgombák negatív hatására, mivel a nagy élesztőkonzentráció kellemetlen mellékíz okozott a takarmányban, amelynek oka az ecetsav, etanol és amid-alkohol termelődése (Moran, 2001; Brooks és mtsai, 2003).

Plumed-Ferrer és von Wright (2011) rámutattak, hogy a fermentáció során gyenge savak hozzáadásával sikeresen vissza lehet szorítani az élesztők szapo-

rodását anélkül, hogy megzavarnánk a tejsavbaktériumok tevékenységét. Három koncentrációban (1, 2 és 10 g/l) tesztelt nyolcféle sav közül a hangyasavval, a szorbinsavval (kálium-szorbát) és a benzooesavval lehetett jó eredményt elérni. Ez a három sav a folyékony takarmányban mindhárom vizsgált élesztőfaj (*Kazachstania exigua*, *Debaryomyces hansenii*, *Pichia deserticola*) szaporodását már a legkisebb töménységben is 94,0–99,7% hatékonysággal gátolta. Egyéb paraméterek, pl. az erjesztési hőmérséklet, a visszaoltás mértéke (azaz, hogy folyamatos erjesztés közben mennyit hagyunk meg kezdő kultúraként a korábbi fermentumból a következő friss, folyékony takarmány beoltásához) és az alkalmazott takarmány:víz arány is hatással lehetnek a fermentált folyékony takarmány erjedési tulajdonságaira (Brooks és mtsai, 2003).

A fermentáció hőmérsékletigényét és a fermentáció végtermék-minőségre gyakorolt hatását számos szerző vizsgálta. Mikkelsen és Jensen (1998) megállapították, hogy a takarmány 20°C feletti hőmérsékleten történő erjesztése a folyékony takarmány termék tulajdonságaira nézve nem jelent előnyt a 20°C-on történő erjesztéshez képest. Beal és mtsai (2002) a fermentációs hőmérséklet *Salmonella* Typhimuriumra gyakorolt hatását tanulmányozták. Eredményeik szerint a vizsgált kórokozó baktérium pusztulásához szükséges idő sokkal rövidebb volt 30°C-on, mint 20°C-on. Éppen ezért, bár az optimálisan erjesztett folyékony takarmányok előállításához elegendő a 20°C-os fermentációs hőmérséklet, a gyorsabb tejsavtermelés és az enteropatogén mikroorganizmusok hatékony visszaszorítása érdekében előnyösebb 30°C-ot alkalmazni (Brooks és mtsai, 2003).

Moran (2001) a takarmányokban előforduló *Salmonella* és *E. coli* törzsek szaporodásának fermentáció útján történő visszaszorítását vizsgálta különböző hőmérsékleteken. Megítélése szerint a folyékony takarmányozást és fermentálást is folytató árutermelő sertésstelepeknek foglalkozniuk kell a hőmérséklet szabályozásával. Az erjesztett folyékony takarmány alacsonyabb (pl. 20°C-os) hőmérsékleten történő előállításánál ugyanis fokozódhat a szennyező baktériumtörzsek virulenciája, mert ezek képesek hosszú ideig fennmaradni a rendszerben. Véleménye szerint a maximális biológiai biztonságot a 37°C-on történő 48 órás fermentáció eredményezi.

Carlson és Poulsen (2003) előzetesen hőkezelt, ill. hőkezeletlen árpára, másrésztől búzára alapozott fermentált folyékony takarmányok fitinofoszfor-tartalmának felszabadulását vizsgálta különböző erjesztési hőfokokon (10, 20 és 38°C) fitáz enzim (Natuphos, BASF) jelenlétében vagy anélkül. Arra a következtetésre jutottak, hogy a gabonaalapú takarmányban jelentős mennyiségű fitát bomlik le már etetés előtt ha a takarmányt áztatják, fermentálják és fitáz enzim is rendelkezésre áll. A pH-érték leggyorsabban 38°C-on történő fermentáláskor csökkent amikor 24 óra elteltével 4,2-es értéket mértek és ez szoros összefüggést mutatott a tejsavbaktérium-populáció nagyságával (a tejsavbaktériumok szaporodási sebességével). A coliformok leginkább az inkubálás kezdetén szaporodtak, de amikor a tejsavbaktériumok száma megnőtt és a pH-érték lecsökkent, enyhe visszaesésük volt tapasztalható. Az élesztőszám a 10 és 20°C-os fermentálásnál 48 óráig nőtt majd csökkent. A 38°C-on történt fermentálásnál, a gyors pH-csökkenésnek köszönhetően, élesztőgombákat később már nem detektáltak.

Jakobsen és mtsai (2015) nem-keményítő poliszacharid (NSP) bontó enzimkeveréket (glükánáz–xilánáz–pektináz) is adagoltak az egyik kezelési csoport fermentált takarmányához. Eredményeik alapján egyrésztől megerősítést nyert,

hogy fermentálás hatására csökken a takarmány fitin-P tartalma és javul a foszfor emészthetősége, másrészt pedig az NSP bontó enzimek hozzáadása javította a teljes-, oldható- és oldhatatlan NSP anyagok emészthetőségét, a tejsavtermelődést és a pH alakulását.

Visszaoltásos technika alkalmazásánál kerülni kell a hideg víz használatát. Az 5–7°C-os víz csapból történő hozzáadása ugyanis arra készíti a bélpatogén mikroorganizmusokat, hogy ún. hidegsokk-fehérjéket szintetizáljanak, amelyek védik őket és lehetővé teszik számukra, hogy a megszokottnál képest hosszabb ideig életben maradjanak a takarmányban (Brooks és mtsai, 2001; Beal és mtsai, 2002). A hidegsokk emellett gátolja a tejsavbaktériumok szaporodását és lehetővé teszi az élesztők dominánssá válását.

A folyékony takarmányok vagy erjesztett folyékony takarmányok előállításához használt takarmány–víz arány 1:1,5 és 1:4 között változik. Sertések folyékony etetésénél leggyakrabban 1:2 és 1:3 takarmány–víz arányt alkalmaznak (Niba és mtsai, 2009; Plumed-Ferrer és von Wright, 2009).

FERMENTÁLT FOLYÉKONY TAKARMÁNYOK MINŐSÉGI JELLEMZŐI ÉS HASZNÁLATÁNAK ELŐNYEI

Van Winsen és mtsai (2001) szerint az erjesztett folyékony takarmányok kívánatos jellemzői az alábbiak: a pH-érték 4,5 alatti, a tejsav-koncentráció 150 mmol/l feletti, az ecetsavmennyiség 40 mmol/l alatti, a vajsavszint 5 mmol/l alatti, az etanolkoncentráció 0,8 mmol/l alatti, a tejsavbaktériumok koncentrációja pedig minimálisan 10^9 TKE (telepképző egység)/ml. Beal és mtsai (2002) arról számoltak be, hogy a szalmonellák szaporodásának megakadályozása érdekében a folyékony takarmányoknak legalább 75 mmol/l tejsavat kell tartalmazniuk. Ezt egészítették ki Brooks és mtsai (2003) vizsgálati eredményei, miszerint az enterobaktériumok mennyiségének csökkentése érdekében a tejsav koncentrációjának 100 mmol/l felett kell lennie. Ekkora tejsav-koncentráció jótékony hatást gyakorolhat a takarmányfelvételre, a napi súlygyarapodásra és a takarmányértékesítésre (Hurst és mtsai, 2008). Más szerzők arról számoltak be, hogy az ecetsav-koncentráció már 30 mmol/l felett is negatívan befolyásolja az erjesztett folyékony takarmányok ízletességét (Brooks és mtsai, 2003; Brooks, 2008). Canibe és mtsai (2010a) ugyanakkor arról számoltak be, hogy malacok erjesztett folyékony takarmányának ecetsavval

3. táblázat

Tejsavbaktériumokkal történő erjesztés során keletkező főbb termékek jellemzői

Erjedési végtermék (1)	Kémiai képlet (2)	Összegképlet (3)	Moláris tömeg (4)	mmol/l	g/kg
Tejsav (5)	CH ₃ CHOHCOOH	C ₃ H ₆ O ₃	90,077	150	13,512
Ecetsav (6)	CH ₃ COOH	C ₂ H ₄ O ₂	60,052	40	2,402
Vajsav (7)	CH ₃ (CH ₂) ₂ COOH	C ₄ H ₈ O ₂	88,105	5	0,441
Etanol (8)	C ₂ H ₅ OH	C ₂ H ₆ O	46,070	0,8	0,037

Table 3. Characteristics of major products formed by LAB during fermentation

fermentation product (1); chemical structure (2); sum formula (3); molar mass (4); lactic acid (5); acetic acid (6); butyric acid (7); ethanol (8)

történt célzott kiegészítése 120 mmol/l-ig nem csökkentette a súlygyarapodást. Érdemes ugyanakkor megjegyezni, hogy a takarmányerjesztéssel foglalkozó szakirodalomban a fermentáció eredményeként keletkező szerves savak és az etanol mennyiségét gyakorta eltérő mértékegységben adják meg. Ezek átszámításához nyújt segítséget a 3. táblázat.

Irodalmi adatok alapján a fermentált folyékony sertéstakarmányok etetése csökkenti az enteropatogének (pl. *E. coli*, *Salmonella* spp.) számát a bélrendszerben, ami lehetővé teszi, hogy a receptúrákban alkalmazott adalékanyagok (pl. pro- és prebiotikumok, szerves savak, élesztőkivonatok stb.) és egyéb takarmány adalékanyagok mennyiségét, illetve részarányát mérsékeljük. Ez akár jelentős mértékben javíthatja a felnevelés és a hizlalás gazdaságosságát. További előny, hogy a fermentált folyékony takarmányozás telepi alkalmazása során az élelmi-szeriparból származó, jelentős nyersrost tartalommal rendelkező szilárd és nedves melléktermékek (pl. búzakarpa, CGF, DDGS) nagyobb részarányban etethetők, jöllehet ez esetben bizonyos adalékanyagok (pl. enzimmészítmények, szerves savak) kiegészítő használata lehet szükséges. Korábban már említettük, hogy kísérleti és gyakorlati tapasztalatok egyaránt igazolják a nedvesített etetés és a fermentált folyékony takarmányok alkalmazásának előnyeit a napi takarmányfelvétellel és a táplálóanyagok (pl. keményítő) emészthetőségének javulására, miközben a napi folyadék (ivóvíz) felvétel is nő. Ez utóbbi különösen a nyári hőstresszes időszakban jelenthet előnyt a gyakorlati sertéstartók számára. Végezetül fontos megemlíteni, hogy a fermentált folyékony takarmányok etetése kedvezően hat az emésztőrendszer működésére, a bélmikrobióta összetételére, a bélbolyhok hosszára, illetve a bélbolyhok és a kripták egymáshoz viszonyított arányára. Mindez elősegíti a bélflóra egyensúlyi állapotának ("eubiózis") kialakítását és fenntartását.

KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A teljes értékű takarmánykeverékek fermentálása nem jelent lényeges előnyt az egyes takarmányalapanyagok (pl. gabonadarák) fermentálásához képest. A teljes takarmány fermentálás ugyanis csökkentheti az etetett takarmányadag energiaszintjét és aminosav-vesztéséget eredményezhet. A takarmányadag szénhidrátban gazdag komponenseinek elkülönített fermentálása számos előnnyel jár. Ezek közül gyakorlati szempontból kiemelendő, hogy míg a teljes értékű takarmány alkalmazása adott korcsoporthoz kötött, addig egy fermentált gabona vagy gabonakeverék több takarmányfázisnak is komponense lehet akár eltérő arányban, ami kevesebb telepi tárolókapacitást igényel. Az irányított fermentáció a spontán erjedéshez képest számos előnnyel rendelkezik, mert a spontán erjedés növeli mind az ecetsav, mind a biogén aminok koncentrációját, ami kedvezőtlenül befolyásolja az erjesztett folyékony takarmány ízletességét. Irányított fermentációhoz történő felhasználásra számos tejsavbaktérium-faj (pl. *Lactobacillus johnsonii*, *Ligilactobacillus salivarius*, *Lactiplantibacillus plantarum*, *Pediococcus* spp.) törzsei alkalmasak lehetnek, ugyanakkor célszerű a starterkultúrát ugyanolyan szénhidrátforrások felhasználásával tenyészteni, mint amilyenekkel az erjesztés zajlik. A magasabb hőmérséklet (37-38°C) kedvez az erjedést irányító tejsavbaktériumok szaporodásának és savtermelésének, ezáltal gyorsabban csökken a fermentum pH-értéke. Az irányított fermentáció során gyenge savak (pl. hangyasav, szorbinsav,

benzoesav) és enzimkeverékek (pl. NSP-bontó) hozzáadásával, továbbá egyéb paraméterek (pl. visszaoltás mértéke, alkalmazott takarmány:víz arány) szabályozásával kedvezően lehet befolyásolni a fermentált folyékony takarmányok előállítási folyamatát. Összefoglalóan megállapítható, hogy a takarmányadag egy részének, irányított erjesztése több szempontból is haszonnal alkalmazhatók a növendék- és hizósértések napi takarmányadagjában.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A közlemény elkészítését a GINOP-2.2.1-18-2020-00024 projekt támogatta.

IRODALOMJEGYZÉK

- Alpár, B. – Tóth, T. – Varga, L. (2022):* Fermentált folyékony takarmányok etetésének hatása választott malacok és hizósértések termelési paramétereire és a bél-mikrobióta összetételére – Irodalmi összefoglaló. *Magy. Allatorvosok*, 144. 463–472.
- Beal, J. D. – Niven, S. J. – Brooks, P. H. – Gill, B. P. (2005):* Variation in short chain fatty acid and ethanol concentration resulting from the natural fermentation of wheat and barley for inclusion in liquid diets for pigs. *J. Sci. Food Agric.*, 85. 433–440.
- Beal, J. D. – Niven, S. J. – Campbell, A. – Brooks, P. H. (2002):* The effect of temperature on the growth and persistence of *Salmonella* in fermented liquid pig feed. *Int. J. Food Microbiol.*, 79. 99–104.
- Brooks, P. H. (2008):* Fermented liquid feed for pigs. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources*, 3. 073.
- Brooks, P. H. – Beal, J. D. – Niven, S. (2001):* Liquid feeding of pigs: potential for reducing environmental impact and for improving productivity and food safety. *Recent Advances in Animal Nutrition in Australia*, 13. 49–63.
- Brooks, P. H. – Beal, J. D. – Niven, S. J. – Demečková, V. (2003):* Liquid feeding of pigs. II. Potential for improving pig health and food safety. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 21 (Suppl. 1). 23–39.
- Canibe, N. – Højberg, O. – Badsberg, J. H. – Jensen, B. B. (2007):* Effect of feeding fermented liquid feed and fermented grain on gastrointestinal ecology and growth performance in piglets. *J. Anim. Sci.*, 85. 2959–2771.
- Canibe, N. – Jensen, B. B. (2003):* Fermented and nonfermented liquid feed to growing pigs: effect on aspects of gastrointestinal ecology and growth performance. *J. Anim. Sci.*, 81. 2019–2031.
- Canibe, N. – Jensen, B. B. (2012):* Fermented liquid feed: microbial and nutritional aspects and impact on enteric diseases in pigs. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 173. 17–40.
- Canibe, N. – Pedersen, A. Ø. – Jensen, B. B. (2010a):* Impact of acetic acid concentration of fermented liquid feed on growth performance of piglets. *Livest. Sci.*, 133. 117–119.
- Canibe, N. – Pedersen, A. Ø. – Jensen, B. B. – Jespersen, L. (2010b):* Microbiological and biochemical characterization of fermented liquid feed samples from 40 Danish farms. *Livest. Sci.*, 134. 158–161.
- Carlson, D. – Poulsen, H. D. (2003):* Phytate degradation in soaked and fermented liquid feed – effect of diet, time of soaking, heat treatment, phytase activity, pH and temperature. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 103. 141–154.
- Cervantes-Pahm, S. K. – Stein, H. H. (2010):* Ileal digestibility of amino acids in conventional, fermented, and enzyme-treated soybean meal and in soy protein isolate, fish meal, and casein fed to weaning pigs. *J. Anim. Sci.*, 88. 2674–2683.
- Cho, J. H. – Min, B. J. – Chen, Y. J. – Yoo, J. S. – Wang, Q. – Kim, J. D. – Kim, I. H. (2007):* Evaluation of FSP (fermented soy protein) to replace soybean meal in weaned pigs: growth performance, blood urea nitrogen and total protein concentrations in serum and nutrient digestibility. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 20. 1874–1879.

- Czecz, A. – Grela, E. R. – Kiesz, M. (2021): Dietary fermented rapeseed or/and soybean meal additives on performance and intestinal health of piglets. *Sci. Rep.*, 11. 16952.
- Feng, J. – Liu, X. – Xu, Z. R. – Lu, Y. P. – Liu, Y. Y. (2007): Effect of fermented soybean meal on intestinal morphology and digestive enzyme activities in weaned piglets. *Dig. Dis. Sci.*, 52. 1845.
- Gori, K. – Bjørklund, M. K. – Canibe, N. – Pedersen, A. Ø. – Jespersen, L. (2010): Occurrence and identification of yeast species in fermented liquid feed for piglets. *Microb. Ecol.*, 61. 146–153.
- Hong, T. T. T. – Thuy, T. T. – Passoth, V. – Lindberg, J. E. (2009): Gut ecology, feed digestion and performance in weaned piglets fed liquid diets. *Livest. Sci.*, 125. 232–237.
- Hurst, D. – Clarke, L. – Lean, I. J. (2008): Effect of liquid feeding at different water-to-feed ratios on the growth performance of growing-finishing pigs. *Animal*, 2. 1297–1302.
- Jakobsen, G. V. – Jensen, B. B. – Knudsen, K. E. B. – Canibe, N. (2015): Fermentation and addition of enzymes to a diet based on high-moisture corn, rapeseed cake, and peas improve digestibility of non-starch polysaccharides, crude protein, and phosphorus in pigs. *J. Anim. Sci.*, 93. 2234–2245.
- Jha, R. – Berrocoso, J. F. D. (2016): Dietary fiber and protein fermentation in the intestine of swine and their interactive effects on gut health and on the environment: a review. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 212. 18–26.
- Jones, C. K. – DeRouchey, J. M. – Nelssen, J. L. – Tokach, M. D. – Dritz, S. S. – Goodband, R. D. (2010): Effects of fermented soybean meal and specialty animal protein sources on nursery pig performance. *J. Anim. Sci.*, 88.1725–1732.
- Jørgensen, H. – Sholly, D. – Pedersen, A. Ø. – Canibe, N. – Knudsen, K. E. B. (2010): Fermentation of cereals – influence on digestibility of nutrients in growing pigs. *Livest. Sci.*, 134. 56–58.
- Lu, J. F. – Zhang, X. Y. – Liu, Y. H. – Cao, H. G. – Han, Q. C. – Xie, B. C. – Fan, L. J. – Li, X. – Hu, J. H. – Yang, G. S. – Shi, X. (2019): Effect of fermented corn-soybean meal on serum immunity, the expression of genes related to gut immunity, gut microbiota, and bacterial metabolites in grower-finisher pigs. *Front. Microbiol.* 10. 2620.
- Mikkelsen, L. L. – Jensen, B. B. (1998): Performance and microbial activity in the gastrointestinal tract of piglets fed fermented liquid feed at weaning. *J. Anim. Feed Sci.*, 7. 211–215.
- Missotten, J. A. M. – Goris, J. – Michiels, J. – Van Coillie, E. – Herman, L. – De Smet, S. – Heyndrickx, M. (2009): Screening of isolated lactic acid bacteria as potential beneficial strains for fermented liquid pig feed production. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 150. 122–138.
- Missotten, J. A. M. – Michiels, J. – Owyn, A. – De Smet, S. – Dierick, N. A. (2010a): Fermented liquid feed for pigs. *Arch. Anim. Nutr.*, 64. 437–466.
- Missotten, J. A. M. – Michiels, J. – Willems, W. – Owyn, A. – De Smet, S. – Dierick, N. A. (2010b): Effect of fermented liquid feed on morpho-histological parameters in the piglet gut. *Livest. Sci.*, 134. 155–157.
- Moran, C. A. (2001): Developments and benefits of liquid feeding through fermentation for the post-weaned pig. PhD Thesis. University of Plymouth, Plymouth, UK. 420.
- Moran, C. A. – Scholten, R. H. J. – Tricarico, J. M. – Brooks, P. H. – Verstegen, M. W. A. (2006): Fermentation of wheat: effects of backslopping different proportions of pre-fermented wheat on the microbial and chemical composition. *Arch. Anim. Nutr.*, 60. 158–169.
- Niba, A. T. – Beal, J. D. – Kudi, A. C. – Brooks, P. H. (2009): Potential of bacterial fermentation as a biosafe method of improving feeds for pigs and poultry. *Afr. J. Biotechnol.*, 8. 1758–1767.
- Niven, S. J. – Beal, J. D. – Brooks, P. H. (2006): The effect of controlled fermentation on the fate of synthetic lysine in liquid diets for pigs. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 129. 304–315.
- O'Meara, F. M. – Gardiner, G. E. – O'Doherty, J. V. – Clarke, D. – Cummins, W. – Lawlor, P. G. (2020): Effect of wet/dry, fresh liquid, fermented whole diet liquid, and fermented cereal liquid feeding on feed microbial quality and growth in grow-finisher pigs. *J. Anim. Sci.*, 98. 1–15.
- Olstorpe, M. – Lyberg, K. – Lindberg, J. E. – Shnurer, J. – Passoth, V. (2008): Population diversity of yeasts and lactic acid bacteria in pig feed fermented with whey, wet wheat distillers' grains, or water at different temperatures. *Appl. Environ. Microbiol.*, 74. 1696–1703.

- Plumed-Ferrer, C. – von Wright, A. (2009): Fermented pig liquid feed: nutritional, safety and regulatory aspects. *J. Appl. Microbiol.*, 106. 351–368.
- Plumed-Ferrer, C. – von Wright, A. (2011): Antimicrobial activity of weak acids in liquid feed fermentations, and its effects on yeasts and lactic acid bacteria. *J. Sci. Food Agric.*, 91. 1032–1040.
- Scholten, R. H. J. (2001): Fermentation of liquid diets for pigs. PhD Thesis. Wageningen University, Wageningen, The Netherlands. 167.
- Scholten, R. H. J. – van der Peet-Schwering, C. M. C. – den Hartog, L. A. – Balk, M. – Schrama, J. W. – Verstegen, M. W. A. (2002): Fermented wheat in liquid diets: effects on gastrointestinal characteristics in weanling piglets. *J. Anim. Sci.*, 80. 1179–1186.
- Scholten, R. H. J. – van der Peet-Schwering, C. M. C. – Verstegen, M. W. A. – den Hartog, L. A. – Schrama, J. W. – Vesseur, P. C. (1999): Fermented co-products and fermented compound diets for pigs: a review. *Anim. Feed Sci. Technol.* 82. 1–19.
- Shi, C. Y. – He, J. – Wang, J. P. – Yu, J. – Yu, B. – Mao, X. B. – Zheng, P. – Huang, Z. Q. – Chen, D. W. (2016): Effects of *Aspergillus niger* fermented rapeseed meal on nutrient digestibility, growth performance and serum parameters in growing pigs. *Anim. Sci. J.*, 87. 557–563.
- Sholly, D. M. – Jørgensen, H. – Sutton, A. L. – Richert, B. T. – Knudsen, K. E. B. (2011): Effect of fermentation of cereals on the degradation of polysaccharides and other macronutrients in the gastrointestinal tract of growing pigs. *J. Anim. Sci.*, 89. 2096–2105.
- Vadopalas, L. – Ruzauskas, M. – Lele, V. – Starkute, V. – Zavistanaviciute, P. – Zokaityte, E. – Bartkevics, V. – Badaras, S. – Klupsaite, D. – Mozuriene, E. – Dauksiene, A. – Sidlauskiene, S. – Gruzauskas, R. – Bartkiene, E. (2020): Pigs' feed fermentation model with antimicrobial lactic acid bacteria strains combination by changing extruded soya to biomodified local feed stock. *Animals*, 10. 783.
- van Winsen, R. L. – Urlings, B. A. P. – Lipman, L. J. A. – Snijders, J. M. A. – Keuzenkamp, D. – Verheijden, J. H. M. – van Knapen, F. (2001): Effect of fermented feed on the microbial population of the gastrointestinal tracts of pigs. *Appl. Environ. Microbiol.*, 67. 3071–3076.
- Wang, N. F. – Chen, Q. – Le, G. W. – Shi, Y. H. – Sun, J. (2007): Effect of lactic acid fermented soyabean meal on the growth performance, intestinal microflora and morphology of weaned piglets. *J. Anim. Feed Sci.*, 16. 75–85.
- Wang, W. W. – Wang, Y. – Hao, X. R. – Duan, Y. X. – Meng, Z. Q. – An, X. P. – Qi, J. W. (2020): Dietary fermented soybean meal replacement alleviates diarrhea in weaned piglets challenged with enterotoxigenic *Escherichia coli* K88 by modulating inflammatory cytokine levels and cecal microbiota composition. *BMC Vet. Res.*, 16. 245.
- Xu, B. C. – Li, Z. – Wang, C. – Fu, J. – Zhang, Y. – Wang, Y. Z. – Lu, Z. Q. (2020): Effects of fermented feed supplementation on pig growth performance: a meta-analysis. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 259. 114315.
- Yuan, L. – Chang, J. A. – Yin, Q. Q. – Lu, M. – Di, Y. R. – Wang, P. – Wang, Z. X. – Wang, E. Z. – Lu, F. S. (2017): Fermented soybean meal improves the growth performance, nutrient digestibility, and microbial flora in piglets. *Anim. Nutr.*, 3. 19–24.
- Zentek, J. – Boroojeni, F. G. (2020): (Bio)Technological processing of poultry and pig feed: impact on the composition, digestibility, anti-nutritional factors and hygiene. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 268. 114576.
- Zhang, Y. – Shi, C. Y. – Wang, C. – Lu, Z. Q. – Wang, F. Q. – Feng, J. – Wang, Y. Z. (2018): Effect of soybean meal fermented with *Bacillus subtilis* BS12 on growth performance and small intestinal immune status of piglets. *Food Agric. Immunol.*, 29. 133–146.

Érkezett: 2022. július

Szerzők címe: *Alpár B.*
Agrofeed Kft.
Széchenyi István Egyetem, Wittmann Antal Növény-,
Állat- és Élelmiszer-tudományi Multidiszciplináris Doktori Iskola

Authors' address: Agrofeed Ltd.
H-9022 Győr, Dunakapu tér 10.
Wittmann Antal Multidisciplinary Doctoral School in Plant, Animal,
and Food Sciences, Széchenyi István University
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Tóth T. (levelező szerző; correspondent author)
Széchenyi István Egyetem, Agrár és Élelmiszeripari Kutató Központ
Agricultural and Food Research Centre, Széchenyi István University
H-9026 Győr, Egyetem tér 1.
toth.tamas@sze.hu

Varga L.
Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar,
Élelmiszer-tudományi Tanszék
Széchenyi István Egyetem, Wittmann Antal Növény-,
Állat- és Élelmiszer-tudományi Multidiszciplináris Doktori Iskola
Department of Food Science, Albert Casimir Faculty at Mosonmagyaróvár,
Széchenyi István University
Wittmann Antal Multidisciplinary Doctoral School in Plant, Animal,
and Food Sciences, Széchenyi István University
H-9200 Mosonmagyaróvár, Lucsony u. 15-17.
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

2022-BEN SIKERESEN MEGVÉDETT MTA DOKTORI ÉRTEKEZÉS ÖSSZEFOGLALÓJA SUMMARY OF DSc DISSERTATION IN THE YEAR OF 2022

EGYPONTOS NUKLEOTID-POLIMORFIZMUSOK SZELEKCIÓS FELHASZNÁLÁSÁNAK LEHETŐSÉGE HAZAI SZARVASMARHA- ÉS SERTÉSÁLLOMÁNYOKBAN

ANTON ISTVÁN

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Gödöllő

A molekuláris genetikai markerek olyan DNS-polimorfizmusok, melyek a teljes genomban megtalálhatók. Legismertebbek az egypontos (egybázisos) nukleotid-polimorfizmusok (Single-nucleotide polymorphism, SNP), amelyek jellemzően két alléllal rendelkeznek. A markerek segítségével végzett szelekció (Marker Assisted Selection, MAS) egyik előnye abban mutatkozik meg, hogy -már az utódellenőrzés vagy a teljesítményvizsgálat előtt- egy előszelekciót tesz lehetővé. A MAS hatékonysága a marker és a hozzá kapcsolódó termelési tulajdonságot meghatározó lókuszt (QTL) azonosításán múlik. A markerekkel végzett szelekcióval ellentétben, a genomális szelekció (Genomic Selection, GS) sűrű SNP markerhálózattal dolgozik, így minden QTL régió legalább egy markerrel kapcsoltsági egyenlőtlenségben van. A teljes genomasszociációs vizsgálatok (Genome-Wide Association Study, GWAS) elvégzésére az egyik leggyakrabban alkalmazott eljárás az SNP-chip (vagy microarray) vizsgálat. Az értekezés olyan -a MAS és a GS témakörébe tartozó- SNP-vizsgálatok eredményeit tartalmazza, amelyek lehetővé tehetik a hazai szarvasmarha- és sertésfajták hatékonyabb felhasználását.

Kísérletsorozat alapján kapcsoltságot állapítottunk meg a DGAT1, a TG, ill. a leptin polimorfizmus egyes genotípusai és az intramuszkuláris zsírtartalom, a tejtermelés, valamint a tej egyes beltartalmi értékei (zsír- és fehérjehozam) között több szarvasmarhafajtában (angus, limousin, charolais, holstein-fríz, jersey és magyar tarka). Az eredmények felhasználhatók a szelekciós munkában.

Magyar tarka fajtában -teljes genomvizsgálat alapján- több mutató esetében (intramuszkuláris zsírtartalom, hús tenyészték-index, fertilitás tenyészték-index) állapítottunk meg kapcsoltságot új lókusztokkal. Magyar tarka bikáknál nem áll rendelkezésre közvetlen módszer a fertilitás tenyészték-index (FTI) becslésére, ezért az itt azonosított SNP-k alkalmazása jelentősen gyorsíthatná ezt a folyamatot.

Magyar szürke fajtában -teljes genomvizsgálat alapján- több olyan lókuszt azonosítottunk, amely kapcsoltságot mutat a becsült tenyésztékkel és a szarv színével. A szarv szín megválasztásának lehetősége hozzájárulhat a fajta változatosságának fenntartásához. Emellett, a hagyományos tenyésztékbecslés és a genomikai vizsgálatok kombinálásával kialakítható egy nem hagyományos genomikai tenyésztékbecslési módszer.

Sertésfajták esetében új multiplex vizsgálati módszert dolgoztunk ki a MYOG polimorfizmusok egyidejű vizsgálatára. Négy fajtában (magyar nagyfehér, duroc, mangalica, magyar lapály) meghatároztuk az allél- és genotípusfrekvencia érté-

keit. Kapcsoltságot állapítottunk meg a MYOG genotípusok és a súlygyarapodási értékek között. Az eredmények felhasználhatók a szelekcióban.

Magyar nagyfehér fajtában -teljes genomvizsgálat alapján- több lókuszt esetében kapcsoltságot állapítottunk meg szaporasági mutatókkal (összes született malacsúly, születés kori alomsúly, halva született malacok száma, 21. napi átlagos alomsúly és a fialások közötti intervallum). Egy markervizsgálatokra alapozott szelekció segítségével növelhető a megszületett malacok száma és az alomsúly, ill. csökkenthető a születés kori elhullás és a fialások közötti idő.

EMPLOYMENT OF SINGLE-NUCLEOTIDE POLYMORPHISM SELECTION IN HUNGARIAN CATTLE AND PIG POPULATIONS

ISTVÁN ANTON

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő

Molecular markers are polymorphic DNA sequences which can be detected using different molecular techniques. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) are mostly biallelic markers helping specialists locate genes that are associated with production traits in several animal species and breeds. Marker-assisted selection (MAS) may greatly increase the efficiency of animal breeding and can be used to improve desirable traits in livestock. MAS depends on identifying the association between the markers and the linked Quantitative trait loci (QTL). In contrast to MAS, Genomic selection (GS) uses genetic markers which are covering the whole genome and are used so that all QTL are in linkage disequilibrium with at least one marker. Genome-wide association study (GWAS) experiments based on the typing of SNPs (microarray technology) are suitable for finding loci associated with different production traits in farm animals. The dissertation contains research results related to MAS and GS topics, which enable a more efficient breeding and selection strategy in the Hungarian cattle and pig populations.

Achievements reported in the dissertation:

Several experiments have been performed to demonstrate the effect of DGAT1, TG and leptin polymorphisms on the intramuscular fat content and on milk production traits in some cattle populations in Hungary (Angus, Limousin, Charolais, Holstein Friesian, Jersey and Hungarian Simmental). The obtained results could be incorporated in current and future breeding programmes.

A Genome-wide Association Study (GWAS) was executed to estimate the effect of SNPs on the intramuscular fat content, the breeding value of fertility and the breeding value of beef in Hungarian Simmental bulls. For bulls, there is no direct method for the estimation of fertility. Thus, described loci can be useful in selection programs and give the possibility to assist selection by molecular tools.

A GWAS was conducted to estimate the effect of SNPs on the estimated breeding value of Hungarian Grey (HG) bulls and to find markers associated with horn colour. Six SNPs were identified to be associated with green and white horn. In addition seven loci showed considerable association with the estimated breeding value. Analyses provide markers for further research of horn colour and supplies markers to achieve more effective selection work regarding estimated breeding value of HG bulls.

Simultaneous analysis of two Myogenin (MYOG) loci has been elaborated using PCR-RFLP tests in DNA isolated from four different pig breeds (Hungarian Large White, Duroc, Mangalica and Hungarian Landrace). Allele and genotype frequencies were determined in all cases. In Hungarian Large White pigs the growth rate difference between MYOG genotypes (3' polymorphism) was significant.

Associations between individual genotypes of Hungarian Large White sows and some investigated reproduction parameters (the total number of piglets born, the litter weight born alive, the number of piglets born dead, the average litter weight on the 21st day and the interval between litters) were demonstrated using a GWAS. Our results provide a straightforward possibility to assist selection by molecular tools and consequently, to improve the competitiveness of the Hungarian Large White breed.

Köszönjük az alább felsorolt kollegáinknak, hogy a 2022-ban megjelent kéziratok lelkiismeretes bírálatával hozzájárultak folyóiratunk tudományos színvonalának megőrzéséhez:

Bene Szabolcs, Bódi László, Bodrogi Lilla, Dégen László, Erdősi Orsolya, Fébel Hedvig, Fehér Milán, Gáspárdy András, Harcsa Attila, Havasi Máté, Húth Balázs, Ilie Daniella, Jakabné Sándor Zsuzsanna, Kovács Zoltán, Kovács-Wéber Mária, Liptói Krisztina, Mézes Miklós, Molnár Tamás, Müller Tamás, Nagy Szabolcs, Orosz Szilvia, Pajor Ferenc, Pál László, Somoskői Bence, Sréterné Lancz Zsuzsanna, Szűcsné Péter Judit, Tóthi Róbert, Vargáné Visi Éva

2022-BEN SIKERESEN MEGVÉDETT PhD DISSZERTÁCIÓK ÖSSZEFOGLALÓI SUMMARIES OF PhD DISSERTATIONS IN THE YEAR OF 2022

KIESÉSI KOCKÁZATOK ÉRTÉKELÉSE A HAZAI TEJTERMELŐ SZARVASMARHA ÁLLOMÁNYOKBAN

TÖRÖK EVELIN

Debreceni Egyetem, Debrecen

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Témavezető: Posta János PhD

A jelölt a küllemi tulajdonságok, a küllemi tulajdonság kombinációk és a hasznos élettartam közötti kapcsolatot értékelte a kettőshasznú magyar tarka, valamint a holstein-fríz fajták esetében. Főkomponens-analízis és klaszteranalízis segítségével elvégezte a tulajdonságok összefüggés-vizsgálatát, valamint ennek függvényében a küllemi tulajdonság kombinációk meghatározását. A hasznos élettartamot befolyásoló tényezők elemzéséhez túlélési analízist alkalmazott (Survival Kit program, Weibull modell).

Eredményei alapján a következő megállapításokat tette:

- A kettőshasznú magyar tarka tehének lineáris küllemi részlettulajdonságainak értékelésekor megállapítottam, hogy a hasznos élettartamban a referencia csoport kiesési kockázatához képest a széles far 9%, a laza tőgyfüggesztés 46%, a mély tőgy 32%, míg a vastag tőgybimbó 31% relatív kockázat növekedést eredményezett. A fő bírálati tulajdonságok közül a tőgypont növekedésével a relatív kockázat csökkent, míg az átlag feletti izmoltság a kiesés kockázatát 17%-kal növelte.
- A kettőshasznú magyar tarka tehének általam meghatározott lineáris küllemi részlettulajdonság kombinációinak értékelésekor megállapítottam, hogy a hasznos élettartamban a referencia kombináció kiesési kockázatához képest a gyenge tőgyfüggesztés és a mély tőgy együttes jelenléte 123%, míg a hosszú és vastag tőgybimbó kombinációja 78% növekedést okozott. A meghatározott fő bírálati tulajdonság kombinációk közül az átlag alatti tőgypont és az átlag alatti lábpont együttes jelenléte az átlagos pontszámú kombinációhoz képest 37% kiesési kockázat növekedést eredményezett.
- A hazai holstein-fríz tehének lineáris részlettulajdonságainak értékelésekor megállapítottam, hogy a hasznos élettartamban a referencia csoport kiesési kockázatához képest a mély törzs 16%, a magas élesség pontszám 17%, a széles far 11%, a laza elülső tőgyfélillesztés 17%, a mély tőgy 9%, míg a rövid bimbó 17% relatív kockázat növekedést eredményezett. A fő bírálati tulajdonságok közül a tejelő jelleg és a testkapacitás pontszám növekedésével a relatív kockázat növekedett, míg a „gyenge”, „elfogadható” tőgypont és végső pontszám a referencia csoporthoz képest a kiesés kockázatát 6%-kal, illetve 21%-kal növelte.
- A hazai holstein-fríz tehének általam meghatározott lineáris részlettulajdonság kombinációinak értékelésekor megállapítottam, hogy a hasznos élettartamban a

referencia kombináció kiesési kockázatához képest az erős mellkasszélesség és a mély törzs kombinációja 22%, míg a laza elülső tőgyfélillesztés és a mély tőgy kombinációja 32% kiesési kockázat növekedést eredményezett. A meghatározott fő bírálati tulajdonság kombinációk közül a hasznos élettartamot a „nagyon jó”, „kiváló” tejelő jelleg és a „gyenge”, „elfogadható” tőgypont kombinációja csökkentette.

ANALYSIS OF CULLING RISK IN HUNGARIAN DAIRY CATTLE POPULATIONS

EVELIN TÖRÖK

University of Debrecen, Debrecen
Doctoral School of Animal Science
Supervisor: János Posta PhD

The relationship between longevity and conformation traits as well as combinations of conformation traits was evaluated for the Hungarian Simmental and Holstein-Friesian cattle in the thesis. The combinations of conformation traits from the principal component analysis and cluster analysis were determined. Relationships between longevity and some factors were estimated using the survival analysis (Survival Kit program, Weibull model).

The following results were obtained:

- The wider rump resulted in 9%, the weak central ligament 46%, the deep udder 32% as well as the thick teats 31% culling risk increase to the reference classes in the longevity of dual-purpose Hungarian Simmental cows. The risk of culling decreased with increasing scores of the mammary system, as well as the above-average musculature resulted in 17% culling risk increase compared to the reference class.
- The combination of weak central ligament and deep udder resulted in 123% as well as the combination of long and thick teats 78% relative risk increase to the reference classes in the longevity of dual-purpose Hungarian Simmental cows. The highest risk ratio was estimated in cows having a lower score of mammary system with a lower score of feet and legs, with about 37% risk of culling compared with the reference class.
- The deep body resulted in 16%, the higher score of angularity 17%, the wide rump width 11%, the weak and loose fore udder 17%, the deep udder 9% and the short teats 17% culling risk increase compared to the reference classes in the longevity of Hungarian Holstein-Friesian cows. The risk of culling increased with increasing scores of dairy form and body capacity, as well as the poor, fair mammary system and final score resulted in a 6% and 21% increase in culling risk compared to the reference group.
- The combination of wide chest and deep body resulted in 22%, as well as the combination of the weak and loose fore udder and deep udder 32% relative risk increase to the reference classes in the longevity of Hungarian Holstein-Friesian cows. The highest risk ratio was estimated for „very good”, excellent dairy form with a poor, fair mammary system.

A MAGYARORSZÁGI ÁRUTERMELŐ PONTY (*CYPRINUS CARPIO L.*) ÁLLOMÁNYOK GÉNTARTALÉKAINAK VIZSGÁLATA MITOKONDRIÁLIS ÉS MIKROSZATELLIT MARKEREKRE ALAPOZVA

VÉGHNÉ TÓTH BIANKA MÓNICA
Debreceni Egyetem, Debrecen
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
Témavezető: Kusza Szilvia DSc

A jelölt a magyar pontytájfajták genetikai diverzitását és populáció szerkezetét vizsgálta valamint filogenetikai jellemzéseket végzett mikroszatellit markerekre és mitokondriális DNS citokróm *b* régió 687 bp hosszúságú szakaszára alapozva a kutatást, annak érdekében, hogy a vizsgálatba vont magyar pontytájfajták esetleges keveredését kimutassa valamint a tudományos ismeretek hiányát pótolja a témakörben.

Eredményei alapján a következő megállapításokat tette:

Mikroszatellit markeren alapuló új tudományos eredmények:

- Tizenkettő polimorf mikroszatellit marker alkalmazásával bizonyította, hogy az általa vizsgált tizenhárom magyar pontytájfajta és az amuri vadponty egyedei 93,64%-ban a származásuknak megfelelő tájfajta-hoz csoportosulnak.
- Megállapította, hogy az általa vizsgált magyar pontytájfajtákon belül nagy a heterozigotizáció, mely arra utal, hogy Magyarországon beltenyésztési leromlástól jelenleg nem kell tartani.
- Kimutatta, hogy az általa vizsgált magyar pontytájfajták, néhány kivételtől eltekintve, elkülönülnek egyéb országból származó ponty populációktól.

Mitokondriális DNS markeren alapuló új tudományos eredmények:

- A citokróm *b* mitokondriális régió 687 bp hosszú szakaszának szekvenciái alapján az általa vizsgált magyar pontytájfajtákban 43 haplotípust mutatott ki, melyek közül 40 új haplotípusként jelent meg. Bizonyította, hogy az általa vizsgált magyar pontytájfajták egy közös haplotípusba csoportosulnak, kivételt jelentett ez alól a hortobágyi nyurga tájfajta.

Együttesen, a két markeren alapuló új tudományos eredmények:

- A tizenkettő polimorf mikroszatellit marker és a citokróm *b* mitokondriális marker segítségével bizonyította, hogy a magyar pontytájfajták keverednek egymással, genetikai variációjuk az egyedek között jelentős.
- A klaszteranalízis eredményei alapján ugyanazon öt tájfajta (biharugrai pikkelyes, hajdúböszörményi tükrös, hajdúszoboszlói pikkelyes, szarvasi 15 tükrös, szarvasi P3 pikkelyes) egyedei hasonlóan ugyanabban a klaszterben nagyon magas tagsági együtthatókkal csoportosultak, mely bizonyítja ezen tájfajták valódi létezését.
- A mikroszatellit módszerrel alapuló Median-Joining Network analízis valamint a genetikai diverzitás paramétereire vonatkozó adatok (egyedi allélek száma és allélgazdagság), továbbá a mitokondriális DNS markeren alapuló klaszteranalízis igazolta, hogy a hortobágyi nyurga tájfajta tekinthető leginkább genetikailag különálló tájfajtának.

STUDY OF THE GENE RESERVES OF HUNGARIAN TRADE-PRODUCING COMMON CARP (*CYPRINUS CARPIO* L.) STRAINS BASED ON MATERNAL AND BIPARENTAL MARKERS

BIANKA MÓNICA VÉGHNÉ TÓTH
University of Debrecen, Debrecen
Doctoral School of Animal Science
Supervisor: Szilvia Kusza DSc

The candidate investigated the genetic diversity and population structure of the Hungarian common carp strains and carried out phylogenetic characterizations, basing the research on microsatellite markers and a 687 bp segment of the mitochondrial DNA cytochrome *b* region, in order to demonstrate possible admixture of the Hungarian common carp strains included in the study and to fill in the lack of scientific knowledge topic.

Based on her results, she made the following conclusions:

New scientific results based on microsatellite markers:

- Using twelve polymorphic microsatellite markers, he proved that 93.64% of the thirteen Hungarian common carp strains and the Amur wild common carp were grouped with the strains corresponding to their origin.
- She found that there is a lot of heterozygosity within the Hungarian common carp strains she examined, which indicates that there is currently no need to fear a decline in inbreeding in Hungary.
- She showed that, with a few exceptions, the Hungarian common carp strains she examined are different from common carp populations from other countries.

New scientific results based on mitochondrial DNA markers:

- Based on the sequences of the 687 bp long section of the mitochondrial region of cytochrome *b*, she identified 43 haplotypes in the Hungarian common carp strains she examined, of which 40 appeared as new haplotypes. She proved that the Hungarian common carp strains she examined are grouped into a common haplotype, the Hortobágy wild common carp strain being an exception.

Together, the new scientific results based on the two markers:

- With the help of the twelve polymorphic microsatellite markers and the cytochrome *b* mitochondrial marker, she proved that the Hungarian common carp strains are mixed with each other, and their genetic variance between the individuals is significant.
- Based on the results of the cluster analysis, individuals of the same five strains (Biharugra scaly, Hajdúböszörmény mirror, Hajdúszoboszló scaly, Szarvas 15 mirror, Szarvas P3 scaly) were similarly grouped in the same cluster with very high membership coefficients, which proves the real existence of these strains.
- The Median-Joining Network analysis based on the microsatellite method and the data on the genetic diversity parameters (number of unique alleles and allele richness), as well as the cluster analysis based on the mitochondrial DNA marker, proved that the Hortobágy wild common carp can be considered the most genetically distinct strain.

BIOAKTÍV NÖVÉNYI HATÓANYAGOK HATÁSA A BROJLERCSIRKE ÉS A PONTY IMMUNOLÓGIAI PARAMÉTEREIRE, AZ INTESZTINÁLIS MORFOLÓGIÁRA ÉS A MIKROBIOTÁRA

CSERNUS BRIGITTA

Debreceni Egyetem, Debrecen

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Témavezető: Czeglédi Levente PhD

A jelölt kutatómunkája során a brojlercsirkével és ponttyal beállított takarmányozási kísérletekben vizsgálta a bioaktív növényi hatóanyagok (karotinoidok, oligoszacharidok és antocianinok) lehetséges immunmoduláns hatását, illetve a bélflórában és a bélmorfológiában bekövetkező változásokat. Az említett vizsgálatokat molekuláris szinten, PCR és real-time PCR, valamint ELISA módszerek segítségével végezte. A bélmorfológiai hatást a megfestett szöveti metszetekből mutatta ki.

Eredményei alapján a következő megállapításokat tette:

- A β -glükán, az oligoszacharid és az antocianin kiegészítés is növelték a napi takarmányfelvételt brojlercsirke esetében.
- A karotinoidok, az oligoszacharidok és az antocianinok potenciális immunmodulátorok lehetnek a brojlercsirke gyulladós immunválaszának kialakulása során, miután a proinflammatorikus *IL-1 β* mRNS szintjét a lépben mindhárom hatóanyag csökkentette. A karotinoidok, az oligoszacharidok és az antocianinok is alacsonyabb *IL-1 β* génexpressziós szintet eredményeztek. A karotinoidok hatására csökkent az *IL-6* mRNS szintje is. Az oligoszacharidok a brojlercsirke humorális immunitását javító funkcióval is bírhatnak, hatására a vérplazma IgG szintje magasabb lett.
- A β -glükán, a karotinoidok, az oligoszacharidok és az antocianinok is növelték a brojlercsirke bélbolyhainak hosszát. A β -glükán és az antocianinok növelték a villushossz:kriptamélység arányait a kontroll egyedekhez képest. A β -glükán, az oligoszacharidok és az antocianinok hatására is vastagabb lett a bélnyálkahártya réteg.
- A karotinoidok és az antocianinok kimutatható változást idéztek elő a bél-mikrobiota összetételére brojlercsirke esetében.

EFFECTS OF BIOACTIVE PLANT EXTRACTS ON IMMUNOLOGICAL PARAMETERS, INTESTINAL MORPHOLOGY, AND MICROBIOTA IN BROILER CHICKEN AND COMMON CARP (*CYPRINUS CARPIO*)

BRIGITTA CSERNUS

University of Debrecen, Debrecen
Doctoral School of Animal Science
Supervisor: Levente Czeglédi PhD

The candidate examined the potential immunomodulatory effects of bioactive compounds, such as carotenoids, oligosaccharides, and anthocyanins in broiler chicken and carp. The impacts of the mentioned supplementations were also investigated on gut microbial composition and morphology. Molecular genetic methods, such as PCR, Real-Time PCR, and ELISA were used in the research and intestinal morphological effects were examined from stained ileal segments.

The following results were obtained:

- The applied β -glucan, oligosaccharides, and anthocyanins affected the daily feed intake of broiler chickens.
- Carotenoids, oligosaccharides, and anthocyanins used in this research may be potential immunomodulators of inflammatory response in broiler chickens. Each compound could decrease the mRNA levels of pro-inflammatory *IL-1 β* . Carotenoids also reduced the pro-inflammatory *IL-6* gene expression level. Oligosaccharides can improve the humoral immune response of broiler chickens since the compounds increased plasma IgG levels.
- β -glucan, carotenoid, oligosaccharide, and anthocyanin supplementations influenced positively the heights of villi in ileum segments. Higher villus height to crypt depth ratios were shown in the β -glucan and anthocyanin treatment compared to the control. Diets supplemented with β -glucan, oligosaccharide and anthocyanin also thickened the mucosa.
- Carotenoids and anthocyanins were shown to affect the gut microbiota composition in broiler chickens.

BAROMFITRÁGYA ALAPÚ KOMPOSZT TERMÉKEK ELŐÁLLÍTÁSÁNAK ÉS HASZNOSÍTÁSÁNAK ÉRTÉKELÉSE

GORLICZAY EDIT

Debreceni Egyetem, Debrecen
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
Témavezető: Tamás János DSc

A jelölt az állati eredetű, elsősorban a baromfitartás során keletkező szerves melléktermékek kezelésére, tápanyagutánpótlásban történő alkalmazásának innovatív lehetőségeire fektette a hangsúlyt. Kutatómunkája során (1) megvizsgálta, hogy az általánosan használt prizmás komposztálási rendszerben hogyan alakulnak a fizikai és kémiai tulajdonságok a technológiák, a lehetséges kiindulási, illetve

adalékanyagok függvényében; s ezek alapján elemezte és modellezte a hőmérséklet (°C), kémhatás, fajlagos vezetőképesség (mS/cm) és a nedvességtartalom (m/m%) folyamatmódosító hatását; (2) meghatározta a nem levegőztetett (passzív) körülmények között előállított komposzt szuszpenziók kulcsfontosságú előállítási paramétereit, s azok hatását a szerves kémiai paraméterekre; (3) meghatározta a baromfitrágya alapú folyékony termékek optimális termesztéstechnológiai paramétereit talaj-növény rendszerben, különböző kertészeti tesztnövények, dózisok és talajtípusok alapján.

Eredményei alapján a következő megállapításokat tette:

- Kidolgozott egy gyors, non destruktív spektrális módszert és mintaelőkészítési eljárást a komposzt érettségének megállapítására.
- Bebizonyította, hogy a $710-730 \pm 20$ nm hullámhossz tartomány alkalmas a számított inflexió pontok alapján a különböző komposzt-zeolit keverékek értékelésére, ahol a nagyobb értékű inflexió pontok infravörös tartományban történő elmozdulása jelzi a komposzt érettségét.
- Becslő egyenleteket alakított ki (<20% NRMSE) a komposzt minőséget jellemző paraméterek gyors, non destruktív módon történő vizsgálatára.
- Meghatározta a komposztált baromfitrágyából készített komposzt szuszpenzió optimális oldékonysági feltételeit (komposzt : víz arány, oldási idő, oldási hőmérséklet) és paramétereit.

EVALUATION OF THE PRODUCTION AND USE OF POULTRY MANURE BASED COMPOST PRODUCTS

EDIT GORLICZAY

University of Debrecen, Debrecen
 Doctoral School of Animal Science
 Supervisor: János Tamás DSc

The research focused on the management of organic by-products of animal origin, mainly from poultry farming, and their innovative application in nutrient replenishment. In the thesis research (1) investigated how the physical and chemical properties of commonly used windrow composting systems vary with technology, possible feedstocks and additives, and based on this, analysed and modelled the process modifying effects of temperature (°C), pH, electrical conductivity (mS/cm) and moisture content (m/m%); (2) determined the key production parameters of compost tea produced under non-aerated (passive) conditions and their effect on inorganic chemical parameters; (3) determined the optimal cultivation technology parameters of poultry manure-based liquid products in soil-plant systems under different horticultural test crops, dosages and soil types.

The following results were obtained:

- Developed a rapid, non-destructive spectral method and sample preparation procedure to determine the maturity of compost.

- The wavelength range $710-730\pm 20$ nm is suitable for the evaluation of different compost-zeolite mixtures based on the calculated inflection points, where the higher inflection points in the infrared range indicate the maturity of the compost.
- Developed estimating equations ($<20\%$ NRMSE) for a rapid, non-destructive analysis of compost quality parameters.
- Determined the optimal solubility conditions (compost:water ratio, extraction time, extraction temperature) and parameters for compost teas made from composted poultry manure.

AZ ELEMI SZELÉN NANORÉSZECSKÉK TOXICITÁSÁNAK A VIZSGÁLATA

KHANDSUREN BADGAR

Debreceni Egyetem, Debrecen

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Témavezető: Prokisch József PhD

A szelén nanorészecskék szintézisére, továbbá alkalmazási lehetőségeire az elmúlt években jelentős figyelmet szenteltek magas biológiai hozzáférhetőségüknek és alacsony toxicitásuknak köszönhetően. A doktori értekezés a nanoszelén szintézisének, a szelén nanorészecskék toxicitási és méregtelenítő hatásainak az állati modellekre kifejtett hatására, illetve a nanoszálalás szűrőanyagok gyártásában történő alkalmazási lehetőségeknek a vizsgálatára irányult.

A következő eredmények születtek:

- Joghurt baktériumokkal 250 nm méretű vörös színű elemi szelén gömböket tudunk előállítani. A vörös színű joghurtból liofilizálást és őrlést követően jól használható szelén adalékot készítettünk, ami 3000 mg/kg szelént tartalmaz. Kidolgoztuk a nanoszelén előállítás kémiai módszerét is, a selenitet aszkorbinsavval redukálva nanoszelént tartalmazó szuszpenziót állítottunk elő. A nanoszelént különböző kristálmódosulatban is előállítottuk és azonosítottuk. A vörös, amorf kristálmódosulat mellett előállítottuk a hexagonális, szürke módosulatból is az azonos szemcseméretű és szemcseméreteloszlású nano szuszpenziót.
- Felismertük, hogy szilikoncső belső felületén nanoszelén réteg alakítható ki pusztán a nanoszelén szuszpenzió csőben történő áramoltatásával.
- Megállapítottuk, hogy a biológiailag szintetizált szelén nanorészecskék 800 mg/l koncentrációban sem fejtenek ki toxikus hatást a *Paramicium caudatum*-ra. Kimutattuk, hogy szelén nanorészecskékkel csökkenthető a nano ezüst és arany sejtekre kifejtett toxikus hatás is.
- Nanoszelént tartalmazó PVB (polivinyil-butyral) nanoszálalás előállítását dolgoztuk ki, alkalmazva a saját fejlesztésű electrospinning berendezést. Ezzel olyan nanoszálalás textíliát, szűrőfelületet állítottunk elő, amellyel állatok itatóvizét baktériummentesre lehet szűrni.

STUDYING THE TOXICITY AND TESTING OF NANOSIZE ELEMENTAL SELENIUM

KHANDSUREN BADGAR

University of Debrecen, Debrecen

Doctoral School of Animal Science

Supervisor: József Prokisch PhD

The synthesis of selenium nanoparticles and their applications have attracted attention in recent years due to their high bioavailability and much lower toxicity. This thesis focuses on the synthesis of nano selenium, the toxicity and detoxification effects of selenium nanoparticles using animal models, and the application of selenium nanoparticles in the fabrication of nanofiber membranes.

The following results were obtained:

- The results show that organic red selenium nanoparticles around 250 nm were transformed by bacteria, which is amorphous in shape. Organic selenium nanoparticles with sizes from 50 to 500 nm within yogurt as powder also have been produced by the combination of steps for conversion of selenium nanoparticles and yogurt making at the same time. Finally, 2000 mg/kg of selenium-enriched yogurt powder was obtained by lyophilization and grinding. Inorganic red amorphous selenium nanoparticles in liquid form with sizes from 100 nm to 100 μm have been synthesized from the reaction of 500 mg/L sodium selenite and 10 g/L ascorbic acids. Red selenium nanoparticles in powder form were produced by reacting sodium selenite at 10,000 mg/L and ascorbic acids at 100 g/L. Grey selenium nanopowder, which is hexagonal crystalline form, is converted by heat treatment at 85 °C for 10 min from red powder.
- The selenium nanolayer in the inner surface of the medical tube was created by a circulating flow of selenium nanosuspension using a peristaltic pump with a flow rate of 95 rpm at room temperature for 30 min. Also, the selenium nanolayer with crystal structure was converted at a higher temperature of 85°C. PVC tubes are coated with selenium nanoparticles with a size of 100–200 nm, and these single and small particles attach to form more significant clusters with a size of 2 μm . The silicone surfaces were covered with a considerable amount of selenium nanoparticles with thickness of about 16 μm and are evenly distributed over all surfaces.
- We found that the biologically synthesized selenium nanoparticles at 800 mg/L have no toxic effect on *P. caudatum*. The supplementation with selenium nanoparticles reduced the lethal concentrations of toxicants by 2-fold compared to the un-supplemented group. Namely, the lethal concentrations were decreased in the selenium supplemented groups from 1.25 mg/L to 2.50 mg/L for silver nanoparticles, 2.50 mg/L to 5.0 mg/L for silver nitrate, 10.0 mg/L to 20.0 mg/L for sodium selenite, and from 20.0 mg/L to 40.0 mg/L for sodium selenate. Surprisingly, the survival time of Paramecium has significantly extended by supplementation with selenium nanoparticles in the experimental group.
- Red and grey selenium nanopowder of 1 to 10% enriched nanofibers are typically amorphous with a diameter range of 100 nm to 100 μm and a specific surface

area of around 4 to 40 m² g⁻¹. Significantly, the mean diameter was approximately 500 nm with a specific surface area of 8 m² g⁻¹ at all concentrations of selenium nanopowder. The length of the nanofibers is 5093 km cm⁻³ with a diameter of 500 nm, which is derived from a 1 mL polymer solution. Bead formation was observed inside and outside the fiber, which is caused by the concentration of nanopowder. In the presence of in-situ synthesized selenium nanoparticles, we have synthesized selenium nanoparticles in a polymer solution by dissolving 500 mg/L of sodium selenite with 10 g/L of ascorbic acids in 80% ethanol. In that case, we have a pink nanofibrous sheet with a smooth and soft surface containing 1250 mg/L of selenium and smaller than 50 nm. They are also amorphous with 500 nm of average diameter size. The in-situ synthesized selenium nanoparticles are well dispersed in a PVB polymer solution and located inside the fiber.

BROILER CSIRKE TARTÁSHOZ KAPCSOLÓDÓ KÖRNYEZETI TERHELÉS ÉRTÉKELÉSE KÖRFORGÁSOS SZEMLÉLET ALAPJÁN

KISS NIKOLETT ÉVA

Debreceni Egyetem, Debrecen

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Témavezető: Nagy Attila PhD

A jelölt feltárta és értékelte egy körforgásos gazdaság (broiler csirke tartás, trágyafeldolgozás Hosoya komposztáló rendszerben, kukorica- és őszi búzatermesztés) környezeti hatásait, illetve meghatározta a környezet szempontjából kritikus pontokat életciklus-értékelés (Life Cycle Assessment, LCA) módszertanát alkalmazva, 11 hatáskategóriát vizsgálatba vonva. Továbbá vizsgálta a broiler csirke tartásból kikerülő, majd komposztált trágya termék (továbbiakban: CPPL (composted and pelletized poultry litter)) alkalmazását tenyészedenyes körülmények között.

A jelölt az eredményei alapján a következő megállapításokat tette:

- Számszerűsítette 1 t broiler csirke előállítás környezeti hatásait LCA szemlélettel nyári és téli rotációk függvényében. Az így számszerűsített környezeti hatások referencia adatként szolgálnak 1 t broiler csirke előállítás környezeti terhelésének értékelésekor hazai és Közép-Európai viszonylatban, mivel szakirodalmi források a témában korlátozottan állnak rendelkezésre. A takarmányozás, mint legfontosabb környezeti hatáshoz hozzájáruló folyamat aránya 3 legfontosabb hatáskategóriánál a következőképp alakul: AP: 81-83%, EP: 97-98%, GWP: 63-70%.
- Megállapította, hogy a Hosoya komposztáló üzemben előállított termék (CPPL) környezeti terhelése 1 kg termék előállítására vetítve 11 hatáskategóriából kilencnél alacsonyabb (ADPe, ADPf, GWP, ODP, HTP, POP, FAETP, MAETP, TETP), mint a műtrágyáké, ugyanakkor 1 kg hatóanyag (N, P₂O₅, K₂O) gyártására vonatkoztatva a CPPL környezetterhelése nagyobb, mint a monoelemes műtrágyáknak.
- Megállapította, hogy a CPPL környezeti hatásait tekintve megfelelő tápanyag-utánpótló alternatívát jelenthet komplex NPK tápanyag-visszapótlást feltételezve.

Ugyanis a CPPL előállítás környezeti terhelése 11 hatáskategóriából hétnél kisebb (ADPe, ADPf, HTP, POP, FAETP, MAETP, TETP), kettőnél pedig hasonló (GWP, ODP) mint a CPPL ekvivalens N-, P₂O₅- és K₂O-hatóanyag tartalmú műtrágyák gyártásának összesített környezeti terhelése. Így a CPPL megfelelhet az EU Green Deal azon törekvéseinek, melyek a műtrágyák alkalmazásának csökkentésére irányulnak.

- Megállapította, hogy bár külön-külön N-, P₂O₅- és K₂O-hatóanyagra vetítve magasabb a CPPL gyártásának környezeti terhelése, viszont amennyiben nitrogén-, foszfor- és kálium-műtrágyát együttesen juttatunk ki, a CPPL-lel trágyázott kukoricának már alacsonyabb a környezetterhelése 11-ből tíz hatáskategória (ADPe, ADPf, AP, EP, GWP, POP, HTP, FAETP, MAETP, TETP) alapján, összevetve az NPK kombinációkkal (pl.: GWP esetében 30-34%-kal).
- Az őszi búza termesztésének scenáriójánál szintén megállapította, hogy bár külön-külön N-, P₂O₅- és K₂O-hatóanyagra vetítve magasabb a CPPL gyártásának környezeti terhelése, viszont komplex, N-, P₂O₅- és K₂O-hatóanyagot egyaránt tartalmazó műtrágya-kombinációk alkalmazását feltételezve a CPPL-lel egy alacsonyabb környezetterhelést produkáló takarmánynövény termeszthető 11-ből hét hatáskategória (ADPe, ADPf, GWP, POP, HTP, MAETP, FAETP) alapján (pl.: GWP esetében 11-14%-kal).

ASSESSMENT OF ENVIRONMENTAL BURDEN ASSOCIATED WITH BROILER CHICKEN PRODUCTION BASED ON A CIRCULAR APPROACH

NIKOLETT ÉVA KISS

University of Debrecen, Debrecen
Doctoral School of Animal Science
Supervisor: Attila Nagy PhD

The candidate has identified and assessed the environmental impacts of a circular farm (broiler chicken production, manure processing in Hosoya composting system, maize and winter wheat production) and determined the environmental critical points using Life Cycle Assessment (LCA) methodology, including 11 impact categories.

In addition, the application of composted and pelletized poultry litter (CPPL), was investigated under pot experiment conditions.

The following results were obtained:

- The environmental impact of 1 t broiler chicken production using an LCA approach for summer and winter rotations were quantified. The environmental impacts are used as reference data for the assessment of the environmental pressures of 1 t broiler chicken production in Hungary and Central Europe, as literature on the subject is limited. The contribution of feeding as the main process contributing to the environmental impacts for 3 main impact categories is: AP: 81-83%, EP: 97-98%, GWP: 63-70%.
- It concluded that the environmental impact of the product (CPPL) per kg produced by the Hosoya composting plant is lower than that of chemical fertilizers in the case of 9 of 11 impact categories (ADPe, ADPf, GWP, ODP, HTP, POP, FAETP,

- MAETP, TETP). In contrast the environmental impact of CPPL per kg of active ingredient (N, P₂O₅, K₂O) is higher than that of mono-element chemical fertilizers.
- It concluded that CPPL could be a suitable nutrient replenishment alternative in terms of environmental impact, assuming complex NPK nutrient replenishment. The environmental impact of CPPL production is lower than 7 out of 11 impact categories (ADPe, ADPf, HTP, POP, FAETP, MAETP, TETP) and for two impact categories similar (GWP, ODP) to the combined environmental impact of producing CPPL equivalent N, P₂O₅ and K₂O fertilizers. Thus, CPPL can meet the EU Green Deal goal to reduce the use of fertilizers.
 - It determined that, although the environmental impact of CPPL production is higher for N, P₂O₅ and K₂O active ingredients separately, but when nitrogen, phosphorus and potassium fertilizers are applied together, maize fertilized with CPPL already has a lower environmental impact based on 10 out of 11 impact categories (ADPe, ADPf, AP, EP, GWP, POP, HTP, FAETP, MAETP, TETP) compared to the applications of NPK combinations (e.g. GWP by 30-34%).
- It was determined for the winter wheat scenario also, that assuming the use of complex fertilizer combinations (containing N, P₂O₅ and K₂O active ingredients), a feed crop with lower environmental impact could be cultivated with the application of CPPL in the case of 7 impact categories (ADPe, ADPf, GWP, POP, HTP, MAETP, FAETP) out of 11 (e.g. 11-14% for GWP).

A MONOSZEX IKRÁS PONTYÁLLOMÁNYOK (CYPRINUS CARPIO L.) KIALAKÍTÁSA ÉS TELJESÍTMÉNYÉNEK VIZSGÁLATA AZ INTENZÍV TERMELÉS TÜKRÉBEN

KOVÁCS LÁSZLÓ
Debreceni Egyetem
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
Témavezető: Bársony Péter PhD

A jelölt olyan tartástechnológiai és biotechnológiai intenzifikálásra irányuló módszereket tesztelt, amelyeknek átfogó célja a hagyományos 3 év alatt előálítható piaci méretű ponty termelési ciklusának lerövidítése 2 évre. A módszerek során vizsgálatot végzett monoszex ikrás pontyállományok kialakítására úgy, hogy ivadékkorban hőmérsékleti kezeléseket alkalmazott. Vizsgálta továbbá az intenzív és extenzív tartástechnológiák esetében az ikrások és tejesek növekedését és húskihozatali eredményeit. Tesztelt egy, a gyakorlat számára hasznosítható időnyen kívüli pontyszaporítást, utána kombinált intenzív–extenzív nevelést, különböző tógazdasági nevelési és takarmányozási stratégiák mellett.

Eredményei alapján a következő megállapításokat tette:

- Ivardifferenciálódás előtt (40 nap) és ivardifferenciálódás alatt (40-85 nap) a vizsgált hőmérsékleti tartományokban az ivararány az 50-50%-tól nem tért el. A 40 napos korrig vizsgált hőmérsékleti tartományok a 22, 25 és 29 Celsius

fok, 40-85 napok között 24, 28 és 32 Celsius fok voltak. Mindkét vizsgálati szakaszban a magasabb hőmérsékleten (a 29, illetve 32 fokon) a halak standard testhossza rövidebb volt. Egyéves korra ez a különbség megmarad, emellett a halak szignifikánsan ($p < 0,05$) alacsonyabb testtömegűek is voltak.

Az ivardifferenciálódás előtti hőmérsékleti kezelések mindegyike esetében egyéves korban az ikrások nagyobb testtömegűek voltak, és kisebb GSI index (%) értékkel rendelkeztek, mint a tejesek. Az ivardifferenciálódás alatti kezelések viszont a két ivar testtömege között nem mutattak eltérést, ellenben a GSI index % esetében az ikrások ugyanúgy, mint az előző kísérletben, szignifikánsan kisebb értéket értek el.

- Vegyesivarú pontyállományban intenzív és extenzív tartástechnológia esetén az ikrások nagyobb arányban fordulnak elő a nagyobb súlykategóriában, mint a tejesek.
- Intenzív és extenzív tartástechnológiában a két ivar húskihozatali aránya nem különbözik.

GROWTH PERFORMANCE OF MONOSEX FEMALE CARP (*CYPRINUS CARPIO L.*) STOCKS IN INTENSIVE PRODUCTION

LÁSZLÓ KOVÁCS

University of Debrecen

Doctoral School of Animal Sciences

Supervisor: Péter Bársony PhD

The candidate has tested different keeping and biotechnological intensification methods at common carp. The overall aim of his study is to shorten the conventional 3-year market size common carp rearing period to 2 years. The methods included an experiment of monosex female carp stocks by applying temperature treatments at various larval stages. He also investigated the growth and meat yields of female and male carps under intensive and extensive rearing technologies. He tested a practical out-of-season common carp artificial propagation method combined with an intensive and extensive rearing period with different pond management and feeding strategies.

Based on his results, he made the following statements:

- Before (40 days) and during (40-85 days) the period of sex differentiation, the sex ratio did not differ from 50-50% in the temperature ranges studied. The temperature ranges tested up to 40 days of age were 22, 25 and 29 degrees Celsius, and between 40 and 85 days of age were 24, 28 and 32 degrees Celsius. At both test stages, the standard length of the fish was shorter at the higher temperatures (29 and 32 degrees Celsius). At one year old fishes, this difference remained, and they also had significantly ($p < 0.05$) lower body weights.

For all temperature treatments at the experiment before the sex differentiation, at one year of age, females have higher body weights and lower GSI index % than males. However, the treatments during sex differentiation did not show any

difference in body weight between the two stocks, whereas the GSI index % was significantly lower in the case of the females.

- In mixed common carp stocks under intensive and extensive rearing technologies, the proportion of female individuals in the higher weight category was higher than in the male category.
- Intensive and extensive rearing technologies do not differ in the meat yield of the two stocks.

A KÁRPÁT-MEDENCÉBEN TALÁLHATÓ VADDISZNÓ (*SUS SCROFA*) ÁLLOMÁNYOK POPULÁCIÓDINAMIKAI VIZSGÁLATA, KÜLÖNÖS TEKINTETTEL AZOK EREDETÉRE, GENETIKAI DIVERZITÁSÁRA ÉS FÖLDRAJZI ELKÜLÖNÜLÉSÉRE

MIHALIK BENDEGÚZ

Debreceni Egyetem, Debrecen

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Témavezetők: Kusza Szilvia DSc, Stéger Viktor PhD

A jelölt a Kárpát-medencei vaddisznóállományok genetikai hátterét vizsgálta egy 13 markert tartalmazó mikroszatellita markerszett és egy 3 markert tartalmazó InDel markerszett használatával. Megállapította a magyarországi alpopulációk genetikai mutatóit, a méretüket, területi elhelyezkedésüket és az azokat meghatározó tényezőket. Kimutatta a populáció genetikai összetételét befolyásoló palacknyakhatás jelenlétét és a jelenlegi beszűkülést okozó események hiányát. Végül vad populáción is letesztelte egy hústermék-nyomonkövetésre kifejlesztett markerszett megbízhatóságát és pontosságát, majd lemérte a hazai vaddisznópopuláció hibridizáltsági fokát.

Eredményei alapján a következő megállapításokat tette:

- Megállapította a magyarországi vaddisznópopuláció genetikai változatosságának (7,62 allél/marker) és hibridizáltságának (2,84%) mértékét.
- Megállapította, hogy Magyarország vaddisznópopulációja két alpopulációra tagolódik (északkeleti ($n=147$) és az ország többi részére kiterjedő ($n=339$)), a határvonal feltételezhetően az utolsó jégkorszak és a vízrendezések maradványa, mivel a két alpopuláció keveredését gátló barrier nem található közöttük.
- Bebizonyította, hogy hazánkban is az általa használt STR markerszett segítségével egyedi azonosítás végezhető vaddisznókon legalább 99,79%-os pontossággal.
- Genetikai vizsgálatokkal kimutatta a hazai állományt érő múltbeli palacknyakhatás jelenlétét (SMM módszerrel 13/13, TPM módszerrel 13/11 markeren mutatkozik szignifikáns heterozigóta hiány, melyet a Wilcoxon-féle rangösszegteszt is megerősített, $SMM=0,00006$; $TPM=0,00201$), illetve a jelenlegi genetikai beszűkülést okozó események hiányát.
- Vad populációban is leellenőrizte és bebizonyította egy korábban kifejlesztett InDel hibridizációs markerszett megbízhatóságát (85,5%-os pontossággal) és szükségességét a széles körben alkalmazott módszerek (MC1R és NR6A1) mellett.

**POPULATION DYNAMICS STUDIES OF WILD BOAR (*SUS SCROFA*)
POPULATIONS IN THE CARPATHIAN BASIN, ESPECIALLY THEIR ORIGIN,
GENETIC DIVERSITY AND GEOGRAPHIC ISOLATION**

BENDEGÚZ MIHALIK

University of Debrecen, Debrecen

Doctoral School of Animal Science

Supervisors: Szilvia Kusza DSc, Viktor Stéger PhD

The candidate investigated the genetic background of wild boar populations in the Carpathian Basin using a microsatellite marker set containing 13 markers and an InDel marker set containing 3 markers. He established the genetic indicators of Hungarian subpopulations, their size, geographical distribution and the determining factors. He demonstrated the presence of bottleneck effect affecting the genetic composition of the population and the absence of current events. Finally, he also tested the reliability and accuracy of a marker set developed for meat product tracking on a wild population, and then measured the degree of hybridization of the population.

Based on his results, he made the following conclusions:

- He determined the degree of genetic difference (7.62 allele/marker) and the hybridization rate (2.84%) of the Hungarian wild boar population. Compared to other European studies, both values are within the previously established range.
- He found that the wild boar population of Hungary is divided into two subpopulations (north-east $n=147$, rest of the country $n=339$). The boundary line is presumably the remnant of the last ice age and water management, as there is no significant barrier between the two subpopulations.
- He proved that with the STR marker set we used in Hungary, individual identification can be performed on wild boars with a minimum of 99,79% accuracy.
- By genetic studies he have shown the presence of a bottleneck effect (significant heterozygote deficiency in 13/13 markers using SMM method, and in 13/11 markers with TPM method which was also confirmed by the Wilcoxon rank sum test (SMM=0.0006; TPM=0.00201)), and the absence of current genetic shrinkage events in the Hungarian wild boar population.
- He tested and proved the reliability of the previously developed InDel hybridization marker set in the wild boar population, and also determined its necessity in addition to the widely used methods (MC1R and NR6A1). The accuracy of 85.5%, together with a false negative result of only 1% gives game managers the means to perform highly reliable genetic testing on wild boars much faster and at a lower cost than before.

A TEJ MIKROBIOLÓGIAI MINŐSÉGÉRE HATÓ TÉNYEZŐK VIZSGÁLATA ÉS A TEJBŐL IZOLÁLHATÓ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* TÖRZSEK JELLEMZŐINEK ELEMZÉSE

SZABÓNÉ PETRÓCZKI FLÓRA MÁRIA

Debreceni Egyetem, Debrecen

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Témavezetők: Peles Ferenc Árpád PhD, Béri Béla CSc

A Jelölt a fajtának, a laktáció stádiumnak, a laktáció számnak és az évszaknak a tej mikrobiológiai minőségére gyakorolt hatását, valamint a vizsgálatba bevont hét tejtermelő telepen a *Staphylococcus aureus* előfordulását vizsgálta, továbbá feltérképezte a tejből izolálható törzsek jellemzőit. A mikrobiológiai vizsgálatok (összcsíraszám, kóliform szám, *S. aureus* szám meghatározása) mellett a tejmintákból izolált *S. aureus* törzsek tulajdonságainak vizsgálata volt a cél; többek között a hemolizin termelő képesség, az antibiotikum érzékenység, az enterotoxin termelő képesség és az *spa* típus meghatározása. Az Állattenyésztési Teljesítményvizsgáló Kft. által havonta vett tejminták vizsgálati eredményeiből származnak két telep egyedeinek napi tejmennyiségére, tejük zsír- és fehérjetartalmára, szomatikus sejtszámára vonatkozó adatok.

Az eredmények alapján a következő megállapításokat tette:

- A különböző szarvasmarha fajták (holstein-fríz, jersey) fajtajellegéből adódóan eltérő tejszír és tejfehérje tartalom nem vonja maga után a tej mikrobiológiai állapotának változását azonos tartási körülmények esetén.
- Egy hazai nagyüzemi tejtermelő telepen végzett vizsgálatok eredményei alapján nem mutatkozott különbség az összcsíraszámokban az első laktációs teheneiktől vett tejminták és a többször ellett teheneiktől vett tejminták között.
- A tejtermelő tehének laktációjának különböző stádiumából vett tejmintákban nem volt különbség az összcsíraszám és a kóliform baktériumok telepszámait illetően két tejtermelő telep egyikében sem.
- Egy magyarországi nagyüzemi tejtermelő telep esetében a *S. aureus* törzsek 83%-ára β -hemolízis és penicillin G rezisztencia volt jellemző. Egy másik telep esetében a törzsek 81%-ára α és β -hemolízis jellemző, továbbá valamennyi törzs érzékeny volt a cefoxitinre, klóramfenikolra, klindamicinre, eritromicinre, gentamicinre, penicillin G-re, tetraciklinre, trimetoprim/szulfametoxazolra.
- A tejtermelő telep esetében a *S. aureus* törzsek 67%-ára t164 *spa* típus és a *seg*, *sei*, *selm*, *seln*, *selo* enterotoxint kódoló gének hordozása volt jellemző. Egy másik telep esetében a törzsek 87%-ára t267 *spa* típus volt jellemző és egyik törzs sem hordozott klasszikus enterotoxint kódoló géneket, illetve *seg*, *seh*, *sei*, *sej*, *selm*, *seln*, *selo*, *ser* géneket.

INVESTIGATION OF FACTORS AFFECTING THE MICROBIOLOGICAL QUALITY OF MILK AND ANALYSIS OF CHARACTERISTICS OF *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* STRAINS ISOLATED FROM MILK

FLÓRA MÁRIA SZABÓNÉ PETRÓCZKI
University of Debrecen, Debrecen
Doctoral School of Animal Science
Supervisors: Ferenc Árpád Peles PhD, Béla Béri CSc

The effect of breed, lactation stage, lactation number and season on the microbiological quality of milk and the occurrence of *Staphylococcus aureus* in seven dairy farms involved in this study were examined in the thesis. The characteristics of strains isolated from milk were determined. In addition to the microbiological tests (determination of total plate count, coliform count, *S. aureus* count), the aim was to investigate the characteristics of *S. aureus* strains isolated from the milk samples; including determination of hemolysis type, antibiotic resistance, enterotoxin gene producing ability, and *spa* type. Data on the daily milk yield, milk fat and protein content, and somatic cell count of the individual cows in two farms were collected from the results published by the Állattenyésztési Teljesítményvizsgáló Ltd..

The following results were obtained:

- Different fat and protein contents in milk due to the varietal characteristics of different cow breeds (Holstein Friesian, Jersey) do not lead to a change in the microbiological quality of the milk under the same housing conditions.
- Based on the results of the tests carried out in a Hungarian large-scale dairy farm, there was no difference in the total plate count between the milk samples collected from the primiparous cows and the milk samples collected from multiparous cows.
- There was no difference in the microbiological quality of milk samples collected from different stages of lactation of dairy cows, in terms of total plate count and coliform count in the case of the two tested dairy farms.
- In the case of a large-scale dairy farm in Hungary, 83% of the *S. aureus* strains showed β -hemolysis and had penicillin G resistance. In the case of an other farm, 81% of the strains showed α and β -hemolysis and were sensitive to cefoxitin, chloramphenicol, clindamycin, erythromycin, gentamicin, penicillin G, tetracycline, and trimethoprim/sulphamethoxazole.
- In the case of the dairy farm, 67% of the *S. aureus* strains had t164 *spa* type and harboured five *se* and *sel* genes (*seg*, *sei*, *selm*, *seln*, *selo*). In the case an other farm, 67% of the strains had t267 *spa* type and did not harbour classical enterotoxin-encoding genes or *seg*, *seh*, *sei*, *sej*, *selm*, *seln*, *selo*, *ser* genes.

PRE- ÉS PROBIOTIKUS TAKARMÁNYKIEGÉSZÍTŐK HATÁSÁNAK KOMPLEX ÉRTÉKELÉSE BROJLERCSIRKE KÍSÉRLETEKBEN

SUCH NIKOLETTA AMANDA

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Georgikon Campus, Keszthely
Festetics Doktori Iskola
Témavezető: Dublecz Károly CSc

A doktori munkám során két állatkísérletet végeztem, és különböző probiotikumok és prebiotikumok hatását vizsgáltam Ross 308 brojlercsirkékkel. Az első kísérletben két egytényezős probiotikumot, a *Lactobacillus farciminit*, a *Clostridium butyricumot*, valamint búzakorpa etetésének hatását vizsgáltam egyenként és kombinálva. A kísérlet során vizsgáltuk a termelési eredményeket, a bél morfológiai paramétereit, a jejunális hasnyálmirigy enzimaktivitását, a vakbél illózsírsav mennyiségét, pH változását, valamint vakbél mikrobióta összetételét, továbbá az ürülék néhány jellemzőjét. A második kísérletben a kukorica-szója alapú kontrolltáp mellett egészséges tojótyúkوك vakbéléből izolált baktériumkultúra (Broilact), szimbiotikum kezelés (*Bacillus subtilis*, *Saccharomyces cerevisiae*, inulin), valamint búza alapú és búzakorpával kiegészített táp hatásait vizsgáltam. A Broilact-ot csak a kelést követő 1. és 2. napon alkalmaztuk, míg a többi kezelést a teljes termelési ciklus alatt. A második kísérletben a termelési tulajdonságok mellett a csirkék életkorának függvényében a bél mikrobióta fejlődésének dinamikáját is vizsgáltuk a csípőbél-tartalomból, a csípőbél nyálkahártyájából és a vakbél-tartalomból.

Az első kísérletben egyik kezelés sem befolyásolta a termelési paramétereket. A búzakorpa azonban kis mértékben befolyásolta a bélmorfológiai paramétereit, mind az csípőbélben, mind a vakbélben megnövelte a kripta mélységét és az izomréteg vastagságát. A probiotikus takarmány-adalékanyagok, a búzakorpa vagy ezek kombinációja nem befolyásolta szignifikánsan a éhbélben a tripszin, a lipáz és az amiláz aktivitását. Hasonlóképpen, a kezelések nem változtatták meg a vakbél-tartalom SCFA-összetételét és pH-ját. Az csípőbél és a vakbél *Lactobacillus* száma, valamint a vakbél coliform baktérium tartalma nem változott, de az új generációs 16S rRNS szekvenálási technikával valószínűleg először sikerült kimutatni, hogy a búzakorpa növelheti az *Akkermansia* nemzetség gyakoriságát a brojlercsirkék vakbelében. Mindkét probiotikum kezelés növelte a ürülék szárazanyag-tartalmát és a bélsár-N arányát, míg a búzakorpa jelentősen csökkentette az $\text{NH}_4\text{-N}$ mennyiségét. Emellett a takarmány búzakorpa kiegészítése növelte az ureolitikus baktériumok számát, és ez megnövelte a trágyából az ammónia felszabadulásának dinamikáját.

Második kísérletünkben bebizonyítottuk, hogy az emésztőkészülék bakterióta összetételét leginkább a mintavételi hely és a csirkék életkora befolyásolja. Az takarmány hatások kisebbek voltak, és többnyire az első héten voltak kimutathatók. A bakteriális diverzitás növekedése a madarak életkorával folyamatosan nőtt, kivéve a csípőbél béltartalom esetén, ahol a harmadik hét végén érte el a maximumát. A meghatározó törzs minden bélszakaszban és korosztályban a *Firmicutes* volt. Az életkor hatásai mellett csak a csípőbél nyálkahártyájában lévő *Cyanobacteria*-t és a vakbél-tartalomban a *Lentisphaerae*-t érintették a takarmány kezelések. Az első esetben a szimbiotikum, a vakbélben pedig a búza alapú kezelés okozott szignifikánsan nagyobb gyakoriságot az említett törzsek esetén.

A nemzetség szintjén három esetben, a csípőbél tartalmában az *Enterococcus* (Broilact és szimbiotikum) és a *Bacillus* (szimbiotikum) nemzetségek, a vakbélben a *Ruminoclostridium_5* (búza) nemzetség mutattak szignifikáns növekedést. Az életkor mindhárom mintavételi helyen erőteljesebb hatással volt a baktérióta összetételére. Ebben a kísérletben az ürülék szárazanyag-tartalma szignifikánsan megnőtt a búza alapú búzakorpa kiegészítést fogyasztó takarmányozási csoport esetében. Annak ellenére, hogy a búzás kezelés növelte a vizelet N arányát az ürülékben, a szimbiotikum kezelés mintái esetén jegyezzük fel a legintenzívebb NH_3 felszabadulást a kezdeti időpontokban. A búzás kezelés esetén az ürülékből való NH_3 felszabadulás dinamikája lassabb volt. Ennek oka vélhetően az ureolitikus baktériumok eltérő aránya lehet a két kezelés között.

COMPLEX EVALUATION OF PRE- AND PROBIOTIC FEED ADDITIVES IN BROILER CHICKENS

NIKOLETTA AMANDA SUCH

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Georgikon Campus,
Keszthely

Festetics Doctoral School

Supervisor: Károly Dublicz CSc

In the frame of the dissertation two animal trials have been carried out and the effects of different probiotics and prebiotics was investigated with Ross 308 broiler chickens. In the first trial two single probiotics, *Lactobacillus farciminis*, *Clostridium butyricum* and the effects of feeding wheat bran were studied alone and in their combinations. In this experiment production traits, gut morphology, jejunal pancreatic enzyme activity, the microbiota composition of the caeca and some characteristics of the excreta were determined.

In the second trial beside a corn-soybean based control diet the effects of a bacterial culture, isolated from the caeca of healthy laying hens (Broilact), a symbiotic treatment (*Bacillus subtilis*, *Saccharomyces cerevisiae*, inulin) and wheat based and wheat bran supplemented diets were evaluated. Broilact was used only at day 1 and 2, while the other treatments throughout the whole production cycle. In the second experiment beside the production traits, the development of the gut microflora with age of chickens was evaluated from the samples of ileal digesta, ileal mucosa and caecal contents.

None of the treatments affected the production traits in the first experiment. On the other hand, wheat bran modified gut morphology, increased both in the ileum and caecum the crypt depths and the muscle layer thickness. None of the probiotic feed additives, wheat bran or their combination had significant effect on the trypsin, lipase and amylase activity of the jejunal chyme. Similarly, treatments failed to modify the SCFA composition and pH of the caecal contents. The *Lactobacillus* counts of ileum and caecum and the coliform bacteria content of the caeca was not changed, but using the new generation 16S rRNA sequencing technique we could detect probably first time that wheat bran can increase the abundance of genera *Akkermansia* in the caeca of the broiler chickens. Both probiotic bacteria

treatments increased the dry matter content and the ratio of faecal N of excreta, while wheat bran decreased significantly the amount of $\text{NH}_4\text{-N}$. Beside that, wheat bran supplementation of diets increased the number of ureolytic bacteria and this was increased the speed of ammonia emission from the manure.

In our second trial we could prove, that the bacteriota composition of the digestive tract is influenced mostly by the sampling places and by the age of chickens. Dietary effects were smaller and could have been detected mostly in the first week. The increase of bacterial diversity increased with the age of birds continuously except the ileal content where it reached the plateau at the end of the third week. The determinant phylum in all gut segments and age categories was *Firmicutes*. Beside the age effects only *Cyanobacteria* in ileal mucosa and *Lentisphaerae* in caecal content was affected by dietary treatments. In the first case the symbiotic and in the caeca the wheat treatment caused significantly higher abundance. Regarding genus level, in the ileal gut content *Enterococcus* (Broilact and symbiotic) and *Bacillus* (symbiotic), in caeca *Ruminiclostridium_5* (wheat) showed significant increase. Age had more pronounced effects on the bacteriota composition in all three sample places. In this trial excreta dry matter content was increased significantly when wheat-based diets were fed. In spite wheat treatment increased the urinary N ratio of excreta the quickest NH_3 emission was registered in the symbiotic samples. The dynamics of the emission from the excreta of wheat treatment was slower. The reason for that could be different ratio of the ureolytic bacteria between the two treatments.

TAKARMÁNYOZÁSI MÓDSZEREK HATÉKONYSÁGÁNAK VIZSGÁLATA A SERTÉSHÍZLALÁSSAL ÖSSZEFÜGGŐ AMMÓNIAEMISSZIÓ CSÖKKENTÉSÉRE

GEICSNEK-KOLTAY ILONA ANNA

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Georgikon Campus, Keszthely
Festetics Doktori Iskola

Témavezető: Dublecz Károly CSc

A gazdasági haszonállatok fehérje-értékesítésének hatékonysága nagyon fontos, hisz a fehérjekomponensek a takarmányok legdrágább összetevői, az Európai Unió pedig nem önellátó belőlük. Mivel a takarmányfehérje hasznosulása hatással van az állatok N ürítésére, így a fehérje takarmányozás szorosan összefügg az állatitermék-előállítás környezetvédelmi vonatkozásaival. Egy nemrégiben készült hazai tanulmány szerint az ammóniaemisszió 70%-a az állattenyésztéshez köthető Magyarországon, melyből a sertéságazat 21%-ért felelős. Az EU levegőminőségének javítása érdekében kidolgozták a 2016/2284 irányelvet, mely az egyes légköri szennyező anyagok nemzeti kibocsátásának csökkentését célozza meg. E szerint, a tagállamoknak el kell érniük bizonyos csökkentési értékeket. Hazánkknak ez 2030-ra 32%-os ammónia emisszió csökkentést jelent, a 2005-ös bázisához képest.

Disszertációm keretében meghatároztuk a hízósertések N-forgalmi paramétereit és értékeltük a genotípus, a kisebb nyersfehérje-tartalmú tápok, egyes, N-forgalomra

kedvező hatású alapanyag, vegyület (Ca-benzoát, szárított répaszelet) valamint a nagyobb számú hízalási fázis alkalmazásának hatásait. Az előbb ismertetett tényezők elemzéséhez három kísérletet állítottunk be az egyetem kísérleti sertéstelepén.

Eredményeinkből arra lehet következtetni, hogy a hízósertések N- és TAN-ürítésének csökkentésére számos takarmányozási lehetőség áll a rendelkezésünkre. Ezen lehetőségek közül vizsgálataink alapján a kristályos aminosavakkal kiegészített, nyersfehérje csökkentett tápok etetése a leghatékonyabb. Eredményeink lehetővé teszik, a fehérjecsökkentett tápok hatásának figyelembevételét a hízó sertések N- és TAN ürítésére vonatkozóan. Az általánosan alkalmazott és elfogadott, 1%-os táp fehérjecsökkentésre jutó 10%-os N- és TAN ürítés csökkentés a Danbred hízókra elfogadható, bár az egyes súlykategóriák ürítési értékei között lényeges különbségek vannak. A „B” genotípusba tartozó Nagyfehér hízóknál azonban az 1%-os táp fehérje csökkentés 20%-os ürítés csökkentést eredményez. Ennél a genotípusnál a 1,5%-ot meghaladó csökkentés már kisebb, 10%-os N-ürítés csökkenést okoz. Kísérleti körülmények között, kizárólag a N-forgalmi paramétereket vizsgálva, a takarmányok fermentálható rosttartalmának emelése is hatásos módszer, azonban ilyenkor a tápanyagok emészthetősége csökken, ami ronthatja a fajlagos mutatókat. A répaszelet és más fermentálható rostban gazdag takarmányok hatását tehát érdemes lenne gyakorlati körülmények között, hízalási kísérletek során tesztelni, annak érdekében, hogy lássuk, hogyan befolyásolja a termelési paramétereket. A tápok fermentálható rosttartalmának ammónia emissziót csökkentő hatásának figyelembevételére jelenleg nem áll rendelkezésre elegendő információ. A benzoosav hatása 0,5%-os bekeverési arányban nem elegendő a vizelet pH megváltoztatásához. Fontos eredménynek tekinthető, hogy a fehérjecsökkentett tápok etetése, a benzoosav kiegészítés és a répaszelet etetése között nincs érdemi kölcsönhatás akkor, ha a kezeléseket együtt végezzük. A jelenleg hazánkban leggyakrabban alkalmazott fázisszámhoz képest több hízalási fázis alkalmazása esetében a termelési paraméterek befolyásolása nélkül csökkenthető az állatok N-felvétele. Ez ugyan többlet logisztikai költségeket generálhat, azonban a fajlagos takarmányköltség csökkenés miatt gazdaságilag akár kifizetődő is lehet. Ebben az esetben is érdemes lenne azonban nagyobb állatlétszámokkal, telepi körülmények között is megismételni a vizsgálatokat, mivel így kiderülhetne, hogy „ár-érték arányban” megéri-e a módszer használata. Az említett módszerek hatékonyságvizsgálatával kapcsolatban fontos megjegyezni, hogy a kísérletek ismétlése, nagyobb elemszámmal való elvégzése, gyakorlati körülményekhez való adaptálása, valamint telepi vizsgálatok elvégzése rendkívül fontos feladat. Ennek ellenére eredményeink nagy segítséget nyújthatnak a hazai ammónia emissziós helyzetkép pontosításához és ahhoz, hogy elkészülhessen a magyar nemzetspecifikus ammónia emissziós leltár. Kísérleteink során ugyanis meghatároztuk a Magyarországon általánosságban használt genetikák N-forgalmi paramétereit a hazai gyakorlatban alkalmazott súlykategóriákban. A vizsgálataink során kapott adatok rávilágítanak arra, hogy a leltárszámításakor érdemes lenne a különböző genotípusokat figyelembe venni, a súlykategóriákat pedig tovább bontani a hízósertések N- és TAN ürítésének számításakor. Szükséges lenne továbbá a hazai Takarmánykódex ajánlásainak felülvizsgálata, mivel a ma érvényben lévő változat 2004-es kiadású. Ennyi idő alatt akkora fejlődés történt mind a tudomány, mind a gyakorlat terén, hogy az újítás elkerülhetetlen és égető kérdés véleményem

szerint. Fontos ugyanis, hogy a gazdálkodók számára ne csak a takarmányos és tenyésztő cégek által megfogalmazott ajánlások, hanem független iránymutatások is rendelkezésre álljanak.

EVALUATION THE EFFICIENCY OF NUTRITIONAL METHODS TO DECREASE THE AMMONIA EMISSION OF PIG FATTENING

ILONA ANNA GEICSNEK-KOLTAY

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Georgikon Campus,

Keszthely

Festetics Doctoral School

Supervisor: Károly Dublicz CSc

The efficiency of protein utilization of farm animals is important because protein-rich feedstuffs are the most expensive components of diets, and the countries of the European Union are not self-sufficient. Since the utilization of dietary protein affects the nitrogen excretion of farm animals, protein nutrition is closely related to the environmental aspects of animal production. Recent studies in Hungary shows, that animal husbandry accounts about 70 percent of the total NH₃ emission, and pig farming takes about 21 percent of this. To improve air quality in the EU, the Directive 2016/2284 has been developed to reduce the national emissions of certain atmospheric pollutants. According to this, the member states must reach certain reduction. In Hungary after 2030, 32 percent reduction in ammonia emissions is expected compared to that of 2005.

In the frame of this dissertation the N-balance parameters of fattening pigs was determined and the effects of genotype, feeding low protein (LP) diets, using different feed additives and different fattening phases evaluated. Three trials have been carried out at the university research farm.

From our results, it can be concluded that there are many feeding options available to reduce N and TAN excretion in fattening pigs. Based on our tests, among these options, feeding diets with reduced crude protein supplemented with crystalline amino acids is the most effective. Our results make it possible to clarify the effect of feeding protein-reduced feeds on the excretion of N and TAN in fattening pigs. The generally applied and accepted 10% N- and TAN excretion reduction per 1% dietary protein reduction is acceptable for Danbred fattening pigs, although there are significant differences between the excretion values of each weight category. However, in the Large White animals, belonging to the "B" genotype, a 1% reduction in dietary protein results in a 20% reduction in excretion. For this genotype, a reduction exceeding 1.5 already causes a smaller, 10% reduction in excretion.

Increasing the fermentable fibre content of the diet is an effective method to decrease the urinary N excretion., but in this case the digestibility of the nutrients can also decrease. It would therefore be worthwhile to test the effect of sugar beet pulp and other feeds rich in fermentable fibre under farm conditions, during fattening experiments, in order to see how it affects production parameters. Currently, there is not enough information available to consider the effect of the fermentable fibre

content of feeds in reducing ammonia emissions. The effect of benzoic acid at a mixing ratio of 0.5% is not sufficient to change the pH of urine. It can be considered an important result that there is no meaningful interaction between the feeding of protein-reduced diets, the addition of benzoic acid and the feeding of sugar beet pulp when the treatments are used together.

In the case of using more fattening phases compared with the number of phases most often used in our country, the N intake of animals can be reduced without affecting the production parameters. Although this may generate additional logistics costs, it may even pay off economically due to the reduction of feed costs. However, it would be worth to repeat the tests with larger numbers of animals, also under farm conditions, because in this way it would be possible to find out whether the use of the method is plays off.

In relation to the efficiency test of the mentioned methods, it is important to note that repeating the experiments, performing them with more animals, adapting them to practical conditions and performing farm tests are extremely important. Nevertheless, I believe that our results provide a great help in clarifying the Hungarian ammonia emission situation and in order to improve the accuracy of the Hungarian ammonia emission inventory. During our experiments, we determined the N-balance parameters of the most common breeds, generally used in Hungary in the different live weight categories. The data obtained during our tests show that it would be worth to take the different genotypes into account when calculating the inventory, and to use more weight categories when calculating the N- and TAN excretion of fattening pigs.

It would also be necessary to review the recommendations of the Hungarian Feed Code, because the actual version was published in 2004, i.e. an 18-year-old work. During this time, there has been so much progress both the science and practice of pig fattening that innovation is inevitable. It is important for farmers not only to get recommendations from the feed manufacture and breeding companies, but also independent from recommendations/guidelines.

ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS

Főszerkesztő (Editor-in-chief): FÉBEL Hedvig (Herceghalom)

Társfőszerkesztő (Co-editor): MÉZES Miklós (Gödöllő)

Technikai szerkesztő (Technical assistant): SIPICZKI Bojana (Herceghalom)

Szerkesztőbizottság (Editorial board):

Elnök (President): HORN Péter (Kaposvár)

MANABE, N. (Japán),

HULLÁR István (Budapest),

SZABÓ Ferenc

ROSATI, A. (EAAP, Olaszország),

HUSVÉTH Ferenc (Keszthely),

(Mosonmagyaróvár),

ANTON István (Herceghalom),

KOMLÓSI István (Debrecen),

URBÁNYI Béla (Gödöllő),

BALOGH Krisztián (Gödöllő),

KOVÁCSNÉ GAÁL Katalin

WAGENHOFFER Zsombor

BODÓ Imre (Szentendre),

(Mosonmagyaróvár),

(Budapest),

DUBLECZ Károly (Keszthely),

MIHÓK Sándor (Debrecen),

ZSARNÓCZAI Gabriella (Szeged)

HIDAS András (Gödöllő),

PÓTI Péter (Gödöllő),

HOLLÓ István (Kaposvár),

RÁTKY József (Budapest),

Szerkesztőség: Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem Élettani és Takarmányozástani

(Editorial office): Intézet Takarmányozás-élettani csoport

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Institute of Physiology

and Nutrition Group of Nutrition physiology

2053 Herceghalom, Gesztenyés út 1.

mobil: (+36) 30 714 87 65, e-mail: sipiczki.bojana.nora@uni-mate.hu

A cikkeket kivonatolja a CAB International (UK) a CAB Abstracts c. kiadványban

The journal is abstracted by CAB International (UK) in CAB Abstracts

Felelős kiadó (Publisher): Bozzay Péter ügyvezető, HOI Nonprofit Kft.

HU ISSN: 0230-1814

A lap az Agrárminisztérium tudományos folyóirata

This is a scientific quarterly journal of the Ministry of Agriculture founded in 1952

(„Állattenyésztés”) by Prof. József Czakó

A kiadást támogatja (sponsored by): Agrárminisztérium

MTA Könyv- és Folyóiratkiadó Bizottsága

Megjelenik évente négyszer

A folyóiratokra a kiadónál fizethet elő az alábbiak szerint.

Előfizetési szándékát kérjük, jelezze az info@agrarlapok.hu címen, vagy az alábbi postacímen:

Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft., 1223 Budapest, Park u. 2.

A borítékra kérjük, írja rá: „Folyóirat-rendelés”.

Az előfizetési díjat a Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft. 10032000-00286662-00000017 számlaszá-

mára való utalással egyenlítheti ki. Az átutalás közlemény rovatában szíveskedjen a folyóirat és az

előfizető nevét feltüntetni. Előfizetési díj: 8500Ft/év

Bármely más információért forduljon bizalommal kollégáinkhoz a lenti elérhetőségek bármelyikén:

e-mail: info@agrarlapok.hu, telefon: 06-1/362-8100

Nyomta: Zemplén-Vektor Kft., 3900 Szerencs, Csalogány köz 5.