

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2020. 69. 2

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



› Húshasznú tehének hasznos élettartama

› Cikta juhok surlókor elleni genetikai rezisztenciája

› Szelekciós markerek magyar nagyfehér kocákban

› Automatizált flow citométer alkalmazhatósága

› 1% lenolaj hatása a pulykahús minőségére

› Insect protein in aquaculture

› Dry or liquid feed in piglets

TARTALOM - CONTENTS

<i>Szabó Ferenc – Márton Judit – Dáky Ildikó – Bene Szabolcs: Néhány tényező hatása a húshasznosítású tehenek hasznos élettartamára (Effects of some factors on longevity of beef cows).....</i>	91
<i>Kovács Endre – Tempfli Károly – Harmat Levente – Zenke Petra – Maróti-Agóts Ákos – Bali Papp Ágnes – Sáfár László – Gáspárdy András: A cikta juh hímvivarú részpopulációjának sur-lókor elleni genetikai rezisztenciája a mentesítési program másfél évtizedét követően (The genetic resistance to scrapie in male sub-population of cikta sheep after decade and a half of eradication program).....</i>	101
<i>Balogh Eszter – Dálnoki Anna Boglárka – Rózsa László – Rátky József – Zsolnai Attila – Anton István: Magyar nagyfehér kocák szaporasági értékmérőivel kapcsolt szelekciós markerek azonosítása (Association study between single-nucleotide polymorphisms and reproduction parameters in hungarian large white sows).....</i>	111
<i>Zsedely Eszter – Tempfli Károly – Turcsán Zsolt – Turcsán László – Schmidt János: A pulykahús táplálóanyag-tartalmának növelése, organoleptikus tulajdonságainak, valamint a hús feldolgozhatóságát befolyásoló tényezőknek a módosítása a takarmány lenolaj-kiegészítésével (Increasing nutrient value and influencing organoleptic characteristics and processing properties of turkey meat by dietary linseed oil supplementation).....</i>	124
<i>Toviho Odunayo A. – Kovács László – Bársony Péter: Insect-based protein nutrition in the aquaculture sector: potential, current situation and challenges (Rovarfehérje-alapú takarmányozás az akvakultúra-ágazatban: lehetőségek, jelenlegi helyzet, és kihívások).....</i>	142
<i>Nesz Péter – Nagyné Kiszlinger Henrietta: Effect of physical form of diet on piglets' performance after weaning (A takarmány fizikai állapotának hatása a választott malacok teljesítményére).....</i>	155
<i>Kovács Barnabás Mihály – Nagy Szabolcs Tamás: Automatizált flow citométeres klaszteranalízis spermatólógiai alkalmazhatósága (Applicability of flow cytometric automated cluster analysis in spermatology).....</i>	163
2019-ban sikeresen megvédett PhD disszertációk összefoglalói (2. rész) - Summaries of PhD dissertations in the year of 2019 (Part 2.).....	169

Címlap kép (Frontpage photograph)

“A halápi fighter” (Fotó: Kristóf István)

“Fighter from Haláp” (Photo: István Kristóf)

NÉHÁNY TÉNYEZŐ HATÁSA A HÚSHASZNOSÍTÁSÚ TEHENEK HASZNOS ÉLETTARTAMÁRA

SZABÓ FERENC - MÁRTON JUDIT - DÁKAY ILDIKÓ - BENE SZABOLCS

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők a húshasznú tehenek hasznos élettartamát, azaz az első ellés és a selejtezés között eltelt időt vizsgálták. Hereford, angus, magyar tarka, charolais, limousin és blonde d'aquitaine fajta-ba tartozó, összesen 1800 tehén adatát értékelték survival analízissel. Az eredmények szerint a fajta, a borjazási időszak, és a borjazási nehézség szignifikáns hatást gyakorolt a tehenek hasznos élettartamára. Ugyanakkor a tenyészet, a tehenek első ellési életkora, a borjú ivara és választási súlya nem befolyásolta a hasznos élettartamot. A hereford tehenek becsült hasznos élettartama (9,3 év) igazoltan a leghosszabb volt. Sorrendben az angus (8,1 év), a magyar tarka (7,9 év), a charolais (7,1 év) a limousin (5,9 év), végül a blonde d'aquitaine (5,2 év) következett. Azoknak a tehenekeknek, amelyek tavasszal, vagy nyáron borjaztak, a becsült várható hasznos élettartama hosszabb volt (7,2, ill. 6,9 év) és kisebb volt a korai selejtezésük kockázata, mint az ősszel (5,7 év), illetve a télen (5,1 év) borjazóké. Hosszabb a várható hasznos élettartama azoknak a tehenekeknek, amelyek segítség nélkül (6,2 év), vagy kis segítséggel borjaztak (6,9 év) azon társaikhoz képest, amelyek állatorvosi segítséggel ellettek (2,8 év), vagy holtellésük volt (4,6 év).

SUMMARY

Szabó, F. - Márton, J. - Dákay, I. - Bene, Sz.: EFFECTS OF SOME FACTORS ON LONGEVITY OF BEEF COWS

Longevity of a beef cow, defined as length of productive life from first calving to culling, is a complex trait of great importance, as it reflects the performance of her total herd life. The aim of this study was to estimate longevity of beef cows kept in Hungary. Data from 1800 cows belonging to Hereford, Angus, Simmental, Charolais, Limousin and Blonde d'Aquitaine breeds were estimated by proportional hazard (PH) model based on Cox regression. The results indicate effects of breed, calving season and calving difficulty on longevity ($p < 0.05$); however, herd, age of the cow at first calving, sex and weaning weight of their calves did not affect ($p > 0.05$) the length of productive life. Hereford had significantly longer (9.3 years) estimated longevity than Angus (8.1 years), Simmental (7.9 years), Charolais (7.1 years), Limousin (5.9 years) and Blonde d'Aquitaine (5.2 years). Cows that calved first in spring or summer were estimated to have longer productive life (7.2 years and 6.9 years) and less risk of early culling than those calving in autumn (5.7 years) and in winter (5.1 years). Longer productive life (6.2 years) was estimated for cows calving without assistance or with a little assistance (6.9 years) compared to those needing veterinary assistance (2.8 years) or having stillbirth (4.6 years).

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

Az utóbbi másfél évtizedben mind a tejhasznosítású, mind a húshasznosítású szarvasmarha állományokban a szelekciós munka középpontjában áll a tehenek élettartama. Az elmúlt időszakban ugyanis nemcsak a tej, hanem a húshasznosítású tehenek hasznos élettartama is csökkenő tendenciájú. A viszonylag fiatalabb korban történő tehenselejtezésnek számos oka lehet. A szezonális termékenyítés és elletés miatt számos tehén „kicsúszhat” a termékenyítési időszakból, vagy év végén nem vemhes, így azok selejtezésre kerülnek. Ugyancsak a korábbi selejtezésre ösztönözhet a fiatal selejt tehén kedvező ára, vagy a tehénlétszám növelésének korlátja. A szelekció hatékonyságának javítása érdekében az utóbbi években alkalmazott újabb módszerek, a genomika tenyésztékbecslés, kiegészülve a korszerű biotechnikai (embryo transfer) és biotechnológiai módszerek (ovum pick-up, *in vitro* fertilization) alkalmazásával oda vezettek, hogy a szarvasmarha generációs intervalluma az eredetinek, akár a harmadára is lecsökkenhet. Emiatt egyes tenyésztők kevésbé ragaszkodnak az idősebb tehenekhez.

A húshasznosítású tehenek hasznos élettartama, azaz az első elléstől a selejtezésig, kiesésig eltelt idő ugyanakkor fontos tulajdonság. Ha a hasznos élettartam hosszabb, a tehén által termelt jövedelem nagyobb, mivel az egységnyi produktív időtartamra, vagy a tehén egy borjára jutó felnevelési költség kisebb, mint a rövidebb élettartam esetén. Ezért fontos lenne, hogy a hasznos élettartam minél hosszabb legyen. Ezzel magyarázható az e tulajdonság javítására irányuló szelekció. Ugyanakkor hátrányként említhető, ha hosszabb a hasznos élettartam, hosszabb lesz a generációs intervallum, emiatt a szelekció során lassúbb lesz a genetikai előrehaladás. Hazánkban azonban ez a hátrány kevésbé jelentkezik, mert a zömmel külföldi fajtákból álló hazai húsmarha állomány érdemi szelekciója nem nálunk zajlik.

A hasznos élettartam tulajdonság öröklődhetősége meglehetősen gyenge, $h^2=0,02-0,26$ közötti (Snelling és mtsai, 1995; Tanida és mtsai, 1998; Vollema and Goren, 1998; Martinez és mtsai, 2004; Rogers és mtsai, 2004).

Nehezíti a szelekciót, hogy a hasznos élettartam teljesítményadat csak a tehén kiesése után, utólag áll rendelkezésünkre, vagyis az állat fiatal korában e tulajdonságát nem tudjuk értékelni. Emiatt csupán az ezzel kapcsolatban lévő tulajdonságokból következtethetünk a fiatal állat várható hasznos élettartamára. Tejhasznosítású állományokban végzett néhány vizsgálat eredménye arra utal, hogy a küllemi tulajdonságok alapján korán, viszonylag megbízhatóan becsülhető a tehenek várható hasznos élettartama (Vollema és mtsai, 2000; Larroque és Ducrocq, 2001). Az eredmények szerint a tejhasznosítású tehen, ha mérsékelt testtömegű, megfelelő tőgy- és láb alakulása volt, akkor általában hosszabb ideig maradt a termelésben, mint az olyan tehenek, amelyek e tulajdonságai kedvezőtlenek voltak (Boldman és mtsai, 1992; Ducrocq, 1994; Pasmaan és Reinhart, 1999; Larroque és Ducrocq, 2001). Húshasznosítású tehenállományokban kevesebb információ áll rendelkezésre a hasznos élettartammal kapcsolatban lévő tulajdonságokról. Forabosco és mtsai (2005) azt tapasztalta, hogy az állomány, illetve az évjárat valamint az izmoltság befolyásolta legnagyobb mértékben a chianina tehenek hasznos élettartamát. Rogers és mtsai (2004) arról számoltak be, hogy a korai selejtezés legfőbb kockázati tényezője a nehézellés.

Számos forrás szerint a hasznos élettartamban a fajták között is számottevő

különbség van. A hereford, az angus és a shorthorn között *Nunez-Dominguez* és *mtsai* (1991), a hereford és a kompozit fajták között *Arthur* és *mtsai* (1993), a hereford és az angus között *Tanida* és *mtsai* (1998), a hereford és a magyar tarka között *Nagy* és *Tózsér* (1988), a hereford, az angus, a charolais és a limousin között pedig *Dákay* és *mtsai* (2006), valamint *Szabó* és *Dákay* (2009) mutattak ki eltéréseket.

A várható hasznos élettartam becslésére különböző modellek állnak rendelkezésre (*Lagakos*, 1979; *Ducrocq*, 1994). A megbízható becsléshez a már selejtezett tehének adataira és a becsléskor még termelésben lévő tehének adataira egyaránt szükség van. Ezt figyelembe véve kerültek kifejlesztésre a várható hasznos élettartam, a túlélés becslésére a különböző modellek (*survival models*). Ezek közül a leggyakrabban használt a *Cox model* (*Cox regression for survival analyses*) (*Cox*, 1972; *Cox and Oaks*, 1984; *Ducrocq és mtsai*, 1998; *Ducrocq és Sölkner*, 1998).

A hazai szakirodalom meglehetősen hiányos a tekintetben, hogy a hústípusú tehének hasznos élettartamát milyen tényezők befolyásolják. Emiatt jelen munkánkban azt a célt tűztük ki, hogy hazai körülmények között értékeljük, vajon a tenyészet, a fajta, a borjú ivara, az első borjazás nehézsége, az első borjazási életkor, a borjazási időszak, és a borjú választási súlya kapcsolatban lehet-e a húshasznosítású tehének várható hasznos élettartamával.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Vizsgálatunkat a hazai húsmarha fajtaegyesületek adatbázisából gyűjtött adatok alapján végeztük. Értékeljük a magyar tarka, az angus, a hereford, a charolais, a limousin és a blonde d'aquitaine tehének várható hasznos élettartamát. A tehéneket a hazai gyakorlat szerint nyáron legelőn, télen egyszerűbb épületekben, vagy a szabadban zömmel szénán és silózott takarmányon tartották. A termékenyítések 85-90%-a természetes fedeztetéssel, 10-15%-a inszeminálással történt. A borjakat 6-7 hónapos életkoruk körül választották.

A vizsgálatban csak olyan tehének adatait elemeztük, amelyek pedigrével rendelkeztek, és róluk pontos feljegyzések álltak rendelkezésre. Fajtánként 300-300 tehenet véletlenszerűen választottunk ki az elemzéshez. A kiválasztott tehének 60%-át a már kiselejteztettek, 40%-a pedig a még termelésben állók tették ki.

A már kiselejtezett tehének hasznos élettartamát az első ellési és a selejtezés közötti időből számítottuk ki. A vizsgálatban a fajta, a tenyészet, az első borjazás időszaka, az első borjazás nehézsége és a borjú ivara kategorizált (paraméteres) változóként, a tehének első ellési életkora, hasznos élettartama és a borjak 205-napra korrigált választási súlya (továbbiakban 205-napos súly) pedig folytonos változóként (fix hatásként) szerepelt. A kategorizált változokról az 1. táblázat, a folytonos változokról a 2. táblázat ad áttekintést.

A hasznos élettartam becslését egy speciális, túlélési statisztikai programmal, a *Cox-regresszióval* (*Cox*, 1972) végeztük, amely a SPSS 14.0 statisztikai szoftver része. A *Cox-analízis* speciális túlélési regressziós modell, amely mind a paraméteres (kategorizált), mind a folytonos változókat egyidejűleg kezelni tudja. Alkalmos arra, hogy vele egy adott eseményt, esetünkben a tehen kiesését, selejtezését a kovariációk alapján modellezzük. A modellel értékelhetők azok a tényezők, amelyek a tehen élettartamára, selejtezésére kockázatot jelentenek.

1. táblázat

Az értékeléshez figyelembe vett kategorizált változók és megoszlásuk

Változók (1)	Osztályok (2)	Létszám (3)	%
Tenyészet (4)	12	1800	
Fajta (5)	6		
Első borjazás évszaka (6)	4		
- tavasz (7)			830
- nyár (8)		260	14,4
- ősz (9)		186	10,3
- tél (10)		524	29,1
Első borjazás nehézsége (11)	4		
- segítség nélkül (12)		1389	77,2
- kis segítséggel (13)		170	9,4
- állatorvosi beavatkozással (14)		21	1,2
- holtellés (15)		70	3,9
Első borjú ivara (16)	2		
- bika (17)		912	50,7
- üsző (18)		898	49,3

Table 1. Discontinuous variables studied for the effect on longevity

variables (1); classes (2); number (3); herd (4); breed (5); season of first calving (6); spring (7); summer (8); autumn (9); winter (10); level of calving difficulty at first calving (11); without assistance (12); with small assistance (13); with veterinary assistance (14); stillbirth (15); sex of calves (16); male (17); female (18)

Az általunk használt modell az első elléstől a selejtezésig eltelt idő és a kovariáló tényezők kapcsolatát a következő egyenlettel írja le:

$$h_i(t) = [h_0(t)]e^{b_0+b_1x_1+\dots+bnx_n}$$

ahol: $h_i(t)$ = az i -edik tehen selejtezésének valószínűsége „ t ” időpontban; $h_0(t)$ = a kockázat a „ t ” időpontban; $e = 2,7183$; n = a kovariánsok száma; b = a regressziós koefficiens értéke; x = a kovariáns értéke.

2. táblázat

Az értékeléshez figyelembe vett folytonos változók statisztikája

Tulajdonság (1)	Tehenek száma (2)	Átlag (3)	SE	Min	Max
Első borjazási életkor (év) (4)	1800	2,90	0,031	2,23	4,1
Hasznos élettartam (év) (5)		5,03	0,079	0,98	20,56
205-napos súly (kg) (6)		207,4	2,4	157,1	295,2

Table 2. Statistics of continuous variables studied for the effect on longevity

trait (1); number of cows (2); mean value (3); age at first calving (year) (4); longevity (year) (5); 205 day weaning weight (kg) (6)

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

A hasznos élettartamot befolyásoló tényezőket, azok szignifikanciáját, megbízhatósági értékét, valamint a regressziós együtthatóját a 3. táblázat foglalja össze. Az eredmények azt mutatják, hogy - a vizsgált adatbázis alapján - a fajta, a borjazás évszaka és az ellés módja szignifikáns ($p < 0,05$) hatást gyakorolt a becsült hasznos élettartamra, ugyanakkor a tenyészet, a borjú ivara és választási súlya, valamint az első ellési életkor hatása nem bizonyult statisztikailag igazolhatónak ($p > 0,05$).

3. táblázat

A hasznos élettartamot befolyásoló tényezők szignifikanciája, megbízhatósága, kockázata

Vizsgált tényezők (1)	Szignifikancia (2)	Megbízhatóság (3)	Relatív kockázat (4)
Tenyészet (5)	NS	0,01	0,002
Fajta (6)	$p < 0,05$	0,03	0,235
Első borjú ivara (7)	NS	0,89	0,008
Első ellés nehézsége (8)	$p < 0,05$	0,29	0,324
Első ellés évszaka (9)	$p < 0,05$	0,03	0,261
Első ellési életkor (10)	NS	0,00	0,056
205-napos súly (11)	NS	0,10	0,001

Table 3. Significance, reliability and hazard of factors effecting longevity

studied factors (1); significance (2); reliability (3); relative hazard (4); herd (5); breed (6); sex of calf (7); calving difficulty at first calving (8); season of first calving (9); age at first calving (10); 205 day weaning weight (11)

A Cox regresszióval becsült túlélési, azaz az állományban maradási hányad adatokat a 4., 5. és 6. táblázat tartalmazza. Az adatok egyfelől annak a valószínűségét jelzik, hogy az adott egyed a "t" időpontban, vagyis a táblázatban szereplő életkor tartomány végén még életben van. Másfelől arra utalnak, hogy adott, megközelítőleg azonos korú állománynak mekkora hányada áll még termelésben a jelzett időszak végén. Mindegyik táblázat oszlopai csökkenő adatsort tartalmaztak, vagyis az életkor előrehaladtával csökkent a kortárs állatok létszáma, és növekedett a kiesés, a selejtezés kockázata. Az adatok az előzőekkel összhangban azt is szemléltették, hogy a túlélési arány, vagyis az állományban maradási hányad fajtánként továbbá az első borjazás időszaka, valamint az első ellés nehézsége szerint különböző volt.

A 7. táblázat a becsült, várható hasznos élettartam adatokat mutatja a szignifikáns hatások szerint, azaz fajtánként, valamint az ellési nehézsége és évszaka szerint.

A fajtánkénti eredmények arra utaltak, hogy a hereford tehének becsült hasznos élettartama szignifikánsan hosszabb volt, mint a többi fajtáé. E tekintetben az angus, a magyar tarka, és a charolais egymáshoz hasonló, de a herefordénál valamivel rövidebb volt a becsült hasznos élettartamuk. A limousin és a blonde d'aquitaine bizonyult a legrövidebb hasznos élettartamúnak a Cox-regresszióval

4. táblázat

Az állományban maradási hányad fajta szerint

Életkor tartomány, év (1)	Fajta (2)					
	Magyar Tarka (3)	Hereford	Limousin	Blonde d'aquitaine	Aberdeen angus	Charolais
	Állományhányad az adott életkor tartomány végén (4)					
0-2	0,82	0,77	0,78	0,56	0,85	0,80
2-4	0,69	0,75	0,60	0,33	0,68	0,70
4-6	0,58	0,72	0,46	0,24	0,53	0,57
6-8	0,50	0,68	0,34	0,16	0,46	0,45
8-10	0,33	0,55	0,26	0,13	0,36	0,14
10-12	0,18	0,42	0,16	0,03	0,30	0,06
12-14	0,00	0,31	0,07	0,00	0,30	0,00
14-16	-	0,20	0,04	-	0,00	-
16-18	-	0,11	0,00	-	-	-
18-20	-	0,05	-	-	-	-

Table 4. Ratio of cows remaining in the herd by breed

age group category (1); breed (2); Hungarian Simmental (3); ratio of cows remaining in the herd until the end of the age category (4)

5. táblázat

Az állományban maradási hányad az első ellés évszaka szerint

Életkor tartomány, év (1)	Az első borjazás évszaka (2)			
	Tavaszi (3)	Nyár (4)	Ősz (5)	Tél (6)
	Állományhányad az adott életkor tartomány végén (7)			
0-2	0,76	0,88	0,74	0,72
2-4	0,65	0,71	0,62	0,55
4-6	0,55	0,55	0,48	0,45
6-8	0,47	0,44	0,39	0,35
8-10	0,39	0,30	0,23	0,23
10-12	0,32	0,13	0,12	0,13
12-14	0,25	0,07	0,02	0,03
14-16	0,20	0,07	0,00	0,03
16-18	0,12	0,00	-	0,00
18-20	0,00	-	-	-

Table 5. Ratio of cows remaining in the herd by season of first calving

age group category (1); season of first calving (2); spring (3); summer (4); autumn (5); winter (6); ratio of cows remaining in the herd until the end of the age category (7)

6. táblázat

Az állományban maradási hányad az első borjazás nehézsége szerint

Életkor tartomány, év (1)	Az első borjazás nehézsége (2)			
	Segítség nélkül (3)	Kis segítség (4)	Állatorvosi beavatkozás (5)	Holtellés (6)
	Állományhányad az adott életkor tartomány végén (7)			
0-2	0,80	0,88	0,55	0,72
2-4	0,62	0,70	0,35	0,50
4-6	0,49	0,60	0,25	0,37
6-8	0,38	0,49	0,18	0,30
8-10	0,29	0,39	0,15	0,23
10-12	0,20	0,30	0,12	0,13
12-14	0,25	0,07	0,00	0,08
14-16	0,20	0,07		0,00
16-18	0,12	0,00	-	-
18-20	0,00	-	-	-

Table 6. Ratio of cows remaining in the herd by difficulty of first calving

age group category (1); difficulty of first calving (2); without assistance (3); small assistance (4); veterinary assistance (5); stillbirth (6); ratio of cows remaining in the herd until the end of the age category (7)

történt becslés alapján. A fajták között e tekintetben kapott különbség hasonló *Nunez-Dominguez és mtsai (1991)*, *Tanida és mtsai (1998)*, *Nagy és Tózsér (1988)*, valamint *Dákay és mtsai (2006)*, *Szabó és Dákay (2009)* közléséhez, akik szintén szignifikáns különbséget kaptak az egyes fajták hasznos élettartamában. Az említett szerzők egy része a hereford hasznos élettartamát találta a leghosszabbnak, amely eredmény szintén megegyezik a jelen megállapításunkkal.

Azoknak a teheneknek, amelyek tavasszal, illetve nyáron borjaztak, hosszabb volt a hasznos élettartama, és kisebb volt a korai selejtezésük kockázata, mint azoké, amelyek más évszakban borjaztak. Ennek az lehetett az oka, hogy az év korábbi időszakában borjazók nagyobb eséllyel vemhesülnek a nyári fedezettési időszakban, mint azok, amelyek később borjaztak. A születési évszak hatásáról kevés a szakirodalmi közlemény áll rendelkezésre, azonban *Rogers és mtsai (2004)*, *Szabó és Dákay (2009)* arról számoltak be, hogy ez a tényező is befolyásolhatja a hasznos élettartamot.

A borjazás nehézségének hatását vizsgálva azt tapasztaltuk, hogy azoknak a teheneknek, amelyek segítség nélkül, vagy kis segítséggel borjaztak, hosszabb volt a hasznos élettartama, mint azoké, amelyeknek az ellésénél állatorvosi beavatkozásra volt szükség, vagy holt magzatot hoztak a világra. Ez az eredmény hasonló *Rogers és mtsai (2004)*, *Szabó és Dákay (2009)* megállapításaihoz, azaz a nehéz ellés és a holtellés kockázati tényezőnek tekinthető a hasznos élettartam szempontjából.

7. táblázat

A becsült, várható hasznos élettartam a szignifikáns hatások szerint

Befolyásoló, szignifikáns hatások (1)		Becsült hasznos élettartam (év) (2)
Fajta (3)	Magyar tarka (6)	7,9
	Hereford	9,3
	Limousin	5,9
	Blonde d'aquitaine	5,2
	Aberdeen angus	8,1
	Charolais	7,1
Első ellés nehézsége (4)	Segítség nélkül (7)	6,2
	Kis segítséggel (8)	6,9
	Állatorvosi beavatkozással (9)	2,8
	Holt ellés (10)	4,6
Első ellés évszaka (5)	Tavaszi (11)	7,2
	Nyári (12)	6,9
	Őszi (13)	5,7
	Téli (14)	5,1

Table 7. Estimated expected longevity according to the significant effects

significant effects (1); estimated longevity (year) (2); breed (3); calving difficulty at first calving (4); season of first calving (5); Hungarian Simmental (6); without assistance (7); small assistance (8); veterinary assistance (9); stillbirth (10); spring (11); summer (12); autumn (13); winter (14)

Összességében eredményeink és a mértékadó szakirodalmi források tükrében leszögezhető, hogy a fajta, a borjazás évszaka, és a borjazás nehézsége, illetve a tenyésztői döntés fontos tényezők lehetnek a hasznos élettartam szempontjából. Korábbi vizsgálatok (Cundiiff és mtsai, 1986) arra utaltak, hogy a borjazás nehézségében jelentős különbségek vannak az egyes fajták között. Mivel a nehézzelés a hasznos élettartam szempontjából kockázati tényező, valószínűleg részben e hatás a felelős a fajták közötti hasznos élettartam különbségért is. A borjazás évszakának hatása pedig minden bizonnyal a növendék üszők felnevelési gyakorlatával, és egyéb tenyésztői döntésekkel lehetett kapcsolatban.

KÖVETKEZTETÉSEK

Jelen vizsgálatunk eredményei szerint a húshasznosítású tehenek fajtája, a borjazás időszaka, és a borjazás nehézsége fontos tényező a tehenek hasznos élettartama szempontjából. Ezek kedvező alakulása esetén hosszabb, kedvezőtlen esetben pedig rövidebb hasznos élettartamra, korábbi selejtezésekre számíthatunk.

A vizsgálatok eredményei alapvetően alátámasztják a szakmai várakozásokat, nevezetesen a megválasztott fajtának igazodni kell a gazdaság agroökológiai adottságaihoz. Az is egyértelmű, hogy az igényesebb, nagyobb élısúlyú fajták a

hazai, döntően szuboptimális tartástechnológiai környezetben rövidebb hasznos élettartamot érnek meg.

Az ellés módja köztudottan befolyásolja a hasznos élettartam alakulását. A nehézellés egyrészt közvetlen oka lehet a selejtezésnek, de akár közvetett is, az elhúzódó involúció, így a fedeztetési ciklusból történő esetleges „kicsúszás” miatt.

A klasszikus húsmarhatenyésztési technológiában a tél végén, kora tavasszal történő elletés (fő elletési időszak) az ideális (a termékenyítési szezonokat is ehhez igazítjuk). Az ekkor született borjak választási súlya általában 10-15%-kal meghaladja a nyári időszakban (július-augusztus) született kortársakét. A tehének újravemhesülése szempontjából is előnyösebb a fő időszakban történő ellés, mivel a jó gyephozamú tavaszi legelők és a kedvező klimatikus tényezők együttes hatása a jobb fogamzási eredményekben is megmutatkozik. A nyáron (július-augusztus) ellett tehének a gyengébb fűhozam és a gyakori hőség miatt kondíciót veszítenek, ami a rosszabb újravemhesülésben, és a nagyobb selejtezési arányban is megmutatkozik.

Mivel a hasznos élettartam komplex és gazdasági szempontból fontos tulajdonság, különös figyelmet célszerű fordítani az előzőekben vázolt kockázati tényezőkre. Klasszikus húsmarhatenyésztési, tartási gyakorlattal, könnyebben ellő fajtába, vagy más genetikai csoportba tartozó tenyészbikák használatával, tavaszi elletés alkalmazásával, a tehének hosszabb hasznos élettartama remélhető, mint az említettektől nagyban eltérő gyakorlat esetén.

IRODALOMJEGYZÉK

- Arthur, P. F. - Makarechian, M. - Berg, R. T. - Weingard, R. (1993): Longevity and lifetime productivity of cows in a purebred Hereford and two multibred synthetic groups under range conditions. *J. Anim. Sci.*, 71. 1142-1147.
- Boldman, K. G. - Freeman, A. E. - Harris, B. L. - Kuck, A. L. (1992): Prediction of sire transmitting abilities for herd life from transmitting abilities for linear type traits. *J. Dairy Sci.*, 75. 552-563.
- Cox, D. R. (1972): Regression models and life tables. *J. R. Stat. Soc. B*, 34. 487-220.
- Cox, D. R. - Oakes, D. (1984): Analysis of survival data. Chapman and Hall, London, UK.
- Cundiff, L. V. - MacNeil, M. D. - Gregory, K. E. - Koch, R. M. (1986): Between and within genetic analysis of calving traits and survival to weaning in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 63. 27-33.
- Dákay, I. - Márton, D. - Bene, Sz. - Kiss, B. - Zsuppán, Zs. - Szabó, F. (2006): The age at first calving and longevity of beef cows in Hungary. *Arch. Tierz.*, 49. 417-425.
- Ducrocq, V. (1994): Statistical analysis of length of productive life for dairy cows of Normande breed. *J. Dairy Sci.*, 77. 855-866.
- Ducrocq, V. - Quaas, R. L. - Pollak, E. J. - Gasella, G. (1998): Length of productive life of dairy cows.1. Justification of a Weinbull mode. *J. Dairy Sci.*, 71. 3061-3070.
- Ducrocq, V. - Sölkner, H. (1998): The survival kit. V3.0. A package for large analysis of survival data. Proc. 6th World Cong. Genet. Appl. Livestock Prod., Armidale, Australia, 27. 447-448.
- Forabosco, F. - Bozzi, R. - Boettcher, P. - Filippini, F. - Bijuma, P. - Van Arendonk, J. A. M. (2005): Relationship between profitability and type traits and derivation of economic values for reproduction and survival traits in Chianina beef cows. *J. Anim. Sci.*, 83. 2043-2051.
- Lagakos, S. W. (1979): General right censoring and its impact on the analysis of survival data. *Biometrics*, 35. 139-156.
- Larroque, H. - Ducrocq, V. (2001): Relationship between type and longevity in the Holstein breed. *Genet. Sel. Evol.*, 33. 39-59.
- Martinez, G. E. - Koch, R. M. - Cundiff, L. V. - Gregory, K. E. - Van Vleck, L. D. (2004): Number of calves born, number of calves weaned, and cumulative weaning weight as measures of lifetime production for Hereford cows. *J. Anim. Sci.*, 82. 1903-1911.

- Nagy, N. - Tózsér, J. (1988): Biológiai típusok a húsmarhatenyésztésben. Vágóállat és hústermelés, 4. 1-7.
- Nunez-Dominguez, R. - Cundiff, L. V. - Dickerson, G. E. - Gregory, K. E. - Koch, R. M. (1991): Heterosis for survival and dentition in Hereford, Angus and Shorthorn, and crossbred cows. J. Anim. Sci., 69. 1885-1898.
- Pasman, E. - Reinhart, F. (1999): Genetic relationships between type composites and length of productive life of Black-and-White Holstein cattle in Germany. Proc. of the Int. Workshop on EU Concerted Action on functional traits in Cattle (GIFT)-Longevity, Jouy-en-Josas, France. Interbull Bull. No. 21. 117-121.
- 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.
- Snelling, W. M. - Golden, B. L. - Burdon, R. M. (1995): Within herd genetic analyses of stayability of beef females. J. Anim. Sci., 73. 993-1001.
- Szabó, F. - Dákay, I. (2009): Estimation of some productive and reproductive effects on longevity of beef cows using survival analysis. Livest. Sci., 122. 271-275.
- Tanida, H. - Hohenboken, W. D. - DeNise, S. K. (1998): Genetic aspects of longevity in Angus and Hereford cows. J. Anim. Sci., 66. 640-647.
- Vollema, A. R. - Van Der Beek, S. - Harbers, A. G. F. - De Jong, G. (2000): Genetic evaluation for longevity of Dutch dairy bulls. J. Anim. Sci., 83. 2629-2639.
- Vollema, A. R. - Goren, A. F. (1998): A comparison of breeding value predictors for longevity using linear model and survival analysis. J. Dairy Sci., 81. 3315-3320.

Érkezett: 2019. december

Szerzők címe: Szabó F.
Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar
Authors' address: Széchenyi István University, Faculty of Agricultural and Food Sciences
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Márton J.
Hungarian Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete Hungarian Hereford,
Angus, Galloway Breeder's Association
H-7400 Kaposvár, Dénesmajor 2.

Dákay I. - Bene Sz.
Pannon Egyetem, Georgikon Kar
University of Pannonia, Georgikon Faculty
H-8360 Keszthely, Deák F. u. 16.
szabo.ferenc@sze.hu

A CIKTA JUH HÍMIVARÚ RÉSZPOPULÁCIÓJÁNAK SURLÓKÓR ELLENI GENETIKAI REZISZTENCIÁJA A MENTESÍTÉSI PROGRAM MÁSFÉL ÉVTIZEDÉT KÖVETŐEN

KOVÁCS ENDRE – TEMPFLI KÁROLY – HARMAT LEVENTE – ZENKE PETRA – MARÓTI-AGÓTS ÁKOS – BALI PAPP ÁGNES – SÁFÁR LÁSZLÓ – GÁSPÁRDY ANDRÁS

ÖSSZEFOGLALÁS

A munka célja egyrészt az utóbbi évek (2017-2019) hímivarú részállománya priongenotípusok alapján való értékelése, másrészt ennek összevetése az első, 2003-ban kislétszámú mintán kapott, és egy későbbi (2013-2015) feldolgozás eredményeivel. A feldolgozáshoz a Magyar Juh- és Kecskenyésztő Szövetség (MJKSZ) egyedi surlókór genotípusai szolgáltak alapul. A felmérésből kiderült, hogy a leggyakoribb az ARQ allél (80,40%), azt követi az ARR (13,78%) és az AHQ (5,68%). A Chi²-teszt szignifikáns különbséget ($p=0,015$) jelzett az allélek korábbi (2013-2015) és jelenlegi gyakoriságai között. A leggyakoribb genotípusok a kevésbé kedvező ARQ-hordozó genotípusok. Ezeket követik a kedvezőbb ARR- és AHQ-hordozó genotípusok. A legérzékenyebb homozigóta VRQ/VRQ nem fordul elő. A genotípusok megoszlásának tekintetében az eltérő időben értékelt populációk között mindkét kontrollállomány esetében szignifikáns különbségeket mutattunk ki ($p=0,014$; 2003 és $p=0,015$; 2013-2015); a legkevésbé kedvező genotípus közel 15-20%-kal nőtt. A Chi²-teszt bizonyította, hogy a cikta juh jelenlegi hímivarú részpopulációja teljes Hardy-Weinberg genetikai egyensúlyban van ($p=1,000$). A kockázati csoportok közül az R4 hiányzik, és az R5-öt csak egy juh képviseli. Az ARQ magas frekvenciája miatt az R3 csaknem 74%-kal van jelen, és a tenyésztésre leginkább alkalmas egyedek rizikó csoportja (R1) csak körülbelül 1,5%-a a hímivarú részállománynak. A korábbi értékeléshez (2003) képest statisztikailag bizonyított ($p<0,001$), hogy a cikta juh a kockázati besorolás szempontjából változott; az R3 növekedése figyelemreméltó. Miután a cikta juh a kedvező rizikócsoportokba (R1-R3) esik, ezért a Nemzeti Surlókór Terv értelmében a VRQ allél kizárását célzó szelekció nem gátolja a fajta genetikai diverzitásának megőrzését.

SUMMARY

Kovács, E. – Tempfli, K. – Harmat, L. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Bali Papp, Á. – Sáfár, L. – Gáspárdy, A.: THE GENETIC RESISTANCE TO SCRAPIE IN MALE SUB-POPULATION OF CIKTA SHEEP AFTER DECADE AND A HALF OF ERADICATION PROGRAM

The aim of the work was to evaluate the male sub-population on the basis of prion genotypes in 2017-2019 and to compare it with the results obtained in the first small sample research (2003), and a later investigation (2013-2015). Processing was based on individual scrapie genotypes of Hungarian Association of Sheep and Goat Breeders. The authors confirmed based on larger sample size the previous knowledge, that the ARQ is the most common allele (80.40%), followed by ARR (13.78%) and AHQ (5.68%). The Chi² test showed significant difference ($p=0.015$) between current and past (2013-2015) frequencies of alleles. The most common genotypes are the less favorable ARQ-carrying ones. These are followed by more favourable ARR and AHQ carrier genotypes. The most sensitive homozygous VRQ/VRQ does not occur. There were significant differences proven between the genotypes in the present and the previous populations ($p=0.014$, 2003 and $p=0.015$, 2013-2015); the least favourable genotype increased by about 15-20%. The Chi² test proved that the current male sub-population of Cikta sheep is in complete Hardy-Weinberg genetic equilibrium ($p=1.000$). Out of the risk groups, R4 is absent and R5 is represented by only one animal. Due to the high frequency of ARQ, R3 is present at almost 74% and the risk group (R1) of the most suitable individuals for breeding is only about 1.5% of the sub-population investigated. Compared to a previous assessment (2003), it has been statistically demonstrated ($p<0.001$) that Cikta sheep has changed in terms of risk classification; the growth of R3 is remarkable. Since the Cikta sheep falls into the admissible risk groups (R1-R3), selection for the VRQ allele according to the National Scrapie Eradication Program does not hinder the maintenance of the genetic diversity of the breed.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A Zaupelschaf (zaupel juh, *Ovis aries Germanicus rusticus*; Heyne, 1916) Németországban, a déli országrészek (Baden-Württemberg és Bajorország) kis-közepes termetű állata volt. A mára kihalt Zaupelschaf juhajtából idővel négy önálló juhajtta vette Közép-Európában eredetét. Napjainkban, sok esetben, mint határokon áterjedő (transboundary) fajta létezik Németországban az erdei juh (*Bayerisches Waldschaf*; ennek csehországi változata a *sumavska*), Ausztriában a kőjuh (*Steinschaf*; ennek változata a bajorországi alpesi kőjuh, valamint a szlovéniai *bovska*) és a hegyi juh (*Bergschaf*; Svájcban élő fekete-barna színváltozattal).

A Zaupelschaf magyarországi leszármazottja (ami a 18. századi sváb bevándorlókkal érkezett hozzánk) a cikta (*Seibold*, 1990; *Koppány*, 2000; *Haller*, 2015).

A kisparaszatok, különösen a Dunántúlon sokáig megtartották az igénytelen cikta juhot. Az I. világháborút követően a kis- és középparaszatok továbbra is a német birkát, azaz a cikta juhot tenyésztették. *Schandl* (1940) javasolta a fajta termelési tulajdonságainak javítását. A juhállomány legnagyobb részét megsemmisítette a II. világháború. Az itt élő német anyanyelvű lakosság Németországba való visszatelepítése szintén nagymértékben csökkentette a cikta tenyésztők számát.

A cikta juhajtta kipusztult volna, ha az érdeklődés az őshonos haszonállatok iránt nem jelent volna meg. Így a racka és a cigája után, a még meglévő cikta juhot 1974-ben, az utolsó pillanatban, összegyűjtötték és Nagydorogon, a Bezeg-pusztai Országos Takarmányozási és Állattenyésztési Felügyelőség (OTÁF) juhtenyésztő telepén, Tolna megyében helyezték el. Így a 80-as években a cikta juhot száma 200-ra emelkedett. Ez a juhnyáj magánkézbe került 1992-től (*Dunka*, 1997). 2004-ben lényeges változás történt, amikor a Duna-Dráva Nemzeti Park 60 cikta anyajuhval (főleg a Tisch-féle nyájból), megint megindította a tenyésztést. Ehhez csatlakozott több magán juhtenyésztő is (2008-2009), hogy megmentse ezt a juhajtát. 2014-ben indult újra az Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége (MJKSZ) által szervezett központi kosnevelés ebben a fajtában, szintén Bezeg-pusztán.

2016-ben már 14-re növekedett a cikta törzstenyészetek száma hazánkban. Így a létszám növekedése mellett a fajta genetikai diverzitásának megőrzése is biztos helyzetbe került.

Napjaink kis létszámában fenntartott nyájai állami segítséggel léteznek. E veszélyeztetett őshonos fajta tenyésztésében cél a hármas hasznosítású típus megőrzése.

A surlókór első tüneteit 1735-ben Angliában írták le (*Dzialas*, 1898; *Reckzeh*, 2010). A surlókór (scrapie) gyógyíthatatlan, bejelentési kötelezettség alá tartozó fertőző betegség, amely a juhot és a kecskéket támadja meg (*Dexler*, 1931; *Rabenau*, 2009). Ehhez hasonló a szarvasmarhák szivacsos agyvelőbántalma (Bovine Spongiform Encephalopathy, BSE) és a humán Creutzfeldt-Jakob betegség is. Típusos és atípusos formában fordul elő. A lassú, degeneratív betegség klinikai tünetei a nagyfokú viszketegség, aminek következtében a beteg állat a falon, kerítésen, fatörzseken saját gyapjút lesúrolja (innen a betegség neve), továbbá ataxia, remegés, görcsök, vakság, lesóványodás, az agyszövetben kóros elváltozások. Az atipikus formában hiányzik a viszketegség.

A surlókórt a hibás, izoform prion fehérje PrPSC okozza, ami fertőző (*Prusiner*,

1982; Selbitz és Bisping, 1995; Bostedt és Dedié, 1996). A PrPC az idegsejtek felszínén elhelyezkedő protein normál változata. A kóros változat (PrPSC) a proteináz K enzim hatására nem bomlik le, szemben az egészséges változattal, ugyanakkor folyamatosan képződik, aminek következtében károsodnak a sejtek (Foster és Hunter, 1998; McCutcheon és mtsai, 2005; Kang és mtsai, 2017). A juhok surlókérral szembeni fogékonyágát, illetőleg ellenálló képességét jelentősen befolyásolja a prion gén polimorfizmusa. A prion gén 771 bp-t tartalmazó kódoló szakasza három helyen mutat báziscserét (Heaton és mtsai, 2010). A báziscserék következményeként a 136-os kodonban alanin (A, ellenállóbb) helyett valin (V), a 154-es kodonban arginin (R, ellenállóbb) helyett hisztidin (H) és a 171-es kodonban arginin (R, ellenállóbb) helyett glutamin (Q) vagy hisztidin (H) aminosav keletkezik (Baylis és mtsai, 2002).

A báziscserék lehetőségeiből a prion gén öt alléja fordulhat elő; a legellenállóbb homozigóta genotípus az A136R154R171/A136R154R171, a legfogékonyabb homozigóta genotípus pedig a V136R154Q171/V136R154Q171.

A surlókór, mint a fertőző szivacsos agyvelőbántalom (transmissible spongiform encephalopathy, TSE) kiskérdőzkben előforduló megbetegedése ellen mentesítési programokat írtak elő az Európai Unióban az Európai Bizottság 999/2001/EK rendelete értelmében (EC, 2001). Magyarországon a surlókór elleni tenyésztési program 2003-tól kezdődött meg (FVM, 2004). Ennek értelmében, többek között minden tenyészjelölt kosnak meg kell állapítani a prion genotípusát, és csak az 1-3 rizikócsoportba tartozók minősülhetnek tenyészállatnak, a VRQ allélt hordozókat levágják. Magyarországon az első surlókór esetet 1964-ben diagnosztizálták (Áldásy és Sűveges, 1964), azóta csak szórványosan fordult elő, az utolsó tíz évben nem volt.

A Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal (NÉBIH) 2016-ra vonatkozó kimutatása szerint Magyarországon klinikai formában a surlókór nem fordult elő, atípusos formában 23 esetet rögzítettek, amiket két éven át megfigyelés alatt tartanak (MK, 2017). A cikta nem szerepel közöttük. Az MJKSZ a VRQ hordozóit a továbbtenyésztésből kizárja és levágásra rendeli.

Kutatásunk célja a hazai tolna-baranyai sváb juh (cikta) fajta hímvivarú részpopulációjában a surlókór elleni genetikai rezisztencia felmérése volt. Eredményeinkkel egyrészt a fajta genetikai jellemzéséhez szeretnénk hozzájárulni, másrészt alapot szolgáltatni a fajta genetikai változatosságának további fenntartásához. A feldolgozás lehetőségét ad más juhajtakkal történő összehasonlításra is.

A hímvivarú nemzedékben a prion allélek, genotípusok és rizikócsoportok gyakoriságát határozzuk meg, másfelől az eredményeket összehasonlítjuk a korábbi évek eredményeivel, hogy megállapítsuk a megelőzési program hatékonyságát.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A juhok egyedi genotípusának meghatározásához az MJKSZ instruktorai gyűjtötték a mintákat a német Agrobiogen GmbH speciális mintavételi eszközzel (TypiFix™): fülkagyló közepéből porcszövetmintát vettek (Agrobiogen, 2016). A minták ezt követően genotipizálásra az Agrobiogen GmbH céghez kerültek Németországba az MJKSZ-szel kötött szerződésnek megfelelően. A prion gént megjelölték, majd a DNS-szekvenciát multiplikálták PCR technikával. Ezután a polimorf nukleotidokat piroszekvenálással határozták meg.

A feldolgozási adatállományt a 2017 és 2019 közötti években, 15 gazdaságban született kosbárányok (n=352) alkották. Kontrollként szolgált a cikta juhállomány egyetlen nyájában a nemzeti program hatályba lépésének évében, 2003-ban megvalósított első hazai vizsgálata (*Fésűs és mtsai*, 2004 és 2008), valamint a 2013-2015 évek felmérése a hím ivarban (*Kovács és mtsai*, 2017).

Az egyedi genotípusok számából meghatároztuk a genotípusok gyakoriságát, a genotípusokból megállapítottuk az allélek számát és arányát, valamint a rizikó csoportok számát és arányát a teljes állományra. Chi²-teszt segítségével hasonlítottuk az aktuális állapotot (2017-2019, várt gyakoriság) a korábbi állapotokhoz (megfigyelt gyakoriság). Ezenkívül, a jelenlegi cikta kosbárány állományban ellenőriztük a genetikai egyensúlyi helyzetet (Hardy-Weinberg genetikai egyensúly).

A szükséges alapadatokat a MJKSZ Microsoft Excel adatbázisból vettük át és a Dell statisztikai program segítségével értékeltük (*Dell Inc.*, 2015).

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

Az 1. táblázat mutatja az allélek eloszlását az aktuális évekből (2013-2015), ahol a leggyakoribb (80,40%) az ARQ allél, azt követi az ARR (13,78%) és az AHQ (5,68%). Az ARH allél nem fordult elő, és a VRQ allélt egy hordozó állatban mutatták ki. A jelenlegi analízisben, akárcsak a korábbiakban az ARR legrezisztensebb allél a kívánatos, túlnyomó aránynál jóval alacsonyabb előfordulási értékeket mutat. A Chi²-teszt csaknem szignifikáns (p=0,074; 2003-ban vizsgált juhok), illetőleg szignifikáns (p=0,015; 2013-2015-ben vizsgált juhok) különbséget jelez az allélek korábbi és jelenlegi gyakoriságai között. Meg kell azonban említeni, hogy nem mindegyik feldolgozás alkalmával sikerült az ARH és VRQ alléleket kimutatni.

A lehetséges 15-ből csak nyolc prion genotípus volt kimutatható (1. táblázat). A leggyakoribb genotípusok a kevésbé kedvező ARQ-hordozó genotípusok voltak, amelyek az ARQ allél legmagasabb frekvenciájából adódik. Ezeket követik a kedvezőbb ARR- és AHQ-hordozó genotípusok. A legérzékenyebb homozigóta VRQ/VRQ nem fordult elő a jelenlegi mintákban sem. A genotípusok megoszlásának tekintetében az eltérő időben értékelt populációk között mindkét kontrollállomány esetében szignifikáns különbségeket mutattunk ki (p=0,014; 2003-ban vizsgált juhok és p=0,015; 2013-2015-ben vizsgált juhok), hiszen a legkevésbé kedvező genotípus közel 15-20%-kal nőtt.

A Chi²-próba kimenetele fennálló genetikai egyensúlyról tájékoztat a hímváru részpopulációjában (Chi²=0,662, df=13, p=1,000; a várt frekvenciák itt nincsenek bemutatva).

A kockázati csoportok az 1. táblázat alsó részében találhatóak. A legfontosabb megjegyezni, hogy az R4 jelenleg is hiányzik, és az R5-öt csak egy juh képviseli. Az ARQ magas frekvenciája miatt az R3 csaknem 74%-kal van jelen, és tenyésztésre leginkább alkalmas egyedek rizikócsoportja (R1) csak körülbelül 1,5%-a a hímváru állománynak. A korábbi értékeléshez képest statisztikailag bizonyított (p<0,001; 2003-ban vizsgált juhok), a későbbihez képest nem bizonyított (p=0,204; 2013-2015-ben vizsgált juhok), hogy a cikta juh a kockázati besorolás szempontjából változott; figyelemreméltó az R3 létszám növekedése.

Baylis és mtsai (2004) feltételezik, hogy a homozigóta ARQ/ARQ genotípusú egyedek surlókór kockázata nagyobb, mint a másik két, VRQ-hordozó genotí-

1. táblázat

A cikta juh prion alléljeinek és genotípusainak, valamint a surlókór kockázati csoportjainak eloszlása (%)

Csoportok	2003-ban vizsgált juhok (n)	2013-2015-ben vizsgált kosok (n)	2017-2019-ben vizsgált kosok (n)
Allélek	(n=138) Chi ² =6,950; df=3; p=0,074	(n=672) Chi ² =12,362; df=4; p=0,015	(n=704)
ARR	20,29 (28)	15,48 (104)	13,78 (97)
AHQ	9,42 (13)	13,54 (91)	5,68 (40)
ARH	0,00 (-)	0,15 (1)	0,00 (-)
ARQ	70,29 (97)	70,83 (476)	80,40 (566)
VRQ	0,00 (-)	0,00 (-)	0,14 (1)
Genotípusok	(n=69) Chi ² =17,563; df=7; p=0,014	(n=336) Chi ² =37,542; df=7; p<0,001	(n=352)
ARR/ARR	1,45 (1)	3,87 (13)	1,42 (5)
ARR/AHQ	4,35 (3)	3,27 (11)	2,56 (9)
ARR/ARH	-	-	-
ARR/ARQ	33,33 (23)	19,94 (67)	22,16 (78)
AHQ/AHQ	0,00 (-)	2,38 (8)	0,28 (1)
AHQ/ARH	-	-	-
AHQ/ARQ	14,49 (10)	19,05 (64)	8,24 (29)
ARH/ARH	-	-	-
ARH/ARQ	0,00 (-)	0,30 (1)	0,00 (-)
ARQ/ARQ	46,38 (32)	51,19 (172)	65,06 (229)
ARR/VRQ	-	-	-
AHQ/VRQ	-	-	-
ARH/VRQ	-	-	-
ARQ/VRQ	0,00 (-)	0,00 (-)	0,28 (1)
VRQ/VRQ	-	-	-
Rizikó-csoportok	(n=69) Chi ² = 26,077; df=3; p<0,001	(n=336) Chi ² =4,600; df=3; p=0,204	(n=352)
R1	1,45 (1)	3,87 (13)	1,42 (5)
R2	37,68 (26)	23,21 (78)	24,72 (87)
R3	60,87 (42)	73,81 (248)	73,58 (259)
R4	-	-	-
R5	0,00 (-)	0,00 (-)	0,28 (1)

Table 1. Distribution of alleles and genotypes, as well as risk categories in Cikta sheep (%)

pus (ARR/VRQ és AHQ/VRQ) esetében (noha egyikben sem tudták vélelmüket statisztikailag igazolni). Ugyanakkor megnyugtató az a tény, hogy az ARQ/ARQ genotípusban sokkal kisebb a surlókór kockázata, mint az ARQ/VRQ vagy VRQ/VRQ genotípusban. Utóbbi vezethetett szigorúbb kiválasztási szempontokhoz a cseh surlókór mentesítési programban, amelyben már csak az ARQ-hordozó genotípusú kosok használatát engedélyezik (a homozigóta ARQ/ARQ kosokat nem; *Stepanek és Horin, 2017*).

A jövőben is cél a VRQ allélt nem hordozó kosok használatának növelése, illetőleg a VRQ-hordozó egyedeket kiszűrése. A VRQ-tól mentes cikta juhpopuláció nagymértékben ellenállna a surlókórnak, amely időnként megfertőzheti. Az AHQ, ARH és ARQ allélek hosszú ideig maradhatnak a tenyésztésben.

A mentesítési programnak köszönhetően a surlókór-rezisztens juhok aránya világszerte megnőtt (főként az intenzív fajtákban, *Drögemüller és mtsai, 2001*), amit az ARR allél gyakoriságának általános növekedése is bizonyít. Ugyanakkor, még rosszabb és nem kielégítő eredményeket is tapasztalhatunk, mint a ciktaé. Például *Cameron és mtsai (2014)* felfedték, hogy a kanadai arcott fajtában nagyobb volt a fogékony juhok aránya és a VRQ allél gyakorisága (15% VRQ egy 183 egyedből álló populációban), és a hátrányos R4 és R5 csoport részesedése (mindkettő 10%-nál gyakoribb).

Az első felmérés (*Fésüs és mtsai, 2004*) nem közli a vizsgált egyedek ivarát. *Kovács és mtsai (2017)* nem állapítottak meg különbséget a hím és a nőivarú, világgrajótt, nem szelektált részállomány gyakorisági értékei között sem az allélek, sem a genotípusok, sem pedig a rizikó csoportok vonatkozásában. Az, hogy a megszületett kosbárányok az anyai gyakoriságot tükrözik természetesen, és nem utal az apai oldal módosító hatására. A nemenkénti részállományok hasonlósága a jelenlegi helyzetre is feltételezhető.

Másfelől, a szelekció során a genetikai sokféleség és a termelés fenntartását is figyelembe kell venni. A fajta mikroszatellitákon alapuló diverzitásáról korábbi közleményben beszámoltunk (*Kovács és mtsai, 2019*). A kis létszámban átmentett cikta juh pedigre-vizsgálatáról *Posta és mtsai (2019)* közöltek eredményeket. *Nagy és mtsai (2009)* megállapították, hogy az ARR allélt hordozó húshasznú juhok súlygyarapodása kisebb volt az ARR allélt nem hordozó társaiknál. *Álvarez és mtsai (2007, 2009)* arra a következtetésre jutottak, hogy a fajtamegőrzési program megkezdése előtt az ARR-hordozó egyedeket előnybe kell részesíteni, viszont nem szabad minden surlókór genotípusában kedvezőtlen (R4 és R5) egyedről sem azonnal megválni a veszélyeztetett fajták genetikai diverzitása csökkenésének elkerülése céljából.

Értékes ismerethez vezet e szempontból a cikta összevetése más őshonos magyar fajtákkal (*Gáspárdy és mtsai, 2018*), ugyanis ezekben számottevően ritkább az ARQ allél. További célkitűzés lehet a cikta összehasonlítása a többi Zaupelschaf-rokonához, amelyekben hasonlóan magas az ARQ allél a kezdeti vizsgálatok szerint (*Brem és mtsai, 1982; Feldmann és mtsai, 2005*).

A priongén vizsgálatát újabban kimutatott mutáns nukleotidokkal lehet kiegészíteni. Érdekes, hogy a 141-es kodon polimorfizmusa (leucin (L) helyett fenilalanin (F)) befolyásolja a juhok surlókórjának Nor98 elnevezésű atipikus formájára való érzékenységét. Mind a 141 (L/F), mind a 141 (F/F) genotípus összefüggésben áll a betegség kialakulásának nagy kockázatával (*Moum és mtsai, 2005*). A 112-

es és 143-as kodonok polimorfizmusát (csere metioninról (M) treoninra (T) és hisztidinről (H) argininra (R)) a fekete merinóban írták le elsőként (Acín és mtsai, 2004). Ebből a 112-es kodon mutációja nem mutatott kapcsolatot a klasszikus és az atípusos surlókérral.

KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A 2017-2019 év között gyűjtött minták feldolgozása megerősítette a korábbi eredményt, miszerint a cikta juhállomány genetikai ellenálló képessége a surlókórfertőzéssel szemben alacsonynak tekinthető. Meg kell jegyeznünk, hogy a cikta juh ARR alléljének aránya folyamatosan csökken. Ennek lehetséges magyarázata az, hogy a prion genotípus, mint kiválasztási szempont a tenyészkosok esetében nem mérvadó, illetve más szempontok előnybe részesítése miatt a másfél évtized alatt átütő, kedvező változás nem következett be. Ezt támasztja alá a genetikai egyensúlyi állapot is.

Mivel Magyarországon surlókórt az elmúlt években nem diagnosztizáltak a kérődző fajok egyikében sem, így a surlókór kockázatának becslése különösen a külterjesen tartott legelő állatokra nézve meglehetősen bizonytalan. Ezen kívül, ARR hordozó, rezisztens kosbárányok születnek, s ezek fokozatos szelekciója maga után vonná a surlókór esetleges előfordulási gyakoriságának a csökkenését.

Mindemellett, a fogékony állatokat (VRQ alléllal) ki kell zárni a tenyésztésből, és lehetőség szerint R1-es és R2-es kosokat ajánlott felhasználni apaállatként. Fajta specifikusnak kell tekintenünk a még mindig gyakori ARQ allélt és a 3. kockázati csoportot. Tenyésztésük megengedett, és genetikai anyaguk összességét tekintve a fajta sokszínűségének megőrzésére szolgálnak.

Eredményeink érvekként szolgálhatnak az integrált mentesítési programok folytatásához, mint például a Magyarországon alkalmazott Nemzeti Surlókór Terv, amely több tulajdonság együttes figyelembe vételével dönthet a veszélyeztetett fajták továbbtenyésztésében.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A kézirat az MVH „Genetikai erőforrások megőrzése intézkedés keretében a védett őshonos és veszélyeztetett mezőgazdasági állatfajták megőrzése (1547262485)” c. pályázat, valamint az Európai Unió támogatásával, az Európai Regionális Fejlesztési Alap (ERFA) társfinanszírozásával (VEKOP-2.3.2.-16-2016-00012, címe: A Kárpát-medencei őshonos haszonállatfajok, -fajták és -ökotípusok XXI. századi génbanki stratégiájának tudományos megalapozása és fejlesztése) valósult meg.

IRODALOMJEGYZÉK

- Acín, C. – Martín-Burriel, I. – Goldmann, W. – Lyahyai, J. – Monzón, M. – Bolea, R. – Smith, A. – Rodellar, C. – Badiola, J. J. – Zaragoza, P. (2004): Prion protein gene polymorphisms in healthy and scrapie-affected Spanish sheep. *J. Gen. Virol.*, 85. 2103-2110.
- Agrobiogen (2016): Scrapie Resistenz. [online] Agrobiogen GmbH Biotechnologie. <http://www.agrobiogen.de>, Accessed: 25. March 2016.
- Áldásy, P. – Süveges, T. (1964): A juhok surlókórjának hazai előfordulása. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 19. 463-465.

- Álvarez, I. – Gutiérrez, J. P. – Royo, L. J. – Fernández, I. – Goyache, F. (2009): Quantifying diversity losses due to selection for scrapie resistance in three endangered Spanish sheep breeds using microsatellite information. *Prev. Vet. Med.*, 91. 172-178.
- Álvarez, I. – Royo, L. J. – Gutiérrez, J. P. – Fernández, I. – Arranz, J. J. – Goyache, F. (2007): Genetic diversity loss due to selection for scrapie resistance in the rare Spanish Xalda sheep breed. *Livest. Sci.*, 111. 204-212.
- Baylis, M. – Chihota, C. – Stevenson, E. – Goldmann, W. – Smith, A. – Sivam, K. – Tongue, S. – Gravenor, M. B. (2004): Risk of scrapie in British sheep of different prion protein genotype. *J. Gen. Virol.*, 85. 2735-2470.
- Baylis, M. – Goldmann, W. – Houston, F. – Cairns, D. – Chong, A. – Ross, A. – Smith, A. – Hunter, N. – McLean, A. R. (2002): Scrapie epidemic in a fully PrP-genotyped sheep flock. *J. Gen. Virol.*, 83. 2907-2914.
- Bostedt, H. – Dedié, K. (1996): Infektionsbedingte Erkrankungen des Gesamtorganismus: Viruskrankheiten, Traberkrankheit. In: Schaf- und Ziegenkrankheiten, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, 73-75.
- Brem, G. – Graf, F. – Kräublich, H. (1982): Möglichkeiten der Anlage von Genreserven: genetische Probleme und Kosten. *Bayerisches landwirtschaftliches Jahrbuch*, 59. 380-383.
- Cameron, C. – Bell-Rogers, P. – McDowall, R. – Rebelo, A. R. – Cai, H. Y. (2014): Prion protein genotypes of sheep as determined from 3343 samples submitted from Ontario and other provinces of Canada from 2005 to 2012. *Can. J. Vet. Res.*, 78. 260-266.
- Dell Inc. (2015): Dell Statistica (data analysis software system), version 13. <http://www.software.dell.com>
- Dexler, H. (1931): Traberkrankheit. In: Tierheilkunde und Tierzucht. Eine Enzyklopädie der praktischen Nutztierkunde. Eds: Stang, V. - Wirth, D., Urban & Schwarzenberg Berlin, Wien, 807.
- Drögemüller, C. – Leeb, T. – Distl, O. (2001): PrP genotype frequencies in German breeding sheep and the potential to breed for resistance to scrapie. *Vet. Rec.*, 149. 349-352.
- Dunka, B. (1997): A cigája és a cikta. *Kistermelők Lapja*, XXV. 7.
- Dzialas, F. (1898): Die Entwicklung und die Bedeutung der Schafhaltung in der deutschen Landwirtschaft während des 19. Jahrhunderts, Dissertation, Hohen Philosophischen Fakultät der Universität Jena, 22-23.
- EC (2001): Regulation (EC) No 999/2001 of the European Parliament and of the Council of 22 May 2001 laying down rules for the prevention, control and eradication of certain transmissible spongiform encephalopathies. [online] <<http://eur-lex.europa.eu/legal-content/en/TXT/PDF/?uri=CELEX:02001R0999-20130701&from=en>> [quoted 07.11.2017]
- Feldmann, A. – Bietzker, U. – Mendel, C. (2005): Schafrassen in den Alpen. *Witzenhausen, Gesellschaft für Erhaltung alter gefährdeter Haustierrassen*, 9-15., 25-31.
- Fésüs, L. – Zsolnai, A. – Anton, I. – Sáfár, L. (2008): Breeding for scrapie resistance in the Hungarian sheep population. *Acta Vet. Hung.*, 56. 173-180.
- Fésüs, L. – Zsolnai, A. – Horogh, G. – Anton, I. (2004): A juhok surlókórja 2. Prion genotípus gyakoriságok hazai őshonos állományainkban. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 126. 670-675.
- Foster, J. – Hunter, N. (1998): Transmissible spongiform encephalopathies: transmission, mechanism of disease, and persistence. *Curr. Opin. Microbiol.*, 1. 442-447.
- FVM (2004): 22/2004. (II. 27.) FVM r. A fertőző szivacsos agyvelőbántalmak megelőzéséről, az ellenük való védekezésről, illetve leküzdésükről szóló 69/2003. (VI. 25.) FVM rendelet módosításáról. *Magyar Közlöny*, 21. 1836.
- Gáspárdy, A. – Holly, V. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Kovács, E. (2018): Response of prion genic variation to scrapie resistance program in Hungarian indigenous sheep breeds. *Acta Vet. Hung.*, 66. 562-572.
- Haller, M. (2015): Alte Haus- und Nutzierrassen. *Leopold Stocker Verlag, Graz, Stuttgart*, 112.

- Heaton, M. P. – Leymaster, K. A. – Kalbfleisch, T. S. – Freking, B. A. – Smith, T. P. L. – Clawson, M. L. – Laegreid, W. W. (2010): Ovine reference materials and assays for prion genetic testing. *BioMed Central (BMC) Vet. Res.*, 2010 Apr 30; 6. 23.
- Heyne, J. (1916): *Grosses Handbuch der Schafzucht auf neuzeitlicher Grundlage*, Reichenbach'sche Verlagsbuchhandlung, Leipzig, 67-68. 365.
- Kang, H. E. – Mo, Y. – Abd Rahim, R. – Lee, H. M. – Ryou, C. (2017): Prion diagnosis: application of real-time quaking-induced conversion (online) <<https://www.hindawi.com/journals/bmri/2017/5413936/>> [quoted 07.11.2017]
- Koppány, G. (2000): The Cikta sheep. In: *Living heritage: old historical Hungarian livestock*. Ed.: Bodó, I., Agroinform, Budapest, 58-59.
- Kovács, E. – Mitro, S. – Tempfli, K. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Gáspárdy, A. (2017): A specific selection programme is required in the autochthonous Cikta Sheep which is endangered by own frequent ARQ prion haplotype? *Appl. Agric. Forestry Res.*, (Landbauforschung), 67. 141-146.
- Kovács, E. – Tempfli, K. – Shannon, A. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Gáspárdy, A. (2019): STR diversity of a historical sheep breed bottlenecked, the Cikta. *J. Anim. Plant Sci.*, 29. 41-47.
- McCutcheon, S. – Hunter, N. – Houston, F. (2005): Use of a new immunoassay to measure PrPSc levels in scrapie-infected sheep brains reveals PrP genotype-specific differences. *J. Immunol. Methods*, 298. 119-128.
- MK (2017): Magyarország Kormány, B/17568. számú Jelentés az élelmiszerlánc-biztonságról és az élelmiszerlánc-felügyeleti díj felhasználásáról. Előadó: Dr. Fazekas Sándor földművelésügyi miniszter, <http://www.parlament.hu/irom40/17568/17568.pdf>
- Moum, T. – Olsaker, I. – Hopp, P. – Moldal, T. – Valheim, M. – Moum, T. – Benestad, S. L. (2005): Polymorphisms at codons 141 and 154 in the ovine prion protein gene are associated with scrapie Nor98 cases. *J. Gen. Virol.*, 86. 231-235.
- Nagy, B. – Anton, I. – Sáfár, L. – Fésűs, L. – Zsolnai, A. (2009): Association between PrP genotypes and selected growth traits of Hungarian Merino and German Mutton Merino rams. *Arch. Anim. Breed.*, 52. 613-617.
- Posta, J. – Kovács, E. – Tempfli, K. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Gáspárdy, A. (2019): A kis létszámban átmentett Cikta juh származási adatainak értékelése különös tekintettel a családokra. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 141. 171-180.
- Prusiner, S. B. (1982): Novel proteinaceous infectious particles cause scrapie. *Science*, 216. 136-144.
- Rabenau, H. F. (2009): Teil III. Spezielle Mikrobiologische Diagnostik, 2 Prionen: 28 Diagnostik prionbedingter Erkrankungen, TSE-Erreger, Übertragungswege bei Tieren. In: *Mikrobiologische Diagnostik: Bakteriologie-Mykologie-Virologie-Parasitologie*, Eds.: Neumeister, B. - Geiss, H. K. - Braun, R. W. - Kimmig, P., Thieme Verlag, Stuttgart, New York, 635-639.
- Reckzeh, C. (2010): *Immunohistochemische Untersuchungen zum Vorkommen von Scrapie-Prionprotein in ovinen Geweben*, Dissertation, an der Freien Universität Berlin.
- Schandi, J. (1940): A tolna-baranyai sváb juh. *Magyar Állattenyésztés*, II. 9-11.
- Seibold, R. (1990): Ein historischer Zufall bewahrt das ungarische Zaupelschaf vor dem Aussterben: letzte Genreserve dieser Rasse im ungarischen Nagydorog. *Unser Land* 6. 43-44.
- Selbitz, H. J. – Bisping, W. (1995): *Tierseuchen und Zoonosen: alte und neue Herausforderungen*, Gustav Fischer Verlag, Jena, 247.
- Stepanek, O. – Horin, P. (2017): Genetic diversity of the prion protein gene (PRNP) coding sequence in Czech sheep and evaluation of the national breeding programme for resistance to scrapie in the Czech Republic. *J. Appl. Genet.*, 58. 111-121.

Érkezett: 2019. december

110 Kovács és mtsai: A cikta juh hímváru részpopulációjának surlókór elleni genetikai rezisztenciája

A szerzők címe: Kovács E. – Harmat L. – Zenke P. – Maróti-Agóts Á. – Gáspárdy A.

Állatorvostudományi Egyetem,

Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállattudományi Tanszék

Authors' address: University of Veterinary Medicine,

Department for Animal Breeding, Nutrition and Laboratory Animal Science

H-1078 Budapest, István u. 2.

gaspardy.andras@univet.hu

Tempfli K. – Bali Papp Á.

Széchenyi István Egyetem, Állattudományi Tanszék

Széchenyi István University, Department of Animal Science

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár 2.

Sáfár L.

Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége

Hungarian Sheep and Goat Breeders' Association

H-1134 Budapest, Lóportár u. 16.

MAGYAR NAGYFEHÉR KOCÁK SZAPORASÁGI ÉRTÉKMÉRŐIVEL KAPCSOLT SZELEKCIÓS MARKEREK AZONOSÍTÁSA*

BALOGH ESZTER – DÁLNOKI ANNA BOGLÁRKA – RÓZSA LÁSZLÓ – RÁTKY JÓZSEF – ZSOLNAI ATTILA – ANTON ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A tanulmány célja olyan egypontos-nukleotid polimorfizmusok (SNP) feltárása volt, amelyek hatással vannak egyes szaporasági paraméterekre, úgymint összes született malacszám (TNB), születéskori alomsúly (LWA), holtan született malacszám (NBD), 21 napos átlagos alomsúly (M21D) és fialások közötti intervallum (IBL). A genotipizálás nagy felbontású SNP chipen történt (Illumina Porcine SNP 60K BeadChip), amely 61177 SNP-t tartalmazott. Az adatok szűrésére és azonosítására multi-lókuszt vegyes modell használtak. Az egyes genotípusok és a vizsgált szaporodásbiológiai tulajdonságok közötti összefüggéseket statisztikai programmal értékelték. A vizsgálatot követően három SNP-t azonosítottak, amelyek hatással vannak az összes született malacszámra. Ezek a lókusztok az 1., 6., 13. kromoszómán találhatóak. Hét lókuszt mutat jelentős összefüggést a születéskori alomsúlyval az 5., 6., 14., 16., 17. és X kromoszómán. Hét lókuszt találtak az 5., 6., 13., 14., 15., 16. és 18. kromoszómán, amelyek hatással vannak a holtan született malacszámra. Egy lókuszt mutatott összefüggést a malacok 21 napos alomsúlyával az 1. kromoszómán. További 1 lókuszt találtak a 8. kromoszómán, amely összefüggésbe hozható a fialások között eltelt idő hosszával. Az említett lókusztok feltárása lehetőséget biztosít molekuláris eszközök alkalmazásával történő szelekció elősegítésére és ennek megfelelően a magyar nagyfehér fajta versenyképességének javítására.

SUMMARY

Balogh, E. – Dálnoki, A. B. – Rózsa, L. – Rátky, J. – Zsolnai, A. – Anton, I.: ASSOCIATION STUDY BETWEEN SINGLE-NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS AND REPRODUCTION PARAMETERS IN HUNGARIAN LARGE WHITE SOWS

The aim of this study was to reveal the effect of single-nucleotide polymorphisms (SNPs) on the value of total number of piglets born (TNB), the litter weight born alive (LWA), the number of piglets born dead (NBD), the average litter weight on the 21st day (M21D) and the interval between litters (IBL). Genotypes were determined on a high-density Illumina Porcine SNP (single nucleotide polymorphism) 60K BeadChip containing 61177 SNPs. Data screening and data identification were performed by multi-locus mixed-model. Statistical analyses were carried out to find associations between individual genotypes and the investigated reproduction parameters. According to the analysis outcome, three SNPs were identified to be associated with TNB. These loci are located on chromosomes 1, 6, 13. Seven loci showed considerable association with LWA on chromosomes 5, 6, 14, 16, 1 and, X. Seven loci were found to be associated with NBD. These loci are located on Chrs 5, 6, 13, 14, 15, 16 and 18. One locus showed association with M21D on chromosome 1. Another locus was found to be associated with IBL on chromosome 8. The above-mentioned loci provide a straightforward possibility to assist selection by molecular tools and to improve consequently the competitiveness of the Hungarian Large White breed.

* Jelen cikk rövidített kivonata az Acta Veterinaria Hungarica 2019. 67. (256-273.) számában megjelent dolgozatnak: *Balogh, E. - Gábor, Gy. - Bodó, Sz. - Rózsa, L. - Rátky, J. - Zsolnai, A. - Anton, I.: Effect of single-nucleotide polymorphisms on specific reproduction parameters in Hungarian Large White sows. <https://doi.org/10.1556/004.2019.027>*

BEVEZETÉS

A sertés a Kárpát-medencében már az őskorban is jelentős szerepet töltött be. Egyes források szerint már az Árpád-házi királyok idején általános volt a sertéstartás. A török hódoltság idején primitív, parlagi, a vadsertésre emlékeztető fajtákat tenyésztettek (*Horn, 1976*). Az ipari forradalmat követően, majd az 1800-as évektől kezdődően a gazdasági növekedéssel párhuzamosan kialakult a magas zsírtartalmú képességéről híres mangalica fajta. *Baltay (1983)* szerint az 1960-as években rendelkezésre álló fajtatiszta sertésállományok megállták a helyüket akár iparszerű körülmények között is. Akkoriban a korabeli hazai és nemzetközi kutatási eredmények alapján a tenyésztők is úgy vélték, hogy a sertés-hibridizáció az iparszerű sertésenyésztés kiindulópontja. A növekvő serteshús-fogyasztás az 1970-es évektől a rendszerváltásig terjedő időszakban arra készítette a gazdálkodókat, hogy magas hústermelő képességű fajtákat hozzanak létre (*Horn és mtsai, 2011*).

A magyar nagyfehér hússertés (MNF) tenyésztésének kezdete az 1900-as évek elejére tehető, amikor növekedésnek indult a kevésbé zsíros hentesáru iránti kereslet. Ősei az angol nagyfehér, a német Edelschwein, az angol középfehér és a svéd yorkshire fajták voltak. Törzskönyvezése megközelítőleg 100 éves múltra tekint vissza. A fajta nemesítése során a cél a fajta szaporaságának, növekedési erélyének és a takarmányértékesítésének megőrzése, illetve javítása volt, megtartva a szilárd szervezetet, a jó alkalmazkodóképességet, fokozva a stressztűrő képességet, és a jó húsminőséget is (*Horn és mtsai, 2011*). A fajtát keresztezési programokban, illetve hibrid előállításban általában anyai vonalként alkalmazzák, kihasználva a jó tejtermelést, a nagy alomkénti malacsámot és a kiváló malacnevelő képességet. Pozitív tulajdonságai ellenére a magyar nagyfehér hússertés az elmúlt évtizedekben kevésbé mutatkozott versenyképesnek, mint a modern nyugat-európai hibridek. Ennek oka többek között az alacsonyabb szaporaság lehet. Az egyedek termékenyítési problémáiból adódóan nagy gazdasági kár érheti a gazdálkodót. A problémák felismerése, az okok feltárása és megszüntetése, a termelési paraméterek javítása versenyképesebbé teheti a fajtát.

Kutatásunk célja elősegíteni a genetikai vizsgálatok által feltárt lókuszosok megismerésével a jövőbeni sikeres szelekciós folyamatokat.

Az elmúlt években a molekuláris genetika gyors fejlődése lehetővé tette genomvizsgálatok elvégzését az állattenyésztésben is. Egy pontos nukleotid-polimorfizmusok (SNP-k) tipizálása alapján a teljes genomra kiterjedő összefüggés-vizsgálatok (genome-wide association study, GWAS) segítségével a sertések szaporodásbiológiai tulajdonságaival kapcsolatban álló lókuszosok azonosítása is megvalósítható. Az utóbbi évtizedben számos kutatást végeztek a szaporodásbiológiai tulajdonságokkal összefüggésbe hozható SNP-vel (*Lei és mtsai, 2011; Tempfli és mtsai, 2011; Uimari és mtsai, 2011; Onteru és mtsai, 2012; Xiao-Lei és mtsai, 2012; TOPIGS, 2013; Bergfelder-Drüing és mtsai, 2015; Sato és mtsai, 2016; Kang és mtsai, 2017; Suwannasing és mtsai, 2018; Wang és mtsai, 2018; Wu és mtsai, 2018; Tremoen és mtsai, 2019*).

ANYAG ÉS MÓDSZER

Minták és genotipizálás

A 11 törzstenyészet 300 egyedétől begyűjtött vérmintákat a DNS kivonásáig -20°C -on tároltuk. A minták kiválasztásának kritériumai a következők voltak: (i) a minták jó és gyengébb szaporodásbiológiai paraméterekkel rendelkező egyedektől származzanak (ii) legyenek reprezentatívak az egész populációra vonatkozóan (iii) a kiválasztott egyedek lehetőleg ne álljanak rokonsági kapcsolatban egymással. A DNS tipizálást sertésre kifejlesztett nagy felbontású SNP chippel végeztük (GeneSeek® Genomic Profiler™ High-Density; Illumina Porcine SNP 60K BeadChip), amely 61177 SNP-t tartalmazott. A genotipizálást a Neogen Europe Ltd. (Skócia, Egyesült Királyság) végezte. A kocák reprodukciós adatait és tenyésztési paramétereit a Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete által fenntartott adatbázisból gyűjtöttük ki.

Adatok értékelése

Vizsgálatainkban csak a 95 százalék feletti sikeres tipizálási aránnyal rendelkező SNP-eket vettük figyelembe. A duplikált mintákat (Identity By Descent, $\text{IBD} > 0,95$) kizártuk az adatállományból. A monomorf lokuszok és a 0,05-ös MAF-val (Minor Allele Frequency) rendelkező lokuszok kizárásával a végső adatállomány 290 állatot és 56592 SNP-t tartalmazott. Az adatszűréshez és a szaporodásbiológiai tulajdonságokkal összefüggésben lévő lokuszok azonosításához multi-locusz vegyes modellt alkalmaztunk. A fenotípusos értékek maradtak mint folyamatos változók. A genomiális inflációs tényezőt, a lambda-értéket a χ^2 statisztika eloszlásának mediánja és az adott (ideális) χ^2 eloszlás mediánja hányadosaként határoztuk meg (Armitage, 1955). A populációszerkezet korrekciójához genomiális rokonsági mátrixot alkalmaztunk, multi-locusz vegyes modellben (Segura és mtsai, 2012). A használt modell: $y = X\beta + Zu + e$, ahol y a fenotípusos érték, X az SNP-k és kovarianciákból (kor és gazdaság) álló fix hatások mátrixa, Z a véletlen állati hatás mátrixa, e a maradék hatásokat jelenti, β és u a fix és véletlen hatások együtthatóit képviselő vektorok. Az összes adatformázást, szűrést és statisztikai elemzést az SVS szoftverrel (GoldenHelix, USA) végeztük.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

Kísérletünk során három SNP-t azonosítottunk az összes született malacszámra vonatkozóan, amelyek az 1., 6. és 13. kromoszómán találhatóak (1. táblázat, 1. ábra).

SSC1: az 1. kromoszómán (SSC1) az *RFPL4B* gén funkciója nem ismert, de számos RNS formája megtalálható a sertésherbén és az emberi placentában (Fagerberg és mtsai, 2014). Kutatások szerint a MARCKS fehérje szerepet játszik a sejtmotilitásban, a fagocitózisban, a membrán áteresztőképességének szabályozásában és a mitogenezisben (Arbuzova és mtsai, 2002).

SSC6: az FBXO31 fehérje feltételezések szerint megköti és felveszi az ubikvitinációhoz és lebomláshoz szükséges szubsztrátot (Zhang és mtsai, 2015). A FOXL1 kritikus szerepet játszik különböző folyamatok szabályozásában, beleértve az anyagcserét, a sejtproliferációt és a génexpressziót a gasztrointesztinális

1. táblázat

**Az összes született malacszámmal (TNB) összefüggésben lévő lókuszok,
genomiális elhelyezkedésük és a szomszédos gének**

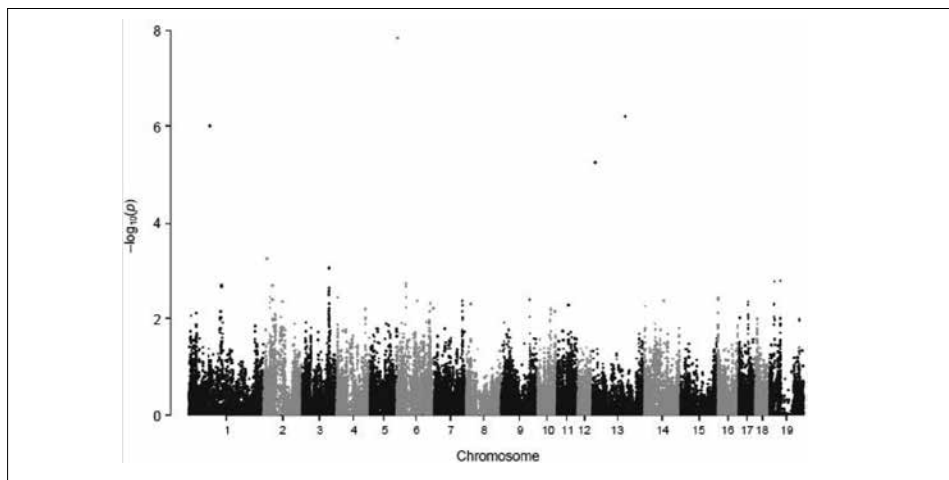
Marker ss azonosító (1)	Kromoszóma: pozíció (2)	$-\log_{10}P$	Markerhez közeli gén(ek) (3)	MAF (4)	FDR (5)
rs80878088	1:88143914	6,00	RFPL4B, MARCKS,	0,298	0,016
s336610321	6:2594634	7,86	FBXO31 FOXL1, MTHFSD	0,299	6,88e-4
rs326153933	13:139009753	6,22	FGF12	0,364	0,015

MAF: a kisebb számossággal előforduló allél gyakorisága; FDR: hamis felderítési arány

Table 1. List of loci associated with TNB, their genomic location and nearest genes

Marker ss ID (1); Chr:position (2); candidate gene(s) near the marker (3); Minor Allele Frequency (4); False Discovery Rate (5)

1. ábra Manhattan plot az összes született malacszámmal (TNB) kapcsoltasgot mutató polimorfizmusokról (SNP)



Az 1., 6. és 13. kromoszómán lévő lókuszok mutatják a legmagasabb $-\log_{10}P$ értékeket ($-\log_{10}P \geq 6$). A vízszintes tengelyen a 19-es szám az X kromoszómát jelzi.

Figure 1. Manhattan plot of SNPs regarding TNB

Loci on chromosomes 1, 6 and 13 display the highest $-\log_{10}P$ values (see dots ≥ 6) which are associated with TNB in HLW sows. Number 19 on horizontal axis refers to chromosome X.

epithelium megfelelő proliferációjához és differenciálódásához szükséges ontogenezis során (Genecard Database, I1). Az *MTHFSD* génben szekvenciaismétlődések pozitív korrelációt mutatnak az *MTHFSD* gén transzkripció szintjével nők petefészkében. Továbbá jelentős változásokat eredményeztek az alom méretét tekintve Xiang sertéspopulációban (Ran és mtsai, 2018).

SSC13: az *FGF12* esetében DNS-metiláció mintázatának változását fedezték fel az ivarzás idején és a sárgatest fázisban, ami gyakorlati szempontból fontos lehet a juhok ivarzás-szabályozásában (An és mtsai, 2018). Egy másik

kutatásban ezt a gént a szarvasmarha endometritiszhez kapcsolták (*Naderi és mtsai, 2018*).

Hét lókuszt azonosítottunk, amelyek kapcsolatba hozhatók a születésori alomsúllyal. Az SSC 5., 6., 14.,16.,17. és az X-kromoszómán helyezkednek el (2. táblázat, 2. ábra).

2. táblázat

A születésori alomsúllyal (LWA) összefüggésben lévő lókuszek, genomiális elhelyezkedésük és a legközelebbi gének

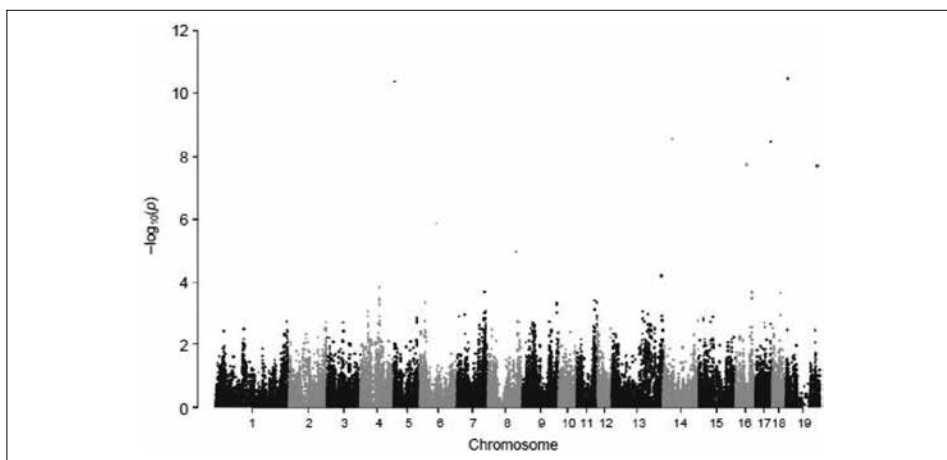
Marker ss azonosító (1)	Kromoszóma: pozíció (2)	$-\log_{10}P$	Markerhez közeli gén(ek) (3)	MAF (4)	FDR (5)
rs81382693	5:1912703	10,35	ARHGAP8, PRR5	0,425	1,10e-06
rs340060083	6:70048043	5,87	PADI2, PADI1	0,397	9,49e-03
rs345681434	14:39399038	8,56	MED13L, TBX3	0,115	4,53e-05
rs81459332	16:48711236	7,76	ERBB2IP	0,155	1,74e-04
rs80882327	17: 57391800	8,47	BMP7	0,492	4,22e-05
rs81473286	X:8718698	10,46	AMELX, ARHGAP6	0,446	1,73e-06
rs319594780	X:135147279	7,72	SLITRK klaszter	0,348	1,59e-04

MAF: a kisebb számossággal előforduló allél gyakorisága; FDR: hamis felderítési arány

Table 2. List of loci associated with LWA, their genomic location and nearest genes

Marker ss ID (1); Chr:position (2); candidate gene(s) near the marker (3); Minor Allele Frequency (4); False Discovery Rate (5)

2. ábra Manhattan grafikon a születésori alomsúllyal (LWA) kapcsoltságot mutató polimorfizmusokról (SNP)



Az 5., 6., 14.,16.,17. és az X kromoszómán lévő lókuszek mutatják a legmagasabb $-\log_{10}P$ értékeket ($-\log_{10}P > 5$). A vízszintes tengelyen a 19-es szám az X kromoszómát jelzi.

Figure 2. Manhattan plot of SNPs regarding LWA;

Loci on chromosomes 5, 6, 14, 16, 17 and X display the highest $-\log_{10}P$ values (see dots > 5) which are associated with LWA in HLW sows. Number 19 on horizontal axis refers to chromosome X.

SSC5: az ARHGAP8 hatással lehet a Maremmana szarvasmarhák ikerellésének gyakoriságára (*Moioli és mtsai, 2017*). A PRR5 fontos szerepet játszik a *PDGFRB* expresszió szabályozásában, amely részt vesz az embrió fejlődésében, az angiogenezisben, a sejtproliferációban és differenciálódásban, valamint a humán táplálkozási szokások kialakulásában (*McElroy és mtsai, 2018*).

SSC6: a PADI2 részt vesz az anyagcsere-folyamatokban, erős korrelációt mutat több magas angiogén egértörzs által megosztott haplotípussal. Emellett a PADI2 gátlása dóziszfüggő hatást mutatott a humán mikrovaszkuláris endotél sejtekben (*Khajavi és mtsai, 2017*). A PADI1 a peptidilarginin deimináz génklaszterek része. Diethyl-sztilbesztról (DES) beadását követően egérnél nagy sűrűségű ösztrogénreceptor-alfa-függő szuper-fokozót azonosítottak a PADI génklaszterben. Az adatok arra utaltak, hogy a DES megváltoztatja a méhfejlődést és következőképpen a felnőtt reprodukív funkciót oly módon, hogy módosítja az ösztrogén által szabályozott gének közelében lévő ER α kötőhelyeken lévő területet (*Jefferson és mtsai, 2018*). Továbbá kimutatták, hogy a PADI1 katalizált hiszton-citrullináció elengedhetetlen az egerek korai embriófejlődéséhez (*Zhang és mtsai, 2016*).

SSC14: a MED13L szabályozza a zigótageenom aktiválódását, szükséges az egér fejlődéséhez a beágyazódást követően (*Miao és mtsai, 2018*), illetve emberben a veleszületett szív- és idegrendszeri problémák velejárója (*Adegbola és mtsai, 2015*). A TBX3 és a holtan született egyedek száma között *Onteru és mtsai* (2012) összefüggést találtak.

SSC16: az ERBB2IP vagy ERBIN német sertésállományokban a kocák alomméretét befolyásoló gének egyike (*Spötter és mtsai, 2010*).

SSC17: a BMP7 fehérje kapcsolatban van reprodukciós paraméterekkel (LWA, NBA, M21D) (*Feng és mtsai, 2013*).

SSCX: Az AMELX a nemi meghatározás mellett (*Fontanesi és mtsai, 2008*) sertéseknél szerepet játszik a csontszövet felépítésében is (*Hatakeyama és mtsai, 2006*). Az ARHGAP6 egy helyen található az elzsírosodásra és növekedési tulajdonságokra hatással bíró QTL-ekkel (*Puig-Oliveras és mtsai, 2016*). A SLITRK2 részt vesz az idegrendszer neuronjai közötti szinapszisok képződésében, és serkenti a szinapszis-differenciálódást (*Beaubien és mtsai, 2016*).

Hét lókuszt azonosítottunk, amely kapcsolatban van a holtan született malacok számával. Ezek a lókuszek az 5., 6., 13., 14., 15., 16. és a 18. kromoszómán találhatóak (3. táblázat, 3. ábra).

Az SSC5 és SSC6 génjeit illetően lásd az 1. táblázat szerinti leírást.

SSC13: a CADM2 szabályozza a testtömeget és az energia homeosztázist egerekben (*Yan és mtsai, 2018*). A *SNORA70* gén több szarvasmarhafajtánál a szelekció mértékének jelzésében vesz részt (*Taye és mtsai, 2017*). A LIPI lehetséges funkciója a lizofoszfátidsav előállítás, amely több biológiai funkció fontos közvetítője (*Aoki és mtsai, 2007*).

SSC14: RPL6 kölcsönhatásba lép a hisztonokkal és részt vesz a DNS-károsodásra adott válaszreakcióban (*Yang és mtsai, 2018*).

SSC15: az *SCLY* expressziója az endometrium aminosav-transzportjával és anyagcseréjével, valamint tehének ivarzásával áll kapcsolatban (*França és mtsai, 2017*) és az egerek elhízási hajlamára is hatással van (*Seale és mtsai, 2015*).

SSC16: az EBF1 egy mikro-RNS-sel csendesített génexpressziós kaszkádnak

3. táblázat

Holtan született malacok számával (NBD) összefüggésben lévő lókuszek, genomiális elhelyezkedésük és a legközelebbi gének

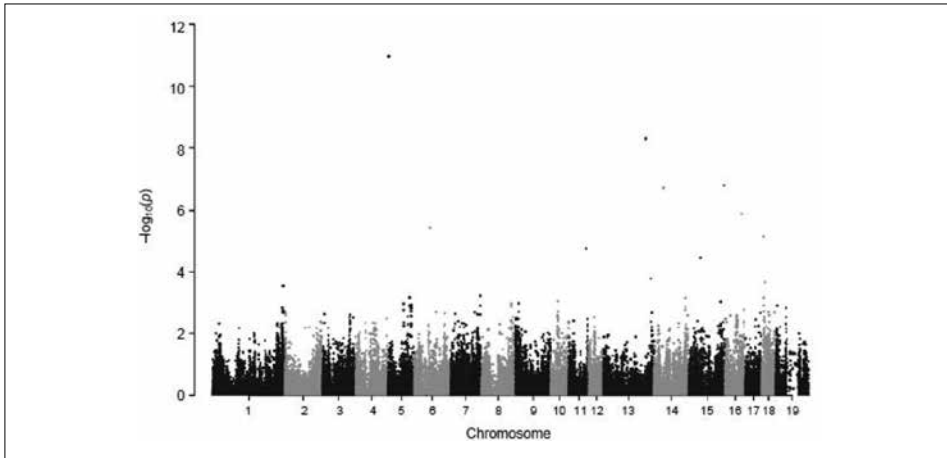
Marker ss azonosító (1)	Kromoszóma:pozíció (2)	$-\log_{10}P$	Markerhez közeli gének (3)	MAF (4)	FDR (5)
rs81382693	5:1912703	10,95	ARHGAP8	0,425	5,56e-07
rs340060083	6:70048043	5,43	PADI2, PADI1	0,397	3,03e-02
rs80893810	13:183254699	8,29	CADM2, LIPI SNORA70	0,335	1,27e-04
rs80845657	14:41396206	6,72	RPL6, TBX3	0,095	2,35e-03
rs329723588	15:152057161	6,81	SCLY	0,090	2,58e-03
rs338594773	16:70502947	5,90	EBF1	0,365	1,24e-02
rs333328959	18:8927486	5,15	BRAF, MKRN1, PPAR	0,069	4,99e-02

MAF: a kisebb számassággal előforduló allél gyakorisága; FDR: hamis felderítési arány

Table 3. List of loci associated with NBD, their genomic location and nearest genes

Marker ss ID (1); Chr:position (2); candidate gene(s) near the marker (3); Minor Allele Frequency (4); False Discovery Rate (5)

3. ábra Manhattan grafikon a holtan született malacok számával (NBD) kapcsoltságot mutató polimorfizmusokról (SNP)



Az 5., 6., 13., 14., 15., 16., 18. kromoszómán lévő lókuszek mutatják a legmagasabb $-\log_{10}P$ értékeket ($-\log_{10}P > 5$). A vízszintes tengelyen a 19-es szám az X kromoszómát jelzi.

Figure 3. Manhattan plot of SNPs associated with NBD

Loci on chromosomes 5, 6, 13, 14, 15, 16 and 18 display the highest $-\log_{10}P$ values (see dots >5) which are associated with LWA in HLW sows. Number 19 on horizontal axis refers to chromosome X.

a tagja. Az EBF1 különböző mértékű leszabályozásával különféle fajtájú kocák esetében (Taniguchi és mtsai, 2014) másképpen fejeződik ki.

SSC18: a BRAF gént a Berkshire és a koreai ősi fajták összehasonlító szelekciója során fedezték fel (Edea és Kim, 2014). Az MKRN1 fehérje (Cassar és mtsai,

2015), az adipogenezis szabályozásában vesz részt. A *PPAR* gén az elhízásra és az anyagcsere-betegségekre van hatással (Kim és mtsai, 2014).

A születéskori alomsúly és a holtan született malacok számának összehasonlításakor megfigyelhető volt az 5. és 6. kromoszómákon található lókuszok azonossága. Ennek a lehetséges magyarázata az, hogy a nagy alomméret esetében kisebb az átlagos születési súly, több malac is 1 kg alatti súllyal születik. Ez a tényező negatív hatással van a malacok életképességére és súlygyarapodására (Magnaboscoa és mtsai, 2016).

Egyetlen lókuszt találtunk az 1. kromoszómán, amely összefüggésbe hozható a 21 napos átlagos alomsúly alakulásával (4. táblázat, 4. ábra).

4. táblázat

A 21 napos átlagos alomsúly (M21D) alakulására hatással lévő lókusz, genomialis elhelyezkedése és a legközelebbi gének

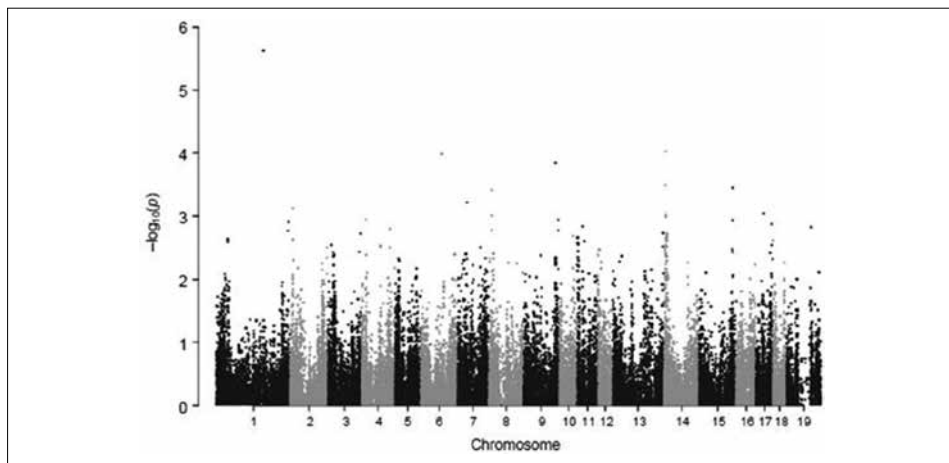
Marker ss azonosító (1)	Kromoszóma:pozíció (2)	$-\log_{10}P$	Markerhez közeli gén(ek) (3)	MAF (4)	FDR (5)
rs699316219	1:200350940	5,62	ARF6, ABHD12B	0,461	0,117

MAF: a kisebb számassággal előforduló allél gyakorisága; FDR: hamis felderítési arány

Table 4. The locus associated with M21D, its genomic location and nearest genes

Marker ss ID (1); Chr:position (2); candidate gene(s) near the marker (3); Minor Allele Frequency (4); False Discovery Rate (5)

4. ábra Manhattan grafikon a holtan született malacok számával (NBD) kapcsoltságot mutató polimorfizmusról (SNP)



Az 1. kromoszómán lévő lókusz mutatja a legmagasabb $-\log_{10}P$ értéket ($-\log_{10}P > 5$). A vízszintes tengelyen a 19-es szám az X kromoszómát jelzi.

Figure 4. Manhattan plot of the only locus associated with M21D

This SNP is located on chromosome 1 and displays the highest $-\log_{10}P$ value (see dot >5). Number 19 on horizontal axis refers to chromosome X.

SSC1: az ARF6 fehérje minden vizsgált sertésszövetben megtalálható, legnagyobb gyakorisággal a vesében és a gyomorban, legritkább előfordulással az izomban és a szívben (*Zhang és mtsai, 2010*). ABHD12B a sertés elhízásával kapcsolt várományos gén (*Kogelman és mtsai, 2015*).

A két fialás között eltelt idő (IBL) esetében a 21 napos átlagos alomsúlyhoz hasonlóan egyetlen nagy hatású SNP-t találtunk, amely a 8. kromoszómán helyezkedik el (5. táblázat, 5. ábra).

5. táblázat

A két fialás között eltelt idő (IBL) alakulására hatással lévő lókuszt, genomiai elhelyezkedése és a legközelebbi gének

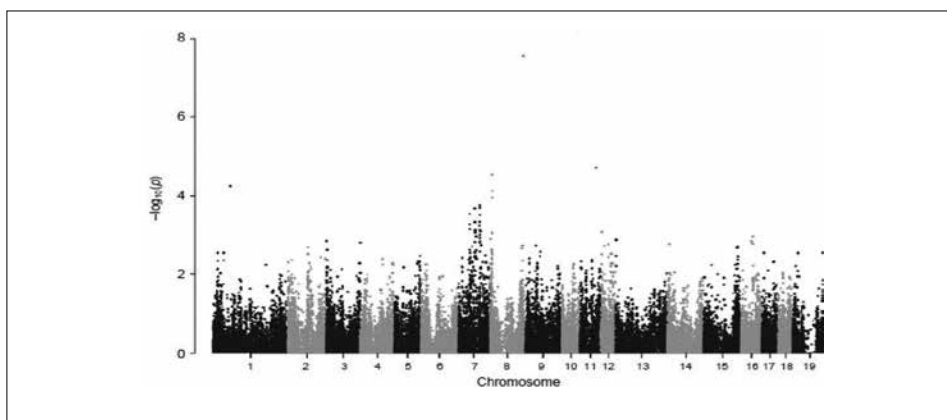
Marker ss azonosító (1)	Kromoszóma:pozíció (2)	$-\log_{10}P$	Markerhez közeli gén(ek) (3)	MAF (4)	FDR (5)
rs81301813	8:140274549	7,56	PKD2, SPP1, MAPK10	0,001	1,35e-03

MAF: a kisebb számossággal előforduló allél gyakorisága; FDR: hamis felderítési arány

Table 5. The locus associated with IBL, its genomic location and nearest genes

Marker ss ID (1); Chr:position (2); candidate gene(s) near the marker (3); Minor Allele Frequency (4); False Discovery Rate (5)

5. ábra Manhattan grafikon a két fialás között eltelt idővel (IBL) kapcsoltságot mutató polimorfizmusról (SNP)



A 8. kromoszómán lévő lókuszt mutatja a legmagasabb $-\log_{10}P$ értéket ($-\log_{10}P > 7$). A vízszintes tengelyen a 19-es szám az X kromoszómát jelzi.

Figure 5. Manhattan plot of the only locus associated with IBL

This SNP is located on chromosome 8 and displays the highest $-\log_{10}P$ value (see dot >7). Number 19 on horizontal axis refers to chromosome X.

SSC8: a PKD2 számos folyamatban részt vesz, beleértve az aorta kialakulását, a kalcium-áteresztő csatorna szabályozását és a placenta kialakulását stb. (I2). Az *SPP1* gén hatással van a születés kori, a 21 és a 70 napos testtömegre, valamint a legnagyobb átlagos napi súlygyarapodásra a korai fejlődési időszakban (*Han*

és *mtsai*, 2012). MAPK10 egyike azon várományos géneknek, amelyek hatással vannak német állományokban a kocák alomméretére (*Spötter és mtsai*, 2010).

KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

Tanulmányunkban a hazai nagyfehér minták szaporodásbiológiai adatainak segítségével feltártuk a vizsgált tulajdonságokkal összefüggésbe hozható nukleotid-polimorfizmusokat.

A genetikai elemzés lehetővé teszi a legfontosabb SNP-k alléljaival végzett közvetlen szelekciót, figyelembe véve, hogy a szelekciós döntéseket a gazdasági szempontok mellett nagymértékben befolyásolja a tenyésztékbecslés is. A markerek segítségével végzett szelekció alkalmazásával, az említett kromoszómákon lévő lókuszek kedvező hatású alléljainak kiválasztásával, növelhető a születéskori malacszám, születéskori alomsúly és a 21 napos átlagos alomsúly, illetve csökkenthető a születéskori elhullás és a fialások között eltelt idő hossza.

Véleményünk szerint a kapott eredményekkel olyan lehetőségek nyílnak meg a gyakorlatban részt vevő szakemberek számára, amellyel a magyar fajtákra alapozott sertésenyésztés jövője biztosabb alapokra helyezhető.

IRODALOMJEGYZÉK

- Adegbola, A. – Musante, L. – Callewaert, B. – Maciel, P. – Hu, H. – Isidor, B. – Picker-Minh, S. – Le Caignec, C. – Delle Chiaie, B. – Vanakker, O. – Menten, B. – Dheedene, A. – Bockaert, N. – Roelens, F. – Decaestecker, K. – Silva, J. – Soares, G. – Lopes, F. – Najmabadi, H. – Kahrizi, K. – Cox, G. F. – Angus, S. P. – Staropoli, J. F. – Fischer, U. – Suckow, V. – Bartsch, O. – Chess, A. – Ropers, H. H. – Wienker, T. F. – Hübner, C. – Kaindl, A. M. – Kalscheuer, V. M. (2015): Redefining the MED13L syndrome. Eur. J. Hum. Genet., 23. 1308-1317.*
- An, X. – Ma, H. – Han, P. – Zhu, C. – Cao, B. – Bai, Y. (2018): Genome-wide differences in DNA methylation changes in caprine ovaries between oestrous and dioestrous phases. J. Anim. Sci. Biotechnol., 9. 85.*
- Aoki, J. – Inoue, A. – Makide, K. – Saiki, N. – Arai, H. (2007): Structure and function of extracellular phospholipase A1 belonging to the pancreatic lipase gene family. Biochimie, 89. 197-204.*
- Arbuzova, A. – Arndt, A. – Schmitz, A. P. – Vergères, G. (2002): Cross-talk unfolded: MARCKS proteins. Biochem. J., 362. 1-12.*
- Armitage, P. (1955): Tests for linear trends in proportions and frequencies. Biometrics, 11. 3.*
- Baltay, M. (1983): Magyarországi sertésfajták és – hibridek. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.*
- Beaubien, F. – Raja, R. – Kennedy, T. E. – Fournier, A. E. – Cloutier, J. F. (2016): Slitrk1 is localized to excitatory synapses and promotes their development. Sci. Rep., 6. 27343.*
- Bergfelder-Drüing, S. – Grosse-Brinkhaus, C. – Lind, B. – Erbe, M. – Schellander, K. – Simianer, H. – Tholen, E. (2015): A genome-wide association study in Large White and Landrace pig populations for number piglets born alive. PLOS ONE, 10. 3.*
- Cassar, P. A. – Carpenedo, R. L. – Samavarchi-Tehrani, P. – Olsen, J. B. – Park, C. J. – Chang, W. Y. – Chen, Z. – Choey, C. – Delaney, S. – Guo, H. – Guo, H. – Tanner, R. M. – Perkins, T. J. – Tenenbaum, S. A. – Emili, A. – Wrana, J. L. – Gibbins, D. – Stanford, W. L. (2015): Integrative genomics positions MKRN1 as a novel ribonucleoprotein within the embryonic stem cell gene regulatory network. EMBO Rep., 16. 1334-1357.*
- Edea, Z. – Kim, K. S. (2014): A whole genomic scan to detect selection signatures between Berkshire and Korean native pig breeds. J. Anim. Sci. Technol., 56. 23.*
- Fagerberg, L. – Hallström, B. M. – Oksvold, P. – Kampf, C. – Djureinovic, D. – Odeberg, J. – Habuka, M. – Tahmasebpoor, S. – Danielsson, A. – Edlund, K. – Asplund, A. – Sjöstedt, E. – Lundberg, E.*

- Szigyarto, C. A. – Skogs, M. – Takanen, J. O. – Berling, H. – Tegel, H. – Mulder, J. – Nilsson, P. – Schwenk, J. M. – Lindskog, C. – Danielsson, F. – Mardinoglu, A. – Sivertsson, A. – von Feilitzen, K. – Forsberg, M. – Zwahlen, M. – Olsson, I. – Navani, S. – Huss, M. – Nielsen, J. – Ponten, F. – Uhlén, M. (2014): Analysis of the human tissue-specific expression by genome-wide integration of transcriptomics and antibody-based proteomics. *Mol. Cell. Proteomics*, 13. 397-406.
- Feng, X. – Xie, S. Y. – Zhou, J. S. – Sun, G. R. – Lu, P. – Li, M. (2013): Polymorphisms of the bone morphogenetic protein 7 gene (BMP7) and association analysis with sow productive traits. *Anim. Reprod. Sci.*, 142. 56-62.
- Fontanesi, L. – Scotti, E. – Russo, V. (2008): Differences of the porcine amelogenin X and Y chromosome genes (AMELX and AMELY) and their application for sex determination in pigs. *Mol. Reprod. Dev.*, 75. 1662-1668.
- França, M. R. – da Silva M. I. S. – Pugliesi, G. – Van Hoek, V. – Binelli, M. (2017): Evidence of endometrial amino acid metabolism and transport modulation by peri-ovulatory endocrine profiles driving uterine receptivity. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 8. 54.
- Han, S. H. – Shin, K. Y. – Lee, S. S. – Ko, M. S. – Oh, H. S. – Cho, I. C. (2012): Porcine SPP1 gene polymorphism association with phenotypic traits in the Landrace x Jeju (Korea) Black pig F2 population. *Mol. Biol. Rep.*, 39. 7705-7709.
- Hatakeyama, J. – Philp, D. – Hatakeyama, Y. – Haruyama, N. – Shum, L. – Aragon, M. A. – Yuan, Z. – Gibson, C. W. – Sreenath, T. – Kleinman, H. K. – Kulkarni, A. B. (2006): Amelogenin-mediated regulation of osteoclastogenesis, and periodontal cell proliferation and migration. *J. Dent. Res.*, 85. 144-149.
- Horn, A. (1976): Állattenyésztés III. Sertésenyésztés. Baromfityésztés, Nyúl- és prémesállattenyésztés, haltenyésztés, Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Horn, P. – Pászthy, Gy. – Bene, Sz. (2011): Sertésenyésztés. Kaposvári Egyetem; Nyugat-Magyarországi Egyetem; Pannon Egyetem.
- Jefferson, W. N. – Kinyamu, H. K. – Wang, T. – Miranda, A. X. – Padilla-Banks, E. – Suen, A. A. – Williams, C. J. (2018): Widespread enhancer activation via ER α mediates estrogen response in vivo during uterine development. *Nucleic Acids Res.*, 46. 5487-5503.
- Kang, J. H. – Lee, E. A. – Lee, S. H. – Kim, S. H. – Lee, D. H. – Hong, K. C. – Park, H. B. (2017): Genome-wide association study for sow lifetime productivity related traits in a Landrace purebred population. *Livest. Sci.*, 202. 21-24.
- Khajavi, M. – Zhou, Y. – Birsner, A. E. – Bazinet, L. – Rosa Di Sant, A. – Schiffer, A. J. – Rogers, M. S. – Krishnaji, S. T. – Hu, B. – Nguyen, V. – Zon, L. – D'Amato, R. J. (2017): Identification of Padi2 as a novel angiogenesis-regulating gene by genome association studies in mice. *PLOS Genet.*, 13. 6.
- Kim, J. H. – Park, K. W. – Lee, E. W. – Jang, W. S. – Seo, J. – Shin, S. – Hwang, K. A. – Song, J. (2014): Suppression of PPAR γ through MKRN1-mediated ubiquitination and degradation prevents adipocyte differentiation. *Cell Death Differ.*, 21. 594-603.
- Kogelman, L. J. – Zernakova, D. V. – Westra, H. J. – Cirera, S. – Fredholm, M. – Franke, L. – Kadarmideen, H. N. (2015): An integrative systems genetics approach reveals potential causal genes and pathways related to obesity. *Genome Med.*, 7. 105.
- Lei, B. – Gao, S. – Luo, L. F. – Xia, X. Y. – Jiang, S. W. – Deng, C. Y. – Xiong, Y. Z. – Li, F. E. (2011): A SNP in the miR-27a gene is associated with litter size in pigs. *Mol. Biol. Rep.*, 38. 3725-3729.
- Magnabosco, D. – Bernardib, M. L. – Wentz, I. – Cunha, E. C. P. – Bortolozzo, F. P. (2016): Low birth weight affects lifetime productive performance and longevity of female swine. *Livest. Sci.*, 184. 119-125.
- McElroy, S. L. – Winham, S. J. – Cuellar-Barboza, A. B. – Colby, C. L. – Ho, A. M. – Sicotte, H. – Larrabee, B. R. – Crow, S. – Frye, M. A. – Biernacka, J. M. (2018): Bipolar disorder with binge eating behavior: a genome-wide association study implicates PRR5-ARHGAP8. *Transl. Psychiatry*, 8. 40.
- Miao, Y. L. – Gambini, A. – Zhang, Y. – Padilla-Banks, E. – Jefferson, W. N. – Bernhardt, M. L. – Huang, W. – Li, L. – Williams, C. J. (2018): Mediator complex component MED13 regulates zygotic genome activation and is required for postimplantation development in the mouse. *Biol. Reprod.*, 98. 449-464.

- Moioli, B. – Steri, R. – Marchitelli, C. – Catillo, G. – Buttazzoni, L. (2017): Genetic parameters and genome-wide associations of twinning rate in a local breed, the Maremmana cattle. *Animal*, 11. 1660-1666.
- Naderi, S. – Bohlouli, M. – Yin, T. – König, S. (2018): Genomic breeding values, SNP effects and gene identification for disease traits in cow training sets. *Anim. Genet.*, 49. 178-192.
- Onteru, S. K. – Fan, B. – Du, Z. Q. – Garrick, D. J. – Stalder, K. J. – Rothschild, M. F. (2012): A whole-genome association study for pig reproductive traits. *Anim. Genet.*, 43. 18-26.
- Puig-Oliveras, A. – Revilla, M. – Castelló, A. – Fernández, A. I. – Folch, J. M. – Ballester, M. (2016): Expression-based GWAS identifies variants, gene interactions and key regulators affecting intramuscular fatty acid content and composition in porcine meat. *Sci. Rep.*, 6. 31803.
- Ran, X. Q. – Pan, H. – Huang, S. H. – Liu, C. – Niu, X. – Li, S. – Wang, J. F. (2018): Copy number variations of MTHFSD gene across pig breeds and its association with litter size traits in Chinese indigenous Xiang pig. *J. Anim. Physiol. Anim. Nutr.* 102. 1320-1327.
- Sato, S. – Kikuchi, T. – Uemoto, Y. – Mikawa, S. – Suzuki, K. (2016): Effect of candidate gene polymorphisms on reproductive traits in a Large White pig population. *Anim. Sci. J.*, 87. 1455-1463.
- Seale, L. A. – Gilman, C. L. – Hashimoto, A. C. – Ogawa-Wong, A. N. – Berry, M. J. (2015): Diet-induced obesity in the selenocysteine lyase knockout mouse. *Antioxid. Redox. Signal*, 23. 761-774.
- Segura, V. – Vilhjálmsson, B. J. – Platt, A. – Korte, A. – Seren, Ü. – Long, Q. – Nordborg, M. (2012): An efficient multi-locus mixed model approach for genome-wide association studies in structured populations. *Nat. Genet.*, 44. 825–830.
- Spötter, A. – Hamann, H. – Müller, S. – Distl, O. (2010): Effect of polymorphisms in four candidate genes for fertility on litter size in a German pig line. *Reprod. Domest. Anim.*, 45. 579-584.
- Suwannasing, R. – Duangjinda, M. – Boonkum, W. – Taharnklaew, R. – Tuangsitthanon, K. (2018): The identification of novel regions for reproduction trait in Landrace and Large White pigs using a single step genome-wide association study. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.*, 31. 1852-1862.
- Taniguchi, M. – Nakajima, I. – Chikuni, K. – Kojima, M. – Awata, T. – Mikawa, S. (2014): MicroRNA-33b downregulates the differentiation and development of porcine preadipocytes. *Mol. Biol. Rep.*, 41. 1081-1090.
- Taye, M. – Lee, W. – Jeon, S. – Yoon, J. – Dessie, T. – Hanotte, O. – Mwai, O. A. – Kemp, S. – Cho, S. – Oh, S. J. – Lee, H. K. – Kim, H. (2017): Exploring evidence of positive selection signatures in cattle breeds selected for different traits. *Mamm. Genome*, 28. 528-541.
- Tempfli, K. – Farkas, G. – Simon Z. – Bali Papp A. (2011): Effects of prolactin receptor genotype on the litter size of Mangalica. *Acta Vet. Hung.*, 59. 269-277.
- Topigs -Loenen, P. (2013): A TOPIGS az alomsúlyokért és az almok egyöntetűségéért felelős SNP-ket (egyszerű nukleotid-polimorfizmusokat) talált. Sajtóközlemény.
- Tremoen, N. H. – Van Son, M. – Andersen-Ranberg, I. Grindflek, E. – Myromslien, F. D. – Gaustad, A. H. – Våge, D. I. (2019): Association between single-nucleotide polymorphisms within candidate genes and fertility in Landrace and Duroc pigs. *Acta Vet. Scand.*, 61. 58 <https://doi.org/10.1186/s13028-019-0493-x>
- Uimari, P. – Sironen, A. – Sevón-Aimonen, M. L. (2011): Whole-genome SNP association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed. *Genet. Sel. Evol.*, 43. 42.
- Wang, Y. – Ding, X. – Tan, Z. – Xing, K. – Yang, T. – Pan, Y. – Wang, Y. – Mi, S. – Sun, D. – Wang, C. (2018): Genome-wide association study for reproductive traits in a Large White pig population. *Anim. Genetics*, 49. 127-131.
- Wu, P. – Wang, K. – Yang, Q. – Zhou, J. – Chen, D. – Ma, J. – Tang, Q. – Jin, L. – Xiao, W. – Jiang, A. – Jiang, Y. – Zhu, L. – Li, M. – Li, X. – Tang, G. (2018): Identifying SNPs and candidate genes for three litter traits using single-step GWAS across six parities in Landrace and Large White pigs. *Physiol. Genomics*. 50. 1026-1035.
- Xiao-Lei, L. – Song-Bai, Y. – Rothschild, M. F. – Zhi-Wu, Z. – Bin, F. (2012): Genome-wide association study of total number born and number born alive in pigs using both compressed mixed linear model and Bayes model. *China Sci. J.*, 34. 1261-1270.

- Yan, X. – Wang, Z. – Schmidt, V. – Gauert, A. – Willnow, T. E. – Heinig, M. – Poy, M. N. (2018): *Cadm2* regulates body weight and energy homeostasis in mice. *Mol. Metab.*, 8. 180-188.
- Yang, C. – Zang, W. – Ji, Y. – Li, T. – Yang, Y. – Zheng, X. (2018): Ribosomal protein L6 (RPL6) is recruited to DNA damage sites in a poly (ADP-ribose) polymerase-dependent manner and regulates the DNA damage response. *J. Biol. Chem.* doi: 10.1074/jbc.RA118.007009
- Zhang, R. – Lei, T. – Qi, Y. – Lei, P. – Chen, Z. – Chen, X. – Yang, Z. (2010): Molecular cloning, chromosomal localization and expression pattern of porcine ADP-ribosylation factor (Arf) gene family. *J. Anim. Sci.*, 81. 425-431.
- Zhang, B. – Yu, C. – Lin, M. – Fu, Y. – Zhang, L. – Meng, M. – Xing, S. – Li, J. – Sun, H. – Gao, F. – Zhou, G. (2015): Regulation of skeletal muscle protein synthetic and degradative signaling by alanylglutamine in piglets challenged with *Escherichia coli* lipopolysaccharide. *Nutrition*, 31. 749-756.
- Zhang, X. – Liu, X. – Zhang, M. – Li, T. – Muth, A. – Thompson, P. R. – Coonrod, S. A. – Zhang, X. (2016): Peptidylarginine deiminase 1-catalyzed histone citrullination is essential for early embryo development. *Sci. Rep.*, 6. 38727.

I1: <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=FOXL1&keywords=foxl1>

I2: <https://www.uniprot.org/uniprot/D4A5F1>

Érkezett: 2019. december

Szerzők címe: Balogh E. – Dálnoki A. B. – Rózsa L. – Rátky J. – Zsolnai A. – Anton I.
NAIK-Állattenyésztési, Takarmányozási és Húsipari Kutatóintézet
Authors' address: Research Institute for Animal Breeding, Nutrition and Meat Science
H-2053 Herceghalom, Gesztenyés út 1.

Balogh E.

Debreceni Egyetem, Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
University of Debrecen, Doctoral School of Animal Science
H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.

Zsolnai A.

Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ Génmegőrzés-tudományi és
Kisállattenyésztési Kutatóintézet
National Centre for Biodiversity and Gene Conservation, Institute for Farm Animal
Gene Conservation
H-2100 Gödöllő, Isaszegi út 200.

Rátky J.

Állatorvostudományi Egyetem,
Szülészeti Tanszék és Haszonállat-Gyógyászati Klinika
University of Veterinary Medicine,
Department of Obstetrics and Food Animal Medicine Clinic
H-1078 Budapest, István utca 2.
Debreceni Egyetem,
Mezőgazdaság- Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar,
Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet,
Állattenyésztéstani Tanszék
University of Debrecen,
Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management,
Institute of Animal Science, Biotechnology and Nature, Department of Animal
Husbandry
H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.

A PULYKAHÚS TÁPLÁLÓANYAG-TARTALMÁNAK NÖVELESE, ORGANOLEPTIKUS TULAJDONSÁGAINAK, VALAMINT A HÚS FELDOLGOZHATÓSÁGÁT BEFOLYÁSOLÓ TÉNYEZŐKNEK A MÓDOSÍTÁSA A TAKARMÁNY LENOLAJ-KIEGÉSZÍTÉSÉVEL

ZSÉDELY ESZTER – TEMPFLI KÁROLY – TURCSÁN ZSOLT – TURCSÁN LÁSZLÓ –
SCHMIDT JÁNOS

ÖSSZEFOGLALÁS

Az egész évre kiterjedő pulykahús-fogyasztást az tette lehetővé, hogy megjelentek és elterjedtek az idősebb, 18-22 hetes korban vágott, nagytestű hibridpulyka-állományok. Converter, szexált pulykakakasokkal végzett hizlalási kísérletben megállapították, hogy a pulykák takarmányának 1% lenolajjal történő kiegészítése – a takarmány energiakonzentrációjának növelésével – javította az állatok takarmányhasznosítását, növelte ω -3 zsírsav-, mindenekelőtt α -linolénsav-ellátottságukat, aminek eredményeként javult a pulykahús táplálkozási értéke. Az organoleptikus hatásokat valamint a feldolgozhatóságot befolyásoló tényezőket a lenolaj-kiegészítés sem a mell-, sem a combhús esetében nem befolyásolta szignifikánsan.

SUMMARY

Zsédely, E. – Tempfli, K. – Turcsán, Zs. – Turcsán, L. – Schmidt, J.: INCREASING NUTRIENT VALUE AND INFLUENCING ORGANOLEPTIC CHARACTERISTICS AND PROCESSING PROPERTIES OF TURKEY MEAT BY DIETARY LINSEED OIL SUPPLEMENTATION

Throughout the year turkey consumption has been facilitated by the occurrence and widespread use of heavy turkey hybrids capable to produce market-ready animals within 18-22 weeks of age. In the present experiment with sexed male Converter turkeys, it was concluded that 1% linseed oil supplementation improved the feed conversion ratio of animals through increasing feed energy concentration; furthermore, the supplemented feed provided increased ω -3 fatty acid (especially α -linolenic acid) supply, leading to an improvement in the nutritional value of turkey meat. Organoleptic characteristics and properties of meat processing were not affected significantly by linseed oil supplementation neither in breast nor in thigh muscle samples.

BEVEZETÉS

A pulykatenyésztés kérdéskörében Európa több országához hasonlóan hazánk is egy évszázadot meghaladó tapasztalatokkal rendelkezik, ugyanis a karácsonyi pulykasült Magyarországon is közkedvelt, hagyományos étel volt, amelyhez az alapanyag jelentős részét a magyar baromfiipar szolgáltatta nemcsak a hazai fogyasztók részére, hanem szállította a nyugat-európai országokba, Angliát is beleértve.

Az egész évre kiterjedő pulykahúsfogyasztás az 1970-80-as évektől terjedt el, amit hazánkban is az tett lehetővé, hogy megjelentek a nagytestű hibridpulyka állományok, amelyeket a hagyományos fajtáknál később (18-22 hetes korban) és nagyobb testtömeeggel (19,0-21,0 kg) vágnak le.

A Föld országainak a hústermelése az 1960-2010 közötti 50 évben 68,02 millió tonnáról 290,84 millió tonnára, azaz 4,27-szeresére növekedett. Egyidejűleg a világ népessége 6,84 milliárd főre, azaz csaknem 2,26-szorosára nőtt, amiből következően a világ számos országában érdemben javult, majdnem megkétszereződött, a húsellátás. Az egyes állatfajok közül a legnagyobb mértékben (12,32%-kal) a baromfiállomány hústermelése nőtt, amelyet a sertésállomány hústermelése (4,50%) követett (Kozák, 2015). A sort a 2,40%-os, valamint a 2,14%-os hústermelést produkáló szarvasmarha, illetve juh- és kecskeállomány zárja. Az a tény, hogy a hústermelés növeléséhez elsősorban az abrakot fogyasztó állatfajok (baromfi, sertés) járultak hozzá, csökkenti a humán táplálkozás céljaira is felhasználható gabona- és hüvelyes magvak mennyiségét. Ahhoz, hogy tartósan ne álljon elő ilyen helyzet, egyes humán táplálkozási tényezők (a húsfogyasztás optimális mértékének újragondolása) mellett ökonómiai megfontolásokra (a hústermelés erőforrás-igényének pontosítása) is szükség van.

Az 1. táblázat adatai Kozák (2015) összeállítása alapján arról nyújtanak tájékoztatást, hogy milyen arányban vesz részt néhány ország – köztük hazánk -, valamint az Európai Unió a világ hústermelésében. Megállapítható, hogy a hazai hústermelést a legnagyobb arányban a baromfiágazat, illetve azon belül a húzottmáj- (9,59%), valamint a pulykahús- (1,50%), illetve a kacsa-hústermelés (1,41%) képviselte. Sertés-hústermelésünk a világ hústermelésének a 0,36%-át kitevő teljesítményével a hazai rangsor 5. helyét foglalja el. Szarvasmarha-állományunk a világ termelésének 0,04%-os részarányával a lehetségesnél szerényebb eredményt ért el.

Annak ellenére, hogy hazánkban a pulykahizlalás a baromfiágazat jobban teljesítő szakterületei közé tartozik, a hizlalási eredmények (tömeggyarapodás, takarmányhasznosítás, a vágottáru minősége) egyes országokhoz képest javításra szorulnak. Ez az esetek egy részében az állatok takarmányozásának kisebb-nagyobb módosításával korrigálható.

IRODALMI ÁTTEKINTÉS

Az irodalomban számos olyan kísérleti eredmény áll rendelkezésre, amelyek azt igazolják, hogy mind az ω -3, mind az ω -6 csoportba tartozó zsírsavak fontos szerepet játszanak nemcsak az emberek, hanem a gazdasági állatok zsírforgalmában is. Nemcsak a nemzetközi, hanem a hazai szakirodalomban is számos

1. táblázat

Az Európai Unió és a világ néhány országának részesedése a világ hústermeléséből 2012-ben (%)
(FAOSTAT 2014)

Összes hús (1)	Marhahús (2)		Sertéshús (3)		Baromfihús (4)		Juh- és kecskehús (5)	
	USA	Brazília	Kína	USA	USA	Kína	Kína	India
Kína	26,83	14,70	45,82	9,67	18,74	17,88	28,92	6,51
USA	14,07	9,90	5,02	3,17	11,41	3,17	4,24	3,49
Brazília	8,25	3,36	3,17	2,68	0,40	2,68	3,40	7,02
Németország	2,71	12,15	20,93	11,95	0,40	11,95	0 *	0 *
Oroszország	2,69	0,04	0,36	0,36	0,40	0,36	0,40	0 *
EU	14,88	0,04	0,36	0,36	0,40	0,36	0,40	0 *
Magyarország	0,28	0,04	0,36	0,36	0,40	0,36	0,40	0 *
Tyúkhús (6)	Pulykahús (7)		Kacsa (8)		Liba- és gyöngytyúk (9)		Hízott máj (10)	
USA	18,35	48,25	68,84	68,84	68,84	68,84	71,60	71,60
Kína	14,26	9,09	6,43	6,43	1,16	1,16	10,45	10,45
Brazília	12,43	8,27	2,63	2,63	1,03	1,03	9,59	9,59
Oroszország	3,56	6,75	2,44	2,44	0,65	0,65	2,99	2,99
Mexikó	3,00	5,73	2,12	2,12	0,48	0,48	1,86	1,86
EU	11,07	20,93	11,45	11,45	2,66	2,66	94,81	94,81
Magyarország	0,27	1,50	1,41	1,41	1,03	1,03	9,59	9,59

* nagyon kicsi érték (very small value), kerekítés után is 0

Table 1. Share of the EU and some countries in the meat production of the world (%) in 2012

meat together (1); beef (2); pork (3); poultry (4); goat and sheep (5); hen (6); turkey (7); duck (8); goose and guinea-fowl (9); foie gras (10)

publikáció jelent meg, amelyek baromfifélékben különböző zsírokkal és olajokkal történő kiegészítés eredményeit közli (pl. *Chanmugam és mtsai*, 1992; *Manilla és mtsai*; 1999; *Blanch és mtsai*, 2000; *Crespo és Esteve-Garcia*, 2002; *Bartos és mtsai*, 2004). Ezek alapján megállapítható, hogy egyes szóban forgó zsírsavak nemcsak az ember, hanem a gazdasági állatok számára is esszenciálisak. Brojlercsirkékkel, tojótúyúkokkal, hús- és májlibákkal, hízónyulakkal és hízósertésekkel végzett saját kísérleteink során megállapítottuk (*Schmidt és mtsai*, 2008; *Zsédely*, 2008), hogy nagy (53-56%) α -linolénsav-tartalma folytán a lenolajjal végzett kiegészítés szignifikánsan kedvezőbbé tette a kísérleti állatok termékeinek (súlygyarapodás, tojás) zsírsavösszetételét és ezzel a tápanyagtartalmát. Ugyanakkor korábbi kísérleteink során némely esetben előfordult, hogy amikor 1-2%-nál nagyobb mennyiségű lenolajjal egészítettük ki az állatok takarmányát, a húsból készült ételeken kis mértékben érezhető volt a lenolaj íze, amit a fogyasztók egy része nem kedvelt (*Schmidt és mtsai*, 2008).

A gazdasági állatok takarmányozásával foglalkozó szakirodalomban számos olyan publikáció ismert, amelyek azt támasztják alá, hogy a takarmányozás igen sokoldalú hatást gyakorol nemcsak az állatok termelési paramétereire, hanem az állati termékek összetételére és minőségére is. Erre jó példa a takarmányok zsírtartalmának, zsírsavösszetételének az állatok termelésének színvonalára, a termékek zsírsavösszetételére gyakorolt hatása. Igaz ez elsősorban a többszörösen telítetlen (PUFA) zsírsavakra, mindenekelőtt az ω -3 és az ω -6 zsírsavakra. Az ω -6 zsírsavak közül a linolsavat ($C_{18:2}$), az ω -3 zsírsavak közül pedig az α -linolénsavat ($C_{18:3}$) szükséges megemlíteni. Mindkét említett zsírsav esszenciális, amelyekhez az emberek és a gazdasági állatok is csak élelmiszerekkel, illetve takarmányokkal juthatnak hozzá. Az ember, valamint a gazdasági állatok szervezetében mindkét említett zsírsav elongációval és deszaturációval további PUFA-vá alakulhat át, amely folyamatok során a linolsavból arachidonsav ($C_{20:4}$), az α -linolénsavból pedig EPA (eikozapentaénsav, $C_{20:5}$) vagy DHA (dokozahexaénsav, $C_{22:6}$) keletkezhet (*Simopoulos*, 1991).

A linolsav, az α -linolénsav, az EPA, valamint a DHA fontos hatása, hogy beépülnek a sejtmembránok foszfolipidjeibe és működtetik azok funkcióit. Mint a membránok alkotói befolyásolják a vörösvértestek flexibilitását, valamint a vér viszkozitását (*Antal és Gaál*, 1998).

Többek véleménye szerint (*Sardesai*, 1992; *Connor*, 1994; *Grundy*, 1994) az ω -3 és ω -6 zsírsavak további lényeges funkciója, hogy prekursorai az eikozanoidoknak (thromboxánok, prosztaglandinok, prosztaciklinek, leukotriének). A különböző zsírsavakból eltérő sorozatú eikozanoidok keletkeznek (*Nair és mtsai*, 1997; *Antal és Gaál*, 1998; *Halmy és Halmy*, 2003), amelyek a hatás tekintetében is különböznek.

Az ω -3 zsírsavak fontos szerepet játszanak a szív- és érrendszeri betegségek megelőzésében (*Jain és mtsai*, 2015). A belőlük képződő eikozanoidok hatásai (antitrombotikus, aggregációt csökkentő, gyulladást gátló, a vér viszkozitását csökkentő, antiaritmiás, hipolipidémiás, értágító, véralvadást gátló) következtében csökken a szív- és érrendszeri betegségek kialakulása (*Simopoulos*, 1991; *Perédi*, 2002). *Barna* (2006) a szív- és érrendszeri betegségek megelőzése szempontjából az ω -3 zsírsavak koleszterin- és triglicerid szintet csökkentő hatásán túlmenően az érbelhártya épségét megőrző anyagok elválasztásának növelésére hívja fel a figyelmet.

Az ω -6 zsírsavakból képződő eikozanoidok az ω -3 zsírsavakból keletkező eikozanoidoktól ellentétes hatásokat (fokozottan trombotikus, aggregációt növelő, gyulladást fokozó, vérviszkozitást növelő, érszűkítő, véralvadást elősegítő stb.) váltanak ki (Perédi, 2002).

A vizsgálatok célkitűzése

Növendék pulykákkal végzett kísérletünk során a következőket kívántuk megállapítani:

Milyen hatást gyakorol az állatok súlygyarapodására, valamint takarmányhasznosítására a hízópulykák takarmányának lenolajjal történő kiegészítése?

Milyen mértékben befolyásolja a lenolajjal történő kiegészítés a hús kémiai összetételét, organoleptikus tulajdonságait, következésképpen az ilyen húsból készült ételek kedveltségét?

Van-e hatása a takarmány lenolajjal történő kiegészítésének a hús feldolgozhatóságát befolyásoló tényezőkre?

ANYAG ÉS MÓDSZER

Az állatok elhelyezése

A kísérletet a Széchenyi István Egyetem mosonmagyaróvári Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Karának állatkísérleti telepén, annak baromfinevelő és -hizlaló istállójában végeztük Converter, nagy testtömegű hibridpulyka-állományból származó kakasokkal. A 140 pulyka napos korban érkezett a telepre, amelyeket véletlenszerűen 4 fülkébe helyeztünk el. A hizlalás 147 napos korig zajlott. A madarakon nem végeztek csőrkurtyítást.

A nevelő épület egy kezelőfolyosóra nyíló 17 m² alapterületű fülkékből áll, amelyek fűtése gázkazánnal működtetett radiátorokkal történik. A fűtést a kísérlet első 2-3 hetében fülkénként 2 db műanyagával is segítettük. Az állatok etetése fülkénként 2 db 30 l térfogatú kézi töltésű önetetővel, az itatása pedig 2 db kúpos önitatóval történt.

A fülkéket faforgáccsal almoztuk. A hizlalás során 2 alkalommal cseréltük ki az almot.

A 17 m²-es fülkébe a kísérlet kezdetén fülkénként 35 db napospulykát telepítettünk, ami a helyes, 2,0 madár/m² fülke telepítési sűrűségnek felel meg, és eleget tesz a tenyésztési ajánlásnak is.

Az állatok takarmányozása

A kísérlet során kereskedelmi forgalomban kapható takarmánykeveréket használtunk. A 6 fázisú takarmányozás során az alábbi tápokot etettük: indító I. (0-28 napos kor között), indító II. (29-44 napos kor között), nevelő I. (45-56 napos kor között), nevelő II. (57-77 napos kor között), befejező I. (78-91 napos kor között), befejező II. (92-147 napos korig). A felsorolt tápok táplálóanyag-tartalmát a 2. táblázatban tüntettük fel. A kétféle indítótáp morzsázott, míg a nevelő- és befejezőtápok granulált formában álltak rendelkezésünkre.

2. táblázat

Az etetett keveréktakarmányok táplálóanyag-tartalma (mért értékek)

	Indító I. (1)	Indító II. (2)	Nevelő I. (3)	Nevelő II. (4)	Befejező I. (5)	Befejező II. (6)
Alapkeverék (19)						
Szárazanyag, % (7)	90,9	91,5	91,3	92,4	92,2	91,1
Nyersfehérje ¹ (8)	286,0	290,9	244,2	221,9	194,4	185,5
Nyerszsír ¹ (9)	46,2	65,9	72,3	69,3	68,3	86,7
Nyersrost ¹ (10)	33,0	37,5	39,4	40,0	43,4	46,1
Nyershamu ¹ (11)	73,7	77,3	65,7	57,4	43,4	46,1
AMEn, MJ/kg sz.a. (12)	12,4	12,4	12,6	12,9	13,1	14,2
SFA ² (13)	15,2	13,6	12,8	16,1	16,5	37,9
MUFA ² (14)	23,4	24,5	25,3	26,5	27,1	40,8
PUFA ² (15)	61,4	61,8	61,9	57,4	56,5	21,3
ω -6 ² (16)	55,7	58,0	59,2	52,6	52,0	20,3
ω -3 ² (17)	5,8	3,8	2,7	4,8	4,4	1,9
ω -6/ ω -3 (18)	9,6	15,3	22,0	10,9	11,7	11,0
Lenolajjal kiegészített takarmány (20)						
Szárazanyag, % (7)	89,1	90,3	93,3	92,3	93,3	91,6
Nyersfehérje ¹ (8)	284,4	282,4	241,2	224,3	192,9	182,3
Nyerszsír ¹ (9)	52,3	68,4	84,7	80,2	81,5	87,3
AMEn, MJ/kg sz.a. (12)	12,4	12,6	13,0	13,1	13,4	14,1
SFA ² (13)	15,5	13,1	12,5	16,2	15,5	13,2
MUFA ² (14)	22,9	24,4	25,0	26,4	26,6	28,8
PUFA ² (15)	61,4	62,5	62,5	57,3	58,0	57,9
ω -6 ² (16)	48,3	51,9	54,2	50,2	48,9	53,4
ω -3 ² (17)	13,1	10,6	8,3	7,1	9,0	4,5
ω -6/ ω -3 (18)	3,7	4,9	6,5	7,0	5,4	11,9

¹ g/kg szárazanyag (g/kg dry matter)² az összes zsírsav %-ában (% of total fatty acid)

SFA= telített zsírsavak; MUFA=egyszeresen telítetlen zsírsavak; PUFA többszörösen telítetlen zsírsavak

Table 2. Nutrient content of different diets during the experiment (analysed values)

pre- starter feed (1); starter (2); grower I. (3); grower II. (4); finisher I. (5); finisher II. (6); dry matter (7); crude protein (8); ether extract (9); crude fiber (10); ash (11); apparent metabolizable energy (12); saturated fatty acids (13); monounsaturated fatty acids (14); polyunsaturated fatty acids (15); ω -6 fatty acids (16); ω -3 fatty acids (17); ω -6/ ω -3 ratio (18); basal diet (19); basal diet supplemented with linseed oil (20)

A kísérletben két takarmányozási kezelést alakítottunk ki, két ismétléssel, így egy kezelés takarmányát két fülke fogyasztotta. A kísérleti madarak takarmányozása annyiban különbözött a kontrolltól, hogy 15-21 napos kor között 0,5%, majd 22 napos kortól 112 napos korig 1,0% lenolaj-kiegészítésben részesültek. Vagyis a hizlalás utolsó 35 napjában a két kezelés takarmányozása azonos volt.

Az első két élethéten azért nem etettünk még lenolajat a kísérleti csoporttal, mert egyes korábbi, lenolajjal végzett hizlalási kísérletekben azt tapasztaltuk, hogy a lenolaj-kiegészítésnek egy-egy esetben takarmányfelvételt csökkentő hatása lehet. Ugyanezért döntöttünk úgy, hogy fokozatosan szoktatjuk a madarakat az 1%-os lenolaj-kiegészítéshez, ezért kaptak egy hétig csak 0,5%-os dózist. Szintén korábbi tapasztalat volt, hogy a lenolaj-kiegészítés a hús érzékszervi tulajdonságaira némely esetben kedvezőtlen hatást gyakorolhat. Ezt a kockázatot oly módon kívántuk csökkenteni, hogy a hizlalás utolsó 35 napjában már nem adtunk lenolajat a kísérleti madaraknak. Feltételeztük, hogy a 15-112 életnap közötti időszak elég hosszú ahhoz, hogy a hús ω -3 zsírsav tartalmát érdemben megnöveljük lenolaj-kiegészítéssel.

A takarmány ω -3 zsírsavtartalmának növelésére szolgáló étkezési minőségű lenolajat (Solio Kft., Fadd) a kísérleti csoport esetében a kész takarmánykeverékre porlasztással vittük fel folyamatos keverés közben, így homogén keveréket tudtunk előállítani.

Adatgyűjtés, mintavétel

A hizlalási teljesítmény értékeléséhez a madarak súlyát érkezéskor, minden takarmányváltáskor, illetve a kísérlet befejezésekor egyedileg lemértük, így ezekből az adatokból a súlygyarapodást is meg tudtuk állapítani az egyes hizlalási fázisokban, illetve a kísérlet teljes időtartamára vonatkozóan.

A madarak takarmányfogyasztását fülkénként mértük. A fülkék átlagos súlygyarapodását a madarak egyedi testtömeg mérésének adatai alapján számoltuk ki. Így a takarmány-fogyasztási adatokból és az átlagos súlygyarapodásból a pulykák takarmányhasznosítása fülkénként is értékelhető volt.

Rendszeresen regisztráltuk a madarak elhullását és a hizlalási paramétereket korrigáltuk az elhullott madarak adataival.

Tekintettel arra, hogy korábbi kísérleteink során a lenolajjal végzett kiegészítés több kísérletben is hatással volt a hús és a belőle készült ételek minőségére, jelen dolgozatunk tárgyát képező kísérletekben azt is vizsgáltuk, hogy a pulykák takarmányának lenolajjal történő kiegészítése milyen hatást gyakorol a mell- és combizom tápanyagtartalmára, a sült pulykahús organoleptikus tulajdonságaira (íz, illat, állag, összbenyomás), valamint a hús feldolgozhatóságát befolyásoló tényezőkre (préselési veszteség, víztartó képesség, főzési veszteség, sütési veszteség). Ezért a kísérlet befejezésekor próbavágást végeztünk, amelynek során kezelésként 6-6 madárból mellizom-, illetve combizom mintát vettünk a tápanyagtartalom meghatározásához, illetve az érzékszervi tulajdonságok, valamint a hús feldolgozhatóságát befolyásoló tényezőknél (préselési veszteség, víztartóképesség, főzési és sütési veszteség) a megállapítása céljából.

A mell- és combizomminták kémiai összetételét a Kaposvári Egyetem Agrár és Élelmiszertudományi Laboratórium Hálózat vizsgálta az alábbi módszerekkel:

- nedvességtartalom: MSZ ISO 1442:2000
- fehérjetartalom: MSZ EN ISO 5983-2:2009
- összes zsírtartalom: MSZ ISO 1443-2002
- hamutartalom: MSZ ISO 936:2000
- zsírsavösszetétel: MSZ EN ISO-12966-2

A húsminták technológiai tulajdonságainak (préselési veszteség, főzési és sütési veszteség, műszeres színmérés, műszeres állománymérés) és érzékszervi jellemzőinek a vizsgálatát a NAIK Állattenyésztési, Takarmányozási és Húsipari Kutatóintézetében *Vadáné Kovács Mária* (1999) jegyzetében leírtak alapján végezték el.

A mérések során az egy mintán végzett párhuzamos mérések száma az alábbi volt:

- veszteségek (préselési veszteség, víztartó képesség, főzési veszteség, sütési veszteség) mérése: 2 párhuzamos
- állománymérés: SMS TAxTplus állománymérő berendezéssel, Warner-Bratzler fejjel, nyers húsból, 3 párhuzamos
- érzékszervi jellemzők: mellhús és combhús fűszerezés nélkül, 170°C-os felületi hőmérsékletű kontakt grillen, 72°C maghőmérséklet eléréséig, 6 bíráló, 100 pontos bírálati rendszerben 4 tulajdonságot (illat, íz, állomány, összbenyomás) értékelt.

Biometria elemzés

A kapott eredményeket egytényezős varianciaanalízissel vizsgáltuk SPSS 13.0. for Windows program segítségével. A szignifikancia szint $p < 0,05$ volt.

A takarmányfogyasztás, a súlygyarapodás és a takarmányhasznosítás esetében nem végeztünk biometria elemzést, mert kezelésként csak két adat (2 párhuzamos fülke) állt rendelkezésünkre.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

Átlagos élőtömeg, tömeggyarapodás, takarmányhasznosítás

A 3. táblázat adatai jól szemléltetik, hogy a kontroll és a kísérleti kezelés madarainak átlagos testtömege a hizlalás teljes időszakában hasonlóan alakult, így nem is találtunk szignifikáns eltérést közöttük.

A kísérletben résztvevő állatok testtömegét olyan módon is értékeltük, hogy a pulykák kísérlet végén mért tömegét összehasonlítottuk a Converter hibrid kakasok 21 élethetes standard élőtömegével (*URL 1*). Az említett standard testtömeg értékeket a Hendrix Genetics Company állította össze. Eszerint a kísérlet kakasainak minimum 22,85 kg élőtömeget volt szükséges teljesíteni ahhoz, hogy a Converter hibrid kakasokra jellemző testtömeget elérjék. A kakasok súlya azonban a 147 napos hizlalási kísérletben ennél nagyobb volt, 23,69 kg (kontroll), illetve 23,47 kg (kísérleti). Azaz a pulykák a hizlalási kísérletben 3,68%-kal (kontrollcsoport), illetve 2,71%-kal (kísérleti csoport) nagyobb élőtömeget értek el, mint a Converter kakasokra jellemző standard érték.

3. táblázat

Az átlagos élőtömeg alakulása (kg)

	Kontroll (1) (n=70)	LO (2) (n=70)
Indító I. (28 napos) (3)	1,23±0,15	1,19±0,18 ns
Indító II. (44 napos) (4)	3,43±0,57	3,35±0,42 ns
Nevelő I. (56 napos) (5)	5,64±0,62	5,60±0,64 ns
Nevelő II. (77 napos) (6)	9,72±1,04	9,78±0,97 ns
Befejező I. (91 napos) (7)	12,62±1,38	12,69±1,10 ns
Befejező II. (148 napos) (8)	23,69±2,81	23,47±1,77 ns

LO: lenolaj-kiegészítés (2)

ns: azonos soron belül nincs szignifikáns eltérés a kontrollhoz képest (9)

Table 3. Average live weight (kg)

control (1); linseed oil supplementation (2); starter I. (28th day of age) (3); starter II. (44th day of age) (4); grower I. (56th day of age) (5); grower II. (77th day of age) (6); finisher I. (91st day of age) (7); finisher II. (148th day of age) (8); not significant compared to control in the same row (9)

Különböző összetételű takarmányok vizsgálatokor Erdélyi (2007) is Converter hibrid bakpulykával végzett hizlalási kísérleteket. Összesen 8 takarmányozási fázist alakított ki (2 indító, 3 nevelő, 3 befejező). Az indító fázis végén, 50 napos korban, a madarak átlagos tömege 3,3-3,5 kg közötti volt. A nevelő szakasz a 102. életnapig tartott és 8,9-9,8 kg volt az átlagos testtömeg.

Erdélyi (2007) kísérlete 135 napos korban 14,7-15,6 kg közötti átlagos testtömeggel fejeződött be. Saját hizlalási eredményeinket Erdélyi (2007) eredményeivel összevetve megállapítható, hogy a rövidebb (44 napos) indító és az ugyancsak rövidebb (77 napos) nevelő szakasz ellenére sikerült kísérletünkben Erdélyi (2007) kísérletéhez hasonló kísérletvégi testtömeget elérni. Vizsgálatunkban a takarmányok fehérjetartalma kisebb volt, az energiatartalma viszont a befejező fázisban nagyobb volt, mint Erdélyi (2007) kísérletében.

Hizlalási kísérletünk tömeggyarapodással, valamint takarmányhasznosítással kapcsolatos eredményeit a 4. táblázatban foglaltuk össze. Megállapítható, hogy a kísérleti csoport madarainak takarmányfogyasztása a kísérlet átlagában 2,12%-kal valamennyi fázisban kisebb volt a kontrollcsoporténál. Ugyanakkor a két csoport tömeggyarapodása nagyon hasonlóan alakult, amiből arra lehet következtetni, hogy a kísérleti csoport kisebb takarmányfogyasztása takarmánykeverékük nagyobb energiakonzentrációjával magyarázható, ugyanis a lenolajjal történő kiegészítés növelte a takarmánykeverék energiakonzentrációját.

Erdélyi (2007) kísérletében a tömeggyarapodást az indító fázisban 81-86 g közöttinek mérte, ami a nevelő fázisban 113-130 g közötti értékre növekedett, míg a befejező szakaszban már 167-181 g között volt. Egyes források (URL 2) viszont a 10. élethétől a tömeggyarapodás fokozatos csökkenéséről írnak.

Az a tény, hogy kísérletünkben ilyen kedvező súlygyarapodást értek el a pulykák, véleményünk szerint egyrészt arra vezethető vissza, hogy az etetett 6 keveréktakarmányból álló tápsor valamennyi lényeges táplálóanyag-tartalma fedezte az állatok szükségletét. Valószínűleg közrejátszott a kedvező súlygyarapodási eredmény kiala-

4. táblázat

A takarmányfogyasztás, a tömeggyarapodás és a takarmányhasznosítás alakulása

	Kontroll (1) (n=2)	LO (2) (n=2)
Átlagos takarmányfogyasztás (g/madár/nap) (3)		
Indító I. (4)	54	52
Indító II. (5)	203	196,76
Nevelő I. (6)	325	319,28
Nevelő II. (7)	461	455
Befejező I. (8)	615	603
Befejező II. (9)	726	713
Kísérlet átlaga (10)	443	434
Átlagos tömeggyarapodás (g/madár/nap) (11)		
Indító I. (4)	41	40
Indító II. (5)	137	133
Nevelő I. (6)	176	179
Nevelő II. (7)	195	196
Befejező I. (8)	203	207
Befejező II. (9)	174	187
Kísérlet átlaga (10)	148	153
Átlagos takarmányhasznosítás (kg/kg) (12)		
Indító I. (4)	1,30	1,30
Indító II. (5)	1,49	1,49
Nevelő I. (6)	1,84	1,78
Nevelő II. (7)	2,37	2,32
Befejező I. (8)	3,04	2,92
Befejező II. (9)	4,19	3,82
Kísérlet átlaga (10)	2,99	2,85

LO: lenolaj-kiegészítés

Table 4: Feed consumption, daily weight gain and feed conversion ratio

control (1), linseed oil supplementation (2), feed consumption (3), starter I. (4), starter II. (5), grower I. (6), grower II. (7), finisher I. (8), finisher II. (9), average during the trial (10), weight gain (g/bird/day) (11), feed conversion ratio kg/kg (12)

kulásában a kifogástalan tartástechnológia (optimális telepítési sűrűség, korszerű szellőztető rendszer, rendszeres állatorvosi felügyelet és ellátás) is.

A kísérlet során etetett keveréktakarmányok energiatartalmának lenolaj-kiegészítéssel történő növelése kedvezően befolyásolta a pulykák takarmányhasznosítását. Az indítópár I. és II. etetésének időszakában (44 napos korig) csaknem azonos volt a két kezelés takarmányhasznosítása (1,30 illetve 1,49 kg/kg sorrendben a két szakaszban), a nevelő I. etetésekor 3,3%-kal, a nevelő II. esetében pedig 2,1%-kal volt

jobb a takarmányhasznosítás értéke, mint a kontroll kezelése. Jelentősebb eltérés az utolsó időszakban (92-147 napos korban) figyelhető meg, ekkor a különbség 0,37 kg a kísérleti csoport javára. A hizlalási kísérlet teljes időszakát tekintve a lenolaj-kiegészítés 4,68%-kal kisebb (jobb) takarmányhasznosítást eredményezett.

Bár a takarmányhasznosítási eredményeink a standardnál (*URL 1*) gyengébbnek bizonyultak, de ezzel a hibriddel más hazai kutatók (*Erdélyi és mtsai, 2007*) is a miénkhez hasonló eredményekről számoltak be. A 135 napos hizlalási kísérletük során a takarmányhasznosítás a teljes hizlalási időszakban 2,85-3,0 kg/kg között alakult.

A lenolaj-kiegészítés hatása a mell- és combizom tápanyag-tartalmára, zsírsav-összetételére és a sült pulykahús érzékszervi tulajdonságaira

A lenolaj-kiegészítésnek a mell- és combizom tápanyag-tartalmára gyakorolt hatásával kapcsolatos vizsgálati eredményeinket az 5. táblázat tartalmazza. A pulykahús fehérjetartalma a többi állatfaj húshoz viszonyítva kiemelkedően magas: 23,6% (*Rodler, 2005*), amit az általunk megállapított fehérjeértékek is megerősítenek a mellizom esetében. A kísérletben az izomszövetek átlagos zsírtartalma 4,8% volt, ami alacsonyabb, mint az irodalomban szereplő 6,3%-os érték (*Rodler, 2005*). A baromfihús jellemzően sovány hús, amit igazol, hogy a mellhúsban 2% alatti a zsírtartalom. Az 5. táblázat adatai alapján megállapítható, hogy a várakozásoknak megfelelően az általunk vizsgált mell- és combizom fehérje-, valamint zsírtartalma jelentősen különböznek egymástól. A takarmányhoz adagolt 1% lenolaj-kiegészítés sem a mell-, sem a combizomnak nem befolyásolta szignifikánsan a tápanyagtartalmát (szárazanyag-, fehérje-, zsír- és hamutartalom). *Komprda és mtsai* hasonló eredményeket értek el 2002-ben. A pulykák takarmányához 5% lenolajat adagoltak, és ebben a kísérletben sem növelte meg jelentősen a lenolaj-kiegészítés a mell-, és a combhús zsírtartalmát.

5. táblázat

Lenolaj-kiegészítés hatása a mell- és combizom tápanyagtartalmára

		Szárazanyag % (1)	Fehérje % (2)	Zsír % (3)	Hamu % (4)
Mell (5)	Kontroll (7) (n=6)	25,8±1,0	22,8±0,3	1,6±0,6	1,2±0,0
	LO (8) (n=6)	26,2±0,6 ns	23,4±0,9 ns	1,5±0,4 ns	1,1±0,1 ns
Comb (6)	Kontroll (7) (n=6)	27,6±1,6	18,5±0,7	7,7±2,2	1,1±0,1
	LO (8) (n=6)	28,3±0,9 ns	18,6±0,8 ns	8,4±1,7 ns	1,1±0,1 ns

LO: lenolaj-kiegészítés (8)

ns: a kontrollhoz képest nem szignifikáns azonos oszlopon és azonos testrészen belül (9)

Table 5. Effect of linseed oil on the chemical composition of breast and thigh muscle

dry matter (1); protein (2); fat (3); ash (4); breast meat (5); thigh meat (6); control (7); linseed oil supplementation (8); ns: not significant compared to control in the same column and in the same tissue (9)

A lenolaj-kiegészítés több zsírsav esetében szignifikánsan befolyásolta a pulykák mell- és combizomának zsírsavösszetételét (6. táblázat). A lenolaj-kiegészítés

a legegységértelműbb hatást az ω -3 zsírsavak csoportjára, azon belül elsősorban az α -linolénsavra gyakorolta. A vizsgált izmok közül a combizom α -linolénsav arányára kifejtett hatása volt a legkifejezettebb. Ez az összefüggés ugyanis egyedül a combizom esetében volt $p < 0,001$ szinten szignifikáns. *Komprda és mtsai (2002)*

6. táblázat

**A lenolaj-kiegészítés hatása a mell- és combizom zsírsav-összetételére
adatok az összes zsírsav %-ában)**

	Mellizom (1)			Combizom (2)		
	Kontroll (3) (n=6)	LO (4) (n=6)		Kontroll (n=6)	LO (n=6)	
Mirisztinsav (C14:0) (5)	0,22±0,10	0,20±0,03	ns	0,33±0,06	0,22±0,03	**
Palmitinsav (C16:0) (6)	20,26±1,80	16,26±2,05	**	20,49±1,84	16,33±1,48	**
Sztearinsav (C18:0) (7)	7,69±1,40	9,43±1,66	ns	6,76±0,88	6,85±0,56	ns
SFA (8)	28,73±1,70	26,41±2,03	ns	27,92±2,09	24,73±1,62	*
Elaidinsav+olajsav (C18:1n9) (9)	25,37±1,15	24,56±2,10	ns	25,91±1,15	26,31±1,23	ns
Vakcénsav (C18:1n7) (10)	1,31±0,17	1,32±0,13	ns	1,09±0,16	0,99±0,08	ns
MUFA (11)	28,99±2,24	27,09±2,60	ns	29,61±2,14	28,92±1,77	ns
Linolsav (C18:2) (12)	37,6±2,56	38,0±2,32	ns	39,12±2,85	41,75±2,54	ns
α -Linolénsav (C18:3n3) (13)	1,64±0,17	2,61±0,74	*	1,89±0,12	4,09±0,14	***
Arachidonsav (C20:4n6) (14)	2,34±0,86	4,23±2,31	ns	1,04±0,37	1,00±0,25	ns
Eikozapentaénsav/EPA/ (C20:5n3) (15)	0,04±0,01	0,09±0,04	*	0,02±0,00	0,04±0,01	**
Dokozapentaénsav (C22:5n3)	0,20±0,08	0,67±0,32	*	0,07±0,02	0,13±0,02	***
Dokozahexaénsav/DHA/ (C22:6n3) (16)	0,09±0,04	0,12±0,05	ns	0,04±0,02	0,06±0,02	ns
PUFA (17)	42,29±2,88	46,51±2,72	**	42,48±2,81	47,36±2,46	**
ω -6 (18)	40,31±2,73	42,76±2,41	ns	40,44±2,73	43,02±2,55	ns
ω -3 (19)	1,98±0,19	3,74±0,68	**	2,03±0,11	4,34±0,12	***
ω -6/ ω -3 (20)	20,41±1,01	11,79±2,54	***	19,91±0,83	9,94±0,83	***

LO: lenolaj-kiegészítés

SFA= telített zsírsavak; MUFA=egyszeresen telítetlen zsírsavak; PUFA többszörösen telítetlen zsírsavak

ns: azonos oszlopon és azonos testrészen belül a kontrollhoz képest nem szignifikáns (21)

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$ azonos oszlopon és azonos testrészen belül a kontrollhoz képest szignifikáns különbség (22)

Table 6. Effect of linseed oil on the fatty acid profile of breast and thigh muscle (% of the total fatty acids)

breast meat (1); thigh meat (2); control (3); linseed oil supplementation (4); myristic acid (5); palmitic acid (6); stearic acid (7); saturated fatty acids (SFA) (8); elaidic acid+oleic acid (9); vaccenic acid (10); monounsaturated fatty acids (MUFA) (11); linoleic acid (12); α -linolenic acid (13); arachidonic acid (14); eicosapentaenoic acid (15); docosahexaenoic acid (16); polyunsaturated fatty acids (PUFA) (17); ω -6 fatty acids (18); ω -3 fatty acids (19); ω -6/ ω -3 ratio (20); ns: not significant compared to control in the same row and in the same tissue (21); * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; *** $p < 0,001$: significant compared to control in the same row and in the same tissue (22)

szintén az α -linolénsav növekedéséről számoltak be. Kísérletükben 5%-os lenolaj-kiegészítés hatására az α -linolénsav %-os aránya több mint tízszeresére nőtt mindkét húsrészben a kontrollcsoporthoz képest. Egy másik kísérlet szintén ezt a tényt támasztja alá, mivel a különböző zsír-kiegészítésű csoportok (sertészsír, napraforgóolaj, szójaolaj és lenmagolaj) közül a lenolaj-kiegészítésű takarmány fogyasztása következtében növekedett legnagyobb mértékben az α -linolénsav aránya baromfifélék esetében (Bárkányi, 2010).

A lenolaj-kiegészítés nem gyakorolt hatást az ω -6 zsírsavakra, következésképpen a linolsavra sem. Ugyancsak nem volt hatással a lenolaj-kiegészítés az egyszerűen telítetlen (MUFA) zsírsavak arányára. A telített zsírsavak (SFA) arányára a lenolaj-kiegészítés csak egy esetben (1% lenolaj, combhús) fejtett ki szignifikáns hatást (6. táblázat).

A 6. táblázat több adata azt igazolja, hogy a takarmánnyal elfogyasztott lenolaj zsírsavainak egy része beépült a pulykák szervezetébe. Erre lehet következtetni pl. a 6. táblázat α -linolénsavra vonatkozó adataiból. A hizlalási kísérletben pl. a mellizomban 1,0%-kal (2,6 szemben az 1,6%), a combban pedig 2,2%-kal nagyobb (4,1-1,9%) volt az α -linolénsav aránya, mint a kontrollmintákban.

A zsírsav-összetételben bekövetkező változások együttesen az ω -6/ ω -3 zsírsavak arányának szűkülését is eredményezték a kísérleti csoportban a kontrollhoz képest: a mellizomban 20,4:1 szemben 11,8:1, a combizomban 19,9:1 szemben 9,9:1, ami más baromfifélékkel végzett hasonló kísérleteink alapján várható volt (Schmidt és mtsai, 2007a Schmidt és mtsai, 2007b, Schmidt és mtsai, 2008; Zsédely, 2008).

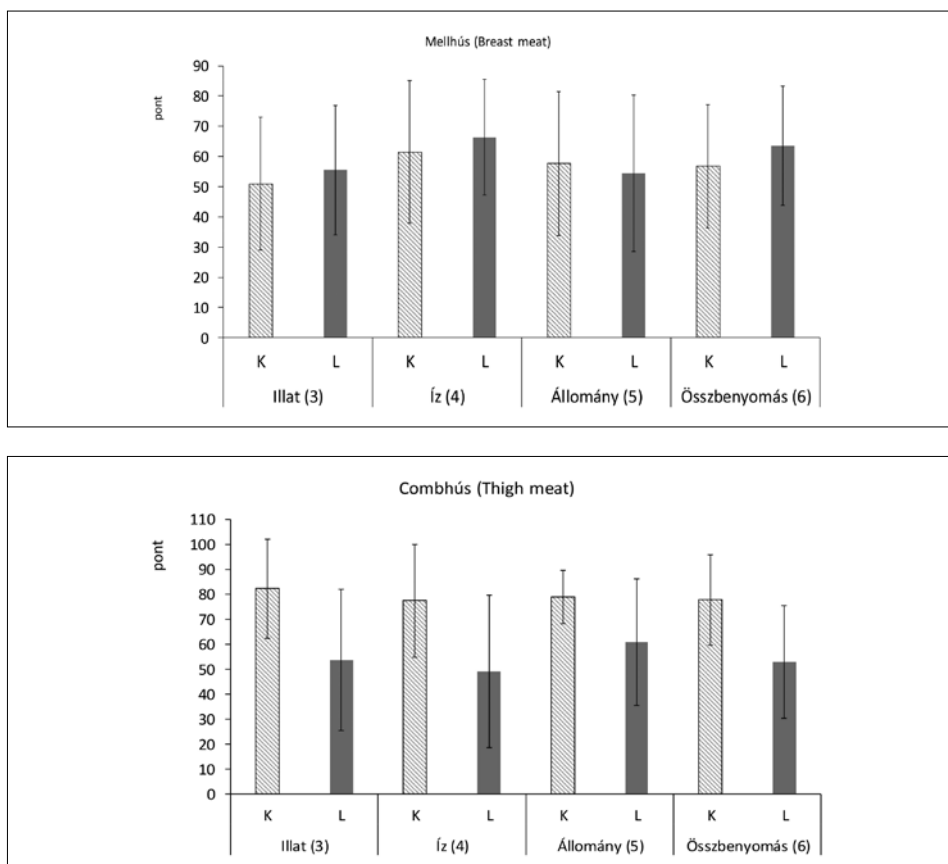
A hazai kedvezőtlen zsírsavfogyasztás tény a felmérések alapján (Sarkadi és mtsai, 2017), amit javítani szükséges. A pulykahús a hazai lakosság körében rendszeresen fogyasztott élelmiszer. Ezért ha piaci terméként elérhető lenne egy az átlagnál nagyobb omega-3 zsírsavtartalmú pulykahús, az kedvező változást jelentene a zsírsavbevitel javítása szempontjából.

A takarmány lenolajjal történő kiegészítése korábbi, más állatfajokkal végzett kísérleteink során (Schmidt és mtsai, 2008; Zsédely, 2008) némely esetben kedvezőtlenül befolyásolta az ilyen húsból készült ételek érzékszervi tulajdonságait (ízét, illatát, állományát, és az összbenyomást), ezért pulykákkal végzett takarmányozási kísérletünk során is vizsgáltuk ilyen kedvezőtlen hatások esetleges előfordulását.

A pulykahizlalási kísérlethez kapcsolódó organoleptikus vizsgálatok eredményeit az 1. ábra szemlélteti. A fűszerezés nélküli sült pulykahús érzékszervi tulajdonságai közül az ízt, az illatot, az állományt, valamint az összbenyomást 6 bíráló kóstolópróba keretében egyénenkénti értékeléssel vizsgálta és pontozta.

A különböző baromfi fajok és fajták húsát a hazai háztartások és éttermek konyhája a sovány húsközé sorolja. Ennek okai genetikai eredetűek. Amíg a húsközé eltérő zsírtartalma a húsközé energiatartalmát befolyásolja, addig a különböző zsírsavösszetétel némely organoleptikus hatásban okozhat kisebb-nagyobb változást. Az átlagos pontszámokat összehasonlítva (1. ábra) azt figyelhetjük meg, hogy a mellhús esetében egységesebb a kép, míg a combhús vizsgálatakor a kísérleti csoport kisebb pontszámokat kapott. Annak ellenére, hogy a hizlalási kísérlet során a combizom kontroll és kísérleti mintái között valamennyi vizsgált organoleptikus tulajdonság esetében eltérés alakult ki (1. ábra), a különbséget egyik paraméter esetében sem találtuk szignifikánsnak. Ez arra vezethető vissza, hogy a vizsgálatot végző személyek véleménye, értékítélete eléggé megoszlott a

1. ábra A lenolaj-kiegészítés hatása a pulykahús organoleptikus tulajdonságaira



K: kontroll (1); L: lenolaj-kiegészítés (2)

Figure 1. Effect of linseed oil supplementation on the sensory properties of turkey meat control (1); 1% linseed oil supplementation (2); odour (3); taste (4); texture (5); general impression (6)

vizsgált paraméterek számszerű értéke tekintetében, megnövelve ezzel az eredmények szórását, ami megnehezítette a szignifikáns különbségek kialakulását.

A bírálók eltérő pontozása arra hívta fel a figyelmet, hogy a lenolaj-kiegészítés érzékszervi tulajdonságokra gyakorolt befolyásoló hatásának megítélése változó lenne a hazai lakosság körében. A korábbi tapasztalatokkal (Schmidt és mtsai, 2008; Zsédely, 2008) megegyezik, hogy a nagyobb zsírtartalmú húsban nagyobb befolyásoló hatása van a lenolaj-kiegészítésnek a vizsgált tulajdonságokra.

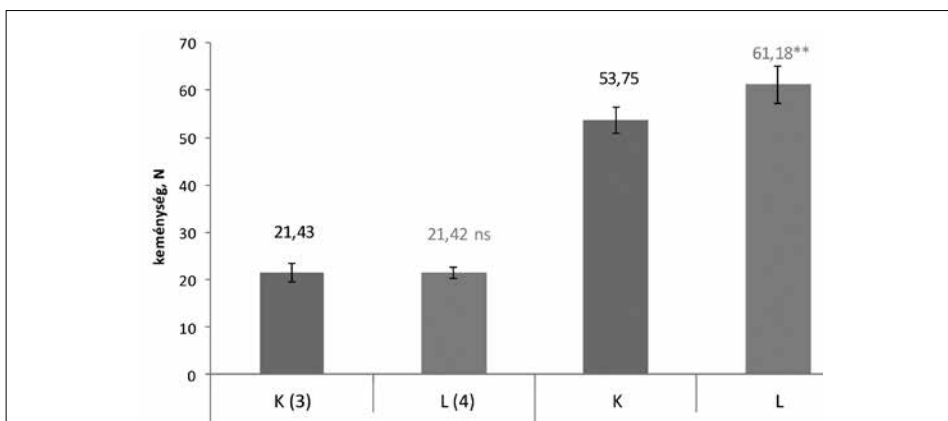
Komprda és mtsai (2003) hasonló kísérletet végeztek főtt pulykamellel és -combbal. E húsrészek érzékszervi tulajdonságait vizsgálták, nagy hangsúlyt fektetve a húsok színére, illatára, keménységére és ízletességére. Kísérletükből kiderült, hogy az 5% lenolaj-kiegészítés hatására a húsrészek íz- és illatanyagai kedvezőtlen változáson mennek keresztül. Saját eredményeink szerint, hasonló hatást csak a pulykacombnál figyeltünk meg.

A zsírok számos vegyületnek jó oldószerei, így fennáll annak a lehetősége, hogy az állati szervezet nagyobb zsírtartalmú izmai (mint pl. combizom) több kellemetlen mellékízt kölcsönző vegyületet tartalmaznak, mint a zsírszegény mellizom. A mell- és combizom érzékszervi tulajdonságai közötti számottevő különbség nagy valószínűséggel a két szóban forgó izom jelentősen eltérő zsírtartalmával áll összefüggésben.

A műszeres állománymérés eredményeiről a 2. ábra adatai nyújtanak tájékoztatást. Ezek alapján megállapítható, hogy az 1% lenolajjal kiegészített takarmány etetése a különböző húsmintákra eltérő hatást gyakorolt. Az 1% lenolajjal kiegészített takarmány etetése a mellizom keménységét nem befolyásolta (nyíróerő: 21,4 N), míg a combminta keménysége $p < 0,001$ szinten szignifikánsan növekedett a lenolajjal nem fogyasztó pulykák értékéhez képest. Ennek oka az lehet, hogy az egyes izomcsoportok reagálása a takarmányozás változására az izomcsoportok anatómiai felépítésétől, valamint öröklött funkcióiktól függően változik. Későbbi kísérletünkben, amikor csak 0,5% volt a lenolaj-kiegészítés, már nem volt eltérés a combhús keménységében sem a kezelések között (nem publikált adatok).

Kísérletünkben azt is figyelemmel kísértük, hogy hogyan változnak a húсок feldolgozhatóságát befolyásoló tényezők a takarmányozási kezelés (lenolaj-kiegészítés) hatására. A 7. táblázat adatai alapján megállapítható, hogy a lenolaj-kiegészítés ugyan mérsékelte a húсок préseléskor és főzéskor fellépő veszteséget, de az eltérés nem volt szignifikáns. A víztartóképeség kedvezőbb volt a kísérleti mintákban, de a különbség statisztikailag nem volt igazolható. A sütési veszteségre viszont a takarmányozás nem gyakorolt hatást.

2. ábra A lenolaj-kiegészítés hatása a pulykahús keménységére



ns: nem szignifikáns a kontrollhoz képest azonos hústípus esetén

(ns: no significant difference compared to control in the same tissue)

** $p < 0,01$ szinten szignifikáns a kontrollhoz képest azonos hústípus esetén

(** $p < 0,01$ significant difference compared to control in the same tissue)

K: kontroll; L: lenolaj-kiegészítés (1,0%)

Figure 2. Effect of linseed oil on the texture of turkey meat
breast meat (1); thigh meat (2); control (3); linseed oil supplementation (4); hardness (N)

7. táblázat

A hús feldolgozhatóságát befolyásoló tényezők alakulása (%)

	Préselési veszteség (5)	Víztartó képeség (6)	Főzési veszteség (7)	Sütési veszteség (8)
Mellizom (1)				
Kontroll (2) (n=6)	17,76±4,71	82,24±4,71	17,61±3,72	36,63±1,56
LO (3) (n=6)	15,15±2,56 ns	84,85±2,56 ns	15,72±2,87 ns	36,34±2,06 ns
Combizom (4)				
Kontroll (2) (n=6)	17,37±2,47	82,63±2,47	24,05±2,08	44,68±3,24
LO (3) (n=6)	16,19±1,84 ns	83,81±1,84 ns	22,68±2,81 ns	44,71±2,40 ns

LO: lenolaj-kiegészítés a takarmányhoz

ns: nem szignifikáns a kontrollhoz képest azonos hústípus esetén (9)

Table 7. Different loss values in the meat samples

breast meat (1); control (2); linseed oil supplementation (3); thigh meat (4); press loss of meat (5); water holding capacity (6); cooking loss (7); roasting loss (8); ns: not significant compared to control in the same tissue (9)

KÖVETKEZTETÉSEK

Az elvégzett kísérlet eredményei azt igazolják, hogy 1% lenolaj-kiegészítéssel oly módon lehet a pulykahús tápanyagtartalmát kedvezőbbé tenni, hogy közben a hizlalási paraméterek nem romlanak. A sült hús érzékszervi tulajdonságaira gyakorolt hatás a mell- és combhús esetében eltérő. Annak ellenére, hogy a kísérleti csoport takarmányának 1% lenolajjal történő kiegészítése a kísérleti csoport takarmányfogyasztását 2,12%-kal csökkentette a kontrollcsoporthoz képest, a kísérleti csoport takarmányhasznosítása 4,68%-kal kedvezőbb volt a kontrollcsoporténál (4. táblázat), ami azzal áll összefüggésben, hogy a kísérleti csoport takarmányának lenolajjal történő kiegészítése növelte a takarmány energikoncentrációját.

Az 1% lenolaj-kiegészítés sokoldalú befolyást gyakorolt a hús zsírsavösszetételére. Így az 1% lenolaj-kiegészítés szignifikánsan csökkentette a hizlalási kísérletünkben a pulykák mell-, illetve combizomában a telített zsírsavak (SFA) közül a palmitinsav (C16:0) %-os arányát, a többszörösen telítetlen zsírsavak (PUFA) közül viszont szignifikánsan növelte az α -linolénsav (C18:3), az eikozapentaénsav (C20:5), a dokozapentaénsav (C22:5) %-os mennyiségét, továbbá szűkítette az ω -6/ ω -3 zsírsavarányt.

A hús feldolgozhatóságát befolyásoló tényezőket (préselési, főzési és sütési veszteség, víztartóképeség) a kezelés nem befolyásolta szignifikánsan.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A dolgozatban bemutatott kutatásokat a GINOP-2.1.1-15-2016-00886 azonosítószámú, „Komplex technológia kidolgozása a pulykák tartása során fellépő érkatasztrófák megelőzésére, gyógyítására” című pályázat és az Y Takarmányipari Kft. támogatta.

IRODALOMJEGYZÉK

- Antal, M. - Gaál, Ö.* (1998): Többszörösen telítetlen zsírsavak jelentősége a táplálkozásban. *Orv. Hetil.*, 139. 1153-1158.
- Barna, M.* (2006): A zsírsavak szerepe a táplálkozásfüggő megbetegedések megelőzésében, különös tekintettel az elégtelen n-3 zsírsav-ellátottságra. *Metabolizmus*, 4. 267-272.
- Bartos, Á. - Pál, L. - Bányai, A. - Horváth, P. - Wágner, L. - Dublec, K.* (2004): A halolaj és különböző növényi olajok hatása brojlercsirkék teljesítményére, a hús élvezeti értékére, valamint a szövetek zsírsavösszetételére. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 53. 63-78.
- Bárkányi, P.* (2010): Zsírikgészítők hatása a brojlercsirkék növekedésére, testzsír-összetételére, illetve redoxegyensúlyára. Diplomadolgozat, Állatorvostudományi Egyetem, Budapest
- Blanch, A. - Barroeta, A. C. - Baucells, M. D. - Puchal, F.* (2000): Effect of nutritive value of dietary fats in relation to their chemical composition on fatty acid profiles of abdominal and skin fat in finishing chickens. *Arch. Geflügelkd.*, 64. 14-18.
- Chanmugam, P. - Boudreau, M. - Boutte, T. - Park, R. S. - Hebert, J. - Berrio, L. - Hwang, D. H.* (1992): Incorporation of different types of n-3 fatty acids into tissue lipids of poultry. *Poult. Sci.*, 71. 516-521.
- Connor, W. E.* (1994): ω fatty acids and heart disease. In *Nutrition and disease update*, eds.: *Carroll K. K. - Kritchevsky, D.* AOCS Press Champaign, Illinois. 1. 138.
- Crespo, N. - Esteve-García, E.* (2002): Nutrient and fatty acid deposition in broilers fed different dietary fatty acid profiles. *Poult. Sci.*, 81. 1533-1542.
- Erdélyi, I.* (2007): Az expandálás hatása a pulykahizláló takarmányok gyártásától felhasználásáig. Doktori disszertáció, Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum, Debrecen
- Erdélyi, I. - Bársony, P. - Pálffy, T. - Hermán, I. - Gundel, J.* (2007): Hőkezelt takarmányok a pulykák takarmányozásában. *Agrártudományi Közlemények*, 2007/26. különszám 19-22., Debrecen
- Grundy, S. M.* (1994): Lipids and cardiovascular disease. In *Nutrition and disease update eds.:* *Kritchevsky, D. - Carroll K. K.* AOCS Press Champaign, Illinois.
- Halmy, L. - Halmy, Cs.* (2003): Az omega-3 zsírsavak kardiológiai jelentősége. *Cardiologia Hungarica*, 33. 184-186.
- Jain, A. P. - Aggarwal, K. K. - Zhang, P. Y.* (2015): Omega-3 fatty acids and cardiovascular disease. *Eur. Rev. Med. Pharmacol. Sci.*, 19. 441-445.
- Komprda, T. - Zelenka, J. - Bakaj, P. - Kladroba, D. - Blazkova, E. - Fajmonova, E.* (2002): Cholesterol and fatty acid content in meat of turkeys fed diets with sunflower, linseed or fish oil. *Arch. Geflügelkd.*, 67. 65-75.
- Komprda, T. - Zelenka, J. - Drobná, Z. - Jarosová, A. - Fajmonova, E.* (2003): Sensory quality of meat of turkeys fed the diet with sunflower, linseed or fish oil. *Arch. Geflügelkd.*, 67. 225-230.
- Kozák, J.* (2015): A világ hústermelésének, fogyasztásának és kereskedelmének tendenciái. *Gazdálkodás*, 59. 20-34.
- Manilla, H. A. - Husvéth, F. - Németh, K.* (1999): Effects of dietary fat origin on the performance of broiler chickens and on the fatty acid composition of selected tissues. *Acta Agraria Kaposvariensis*, 3. 47-57.
- Nair, S. S. D. - Leitch, J. W. - Falconer, J. - Garg, M. L.* (1997): Prevention of cardiac arrhythmia by dietary (n-3) polyunsaturated fatty acids and their mechanism of action. *J. Nutr.*, 127. 383-393.
- Perédi, J.* (2002): A hazai lakosság alacsony n-3 zsírsavellátottságának javítási lehetőségei. *Olaj Szappan Kozmetika*, 51. 45-49.
- Rodler I.* (2005): Új tápanyagtáblázat, Medicina Könyvkiadó Rt., Budapest.
- Sardesai, V. M.* (1992): Nutritional role of polyunsaturated fatty acid. *J. Nutr. Biochem.*, 3. 154-166.
- Sarkadi Nagy, E. - Bakacs, M. - Illés, É. - Nagy, B. - Varga, A. - Kis, O. - Schreiberne Molnár, E. - Martos, É.* (2017): Országos táplálkozás és tápláltsági állapot vizsgálat. *Orv. Hetil.*, 158. 587-597.
- Schmidt, J. - Perédi, J. - Tóth, T. - Zsédely, E.* (2007a): Néhány állati eredetű élelmiszer zsírsav-összetételének javítása takarmányozás útján. *Olaj Szappan Kozmetika*, 56. 89-95.

- Schmidt, J. - Perédi, J. - Tóth, T. - Zsédely, E.* (2007b): Fontosabb állati eredetű élelmiszerek zsírsav-összetételének módosítása takarmányozással II. Tojás és brojlerhús. Élelmezési Ipar, 61. 80-86.
- Schmidt, J. - Perédi, J. - Tóth, T. - Zsédely, E.* (2008): A takarmányozás hatása az állati eredetű élelmiszerek összetételére és minőségére. In: A jövő élelmiszerei és az egészség. szerk. Nagy, J. - *Schmidt, J. - Jávora, A.* Debreceni Egyetem Agrár- és Műszaki Tudományok Centruma. 7-47.
- Simopoulos, A. P.* (1991): Omega-3 fatty acids in health and disease and in growth and development. Am. J. Clin. Nutr., 54. 438-463.
- Vadáné Kovács, M.* (1999): A húsmínőség alapjai. Debreceni Agrártudományi Egyetem jegyzet, Debrecen
- Zsédely, E.* (2008): Állati eredetű élelmiszerek n-3 zsírsavtartalmának növelése, oxidációs stabilitásának javítása takarmányozással. Disszertáció, Nyugat-magyarországi Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar, Mosonmagyaróvár
- URL 1: http://www.resources.hybridturkeys.com/system/resources/W1siZiIsIjIwMTcvMDkvMTEvMjFfNTRfMjdfNDM4X1BHX0NfQ1NfRV9MX0tHXzA4XzE3LnBkZiJdXQ/Pg_C_CS_E_L_KG_08_17.pdf.
- URL 2: https://www.agronaplo.hu/files/image/2008_augusztus/109.o.3.n.jpg

Érkezett: 2019. december

Szerzők címe: Zsédely E. - Tempfli K. - Schmidt J.
Széchenyi István Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar

Authors' address: Széchenyi István University, Faculty of Agricultural and Food Sciences
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár 2.

Turcsán L.
Mezőpergamen Kft.
Mezőpergamen Ltd.
H-5820 Mezőhegyes, Hársfa u. 11.

Turcsán Zs.
Y Takarmányipari Kft.
Y Takarmányipari Ltd.
H-7370 Sásd, Törökmalom u. 2.

INSECT-BASED PROTEIN NUTRITION IN THE AQUACULTURE SECTOR: POTENTIAL, CURRENT SITUATION, AND CHALLENGES

TOVIHO ODUNAYO A. – KOVÁCS LÁSZLÓ – BÁRSONY PÉTER

SUMMARY

Consumption of insect protein as food as well as its use in animal feed has become a trend. The animal nutrition industry became more receptive to this trend following a publication by FAO in 2013 encouraging the use of insect protein as food and feed base on its nutrient content and environmental advantages. The trend is particularly receiving a lot of attention in animal nutrition because the current protein source of the highest quality which is fish meal, is unsustainable, expensive and in high demand. Insect protein exhibits high potential due to its protein content (comparable to soy meal and fishmeal), amino acid profile, lipid content, vitamins and mineral. The potential of insect protein is not limited to its nutritional content; it also has a low environmental impact as well as the potential to convert waste to protein mass. It has great potential in aquaculture as it forms part of the diets of fish in their natural habitat, insect protein feed is especially of great advantage in the feeding of carnivore fishes. The potential of insect protein as functional food has also been highlighted by some researches as it is shown to have an immunostimulant effect which related to the presence of chitin. The use of insect has not been without its challenges such as safety concerns, poor absorption of fat and bioavailability of protein due to the presence of high chitin content. There are also issues related to the development of an appropriate processing method. This review examines the various potentials of the use of insect protein in aquaculture, the result of insect protein feeding in different species and the challenges of the use of insect protein.

ÖSSZEFOGLALÁS

Toviho, O. A. – Kovács, L. – Bársony, P.: ROVARFEHÉRJE-ALAPÚ TAKARMÁNYOZÁS AZ AKVAKULTÚRA-ÁGAZATBAN: LEHETŐSÉGEK, JELENLEGI HELYZET ÉS KIHÍVÁSOK

A rovarfehérje táplálékként való fogyasztása, valamint az állatok takarmányozásában való felhasználása trenddé vált. A tendenciát a FAO 2013. évi kiadványa ösztönözte, amely a rovarfehérjék táplálkozási és környezeti előnyeit ecsetelte. A rovarfehérjében lévő lehetőségek különösen nagy figyelmet keltettek a takarmányozás területén, hiszen a jelenlegi legjobb minőségű állati eredetű fehérjeforrásnak, a hallisztnek ilyen szintű felhasználása drága és gyakorlatilag fenntarthatatlan. A rovarfehérje felhasználása jelentős lehet fehérjetartalma (összehasonlítva a szójadarával és a halliszttel), az aminosav-összetétele, a zsír-, a vitamin- és ásványianyag-tartalma miatt. A rovarfehérje felhasználásában rejlő lehetőség nem csak és kizárólag a tápanyagtartalma miatt érdekes, hanem kisebb a környezetre gyakorolt negatív hatása. További szempont, hogy a szerves hulladékot használható fehérjévé lehet alakítani. Felhasználása meghatározó jelentőségű lehet az akvakultúrában, mivel a rovarok egyébként is a halak táplálékának részét képezi természetes élőhelyükben. Így a rovarfehérjére alapozott takarmányoknak különösen nagy előnye lehet a ragadozóhalak takarmányozásában. A rovarfehérje funkcionális táplálékként is használható immunstimuláló hatása következtében, amely a kitin jelenlétéhez kapcsolódik. Ennek ellenére a rovarfehérje szélesebb körű használatához néhány problémát még meg kell oldani. Számos biztonsági aggály merül fel vele kapcsolatban, a zsírok relatív rossz felszívódása és a fehérje korlátozott emészthetősége a magas kitintartalom miatt. A megfelelő feldolgozási módszer kifejlesztése is az elkövetkezendő évek feladata. Jelen közlemény áttekinti az akvakultúrában használt rovarfehérjék felhasználásának különféle lehetőségeit, a rovarfehérjék etetésének eredményét különböző halfajok esetében, valamint a rovarfehérjék alkalmazásának kihívásait.

INTRODUCTION

The development of commercial aquatic feeds has traditionally been dependent on the fish meal (FM) as the main protein source (Henry *et al.*, 2015). Due to the decrease in the availability and the increase in the prices of FM the search for sustainable alternatives have been prompted (Wang *et al.*, 2019).

Using insect meal instead of fishmeal is becoming increasingly common in the aquaculture sector of many countries. Besides the fact that fishmeal is not eco-friendly as a principal dietary protein source, it is also becoming costlier. Arising issues like increasing global demand for fish protein, the impact of fishmeal production on the ecology of fishing grounds, its shortage and its high price have brought attention to the need for alternative dietary protein sources (FAO, 2014, 2016, 2014). Animal and non-animal protein from legume and/or oil seeds or cereal gluten are now used as substitutes (FAO, 2014; Tran *et al.*, 2015). Regrettably, plant protein derivatives rarely have a balanced essential amino acid (EAA) profile, and often contain antinutritive factors, are limited in palatability and have high proportions of fibre and non-starch polysaccharides (Sanchez-Muros *et al.*, 2014; Oliva-Teles *et al.*, 2015; Tran *et al.*, 2015). Processed animal protein is considered a valuable alternative as it has a better EAA profile and is more digestible than plant proteins; nevertheless, within the Europe Community, restrictions on the use of certain processed animal proteins persist as a preventive measure against the transmission of spongiform encephalopathies (Regulation 68/2013/EC, 2013) (Bruni *et al.*, 2018).

Plant feedstuffs are usually deficient in protein contents, essential amino acid balances, presence of anti-nutritional factors and absent of certain FM components (i.e. taurine and hydroxyproline) leading to the potential problems of poor growth performance, intestinal inflammation and decreased palatability. Over the last decade, the value of insect protein as partial or complete replacements for FM has been studied (Wang *et al.*, 2019). The European Commission has recently approved the use of processed insect protein in aquafeeds (Regulation 2017/893/EC, 2017) (Bruni *et al.*, 2018; Wang *et al.*, 2019). The recent EU commission regulation (2017/893-24/05/2017) authorized the use of 7 insects (2 flies, 2 mealworms, 3 cricket species) in aquafeeds, this will further motivate the intensification of their production (Henry *et al.*, 2018).

The replacement of expensive and unsustainable fish meal (FM) and fish oil in aquafeeds has already received a lot of attention for finfish production to ensure increased profitable and sustainable. Researches have however focused on commodities such as oilseeds (especially soybeans), meat by-products (such as blood meal and bone meal) and microbial proteins. Complete replacement of FM and fish oil in finfish aquaculture feeds has been meeting with several drawbacks. Particularly for carnivorous fish, vegetable proteins have inappropriate amino-acid balance, poor protein digestibility and anti-nutritional substances. This necessitates research into the inclusion of other highly nutritious supplements such as microalgae and/or meat by-products. It is, however, important to note that these ingredients do not always meet the expected ecological, nutritional and economical requirements. As a consequence, both finfish and ornamental aquaculture could benefit from alternatives that ensure fish health and welfare

standards by providing proper feeding stimulants, proper levels of essential amino acids and polyunsaturated fatty acids (PUFAs), high nutrient and energy bioavailability, as well as reduced anti-nutritional factors. The use of insect meal instead of fishmeal is becoming more common in the aquaculture sector of many countries. Fishmeal is not eco-friendly as a principal dietary protein source; it is also not cost-effective as the price continues to increase. Animal and fishery by-products and plant-derived material are now used as substitutes (FAO, 2014). The increasing attention attracted recently by insects as a sustainable nutrient source for feed is not only in Europe but also around the world. Insects are a good source of EAA, lipids, vitamins and minerals (van Huis et al., 2013; Henry et al., 2015); they grow and reproduce quickly and easily on low-quality organic waste and manure (van Huis et al., 2013); they have a small ecological footprint and high feed conversion efficiency (Makkar et al., 2014), and can reasonably foster a circular bioeconomy (Bruni et al., 2018). The protein content of most insect species is around 60%, this value can vary between 7% and 91% (dry weight) (Fasolin et al 2019). One of the most intensively investigated species for fish feed production is *Hermetia illucens* (Diptera: Stratiomyidae) or Black Soldier Fly (BSF) (Révész and Biró, 2019). The variations in nutrient composition of BSF, i.e. crude protein and crude lipid can vary from 40% to 54% and 15% to 49%, based on the feeding substrate and processing methods (Wang et al., 2019). Yellow mealworm, *Tenebrio molitor* (TM), is another insect commercially produced to be used as pet food (birds and reptiles) or fishing baits, they have a protein content of 47-60%; up to 70% in defatted meal and lipids (31%-43%) and their amino acids and fatty acids profiles are suitable for inclusion in animal feeds (Henry et al., 2018).

Fish farming, or aquaculture, is expected to amount to 62% of the global fish supply by 2030. This translates to increased demand for fish meal and fish oil to feed farmed fish. The changing climatic conditions in Peru has adversely affected the availability of fish meal and fish oil, causing a decrease in availability and high volatility on the market. Processed animal proteins (PAPs) which are allowed in fish feed production, are yet to be included in many of the feed products on the market today. Insect protein has similar characteristics to PAPs and provides a good, sustainable alternative (IPIFF, 2018).

In 2014, about 10% of world fish production (captured and aquaculture) went into fish meal and fish oil production. Fish meal is made from small wild-caught marine fish that contain a high percentage of bones and oil, and are usually deemed unsuitable for direct human consumption. Fish meal is a high-quality feed ingredient for pigs, poultry, and aquaculture and is used extensively (van Huis and Oonincx, 2017). Between 1988 and 2010, the poultry sector decreased the use of fish meal from 60% to 12% while the aquaculture sector increased its use of fish meal from 10% to 56% in the same period. Increasing fish meal prices have led to lower inclusion percentages in aquafeed, however, the effect is not evident on fish meal use as it is quickly offset by the rapid growth of the aquaculture sector (Olsen and Hasan 2012; Msangi et al., 2013). This has necessitated the search for alternative sources, for instance, the use of plant material (van Huis and Oonincx, 2017).

POTENTIAL

Ninety-five percent of the animal kingdom consists of insects, as this group is extremely diverse. Using insects as compared to the existing protein sources has several advantages, such as fewer greenhouse gas emissions, less water and land used, and higher efficiency of protein conversion (Yoon *et al.*, 2019).

Insects are a natural component of the diets of carnivorous fish, poultry and pigs (IPIFF, 2018). The use of alternative ingredients in aquafeeds is intended to reduce the dependence on scarce, expensive or unsustainable feedstuff. Insect meal stands out as an alternative ingredient to be included in animal feeds. Insects are a natural food source for marine and freshwater fish species (Fontes *et al.*, 2019).

They have high protein content from 50% to 82% dry matter and can be added to animal feed with up to 40% insect content for fish feed and 30% for chicken feed. Insect products have an amino acid profile that makes them highly digestible for animals. The amino acid profiles of most insect species that have been tested in farmed fish feed formula have a good correlation with the fish's specific needs. Insects have also been shown to promote nutrient uptake and show promising results in animal growth performance. This upholds their use as complementary source material in feed formulation for aquaculture (IPIFF, 2018). Another factor that has drawn attention to the use of insect protein as a feed ingredient in fish feed is its immunostimulation activity (Ido *et al.*, 2019). Results of preliminary studies have shown that certain bioactive insect components led to improved immunity and reduced mortality rates when in aquaculture feed e.g. for shrimp and salmon. Prebiotic fibres like chitin serve to provide nutrients for probiotic gut bacteria. Roughly 1,000 tonnes of insect protein have been commercialised by European insect producers since the authorisation of insect proteins for use in aquafeed. And the aquafeed market has consumed approximately 50% of European animal feed produced from insect protein and this is statistic is expected to rise to 75% by 2030. Presently, one-third of all food is wasted. Measures are being taken to create a healthier, more sustainable food production and consumption system which produces less waste (IPIFF, 2018). To achieve that goal, the European Commission launched the Food 2030 research and innovation policy which responds to the UN Sustainable Development Goals (SDGs). SDG 12, 'Ensure Sustainable Consumption and Production Patterns', is of relevance for the insect sector. Insects are feed with co-products from the cereal, starch, fruit and vegetable supply chains or local food processors e.g. pastry and biscuits, local artisans e.g. bakers or unsold products from supermarkets which are unsold for technical or logistical reasons. By turning lower-value materials and ingredients with low environmental footprints into high-value materials, such as proteins, insect producers offer a new outlet and a sustainable alternative for unexploited or underexploited resources, in accordance with the waste hierarchy principles (IPIFF, 2018).

CURRENT SITUATION

The application of various insect species as a replacement for fish meal in aquaculture has been shown in different feeding trials focusing on several commercially viable species (Tschirner and Kloas 2017). According to Fishstat by

FAO, the important species of fish by the quantity of production in Europe from the highest to the lowest are atlantic salmon, rainbow trout, gilthead sea bream and European seabass, all of which have been used in researching the effect of replacing fishmeal with insect meal. Several studies have evaluated the use of insect protein in the feed of freshwater species, such as African catfish (*Clarias gariepinus*), rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*), Jian carp (*Cyprinus carpio*), yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*), red tilapia (*Oreochromis* sp.), Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) (Fontes et al., 2019), giant freshwater prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) (Feng et al., 2019) and some salt water species like; Pacific White Shrimp (Choi et al., 2018; Motte et al., 2019). Positive results have been reported in aquaculture species fed insect meal in their diet (Bandara, 2018). Among the positive results reported includes, improved weight gain (Choi et al., 2018; Motte et al., 2019), better SGR (specific growth rate) (Choi et al., 2018), better FCR (feed conversion ratio) (Motte et al., 2019), increased lipid content (Panini et al., 2017) immune-modulation (Yixiang et al., 2013; Ido et al., 2015; Choi et al., 2018; Ido et al., 2019; Motte et al., 2019).

Insect Meal Use in Fish Culture *Effect of insect meal on growth performance of fish*

Defatted Black soldier fly larvae meal (DBSFLM) has been shown as a promising fish meal substitute in diets for Turbot (*Scophthalmus maximus*), Rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*), Jian carp (*Cyprinus carpio* 'jian'), Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) and Atlantic salmon (*Salmo salar*). Wang et al. (2019) examined DBSFLM as an alternative protein source in Japanese seabass (*Lateolabrax japonicus*) diets. Five diets were formulated by replacing FM (0%, 16%, 32%, 48% and 64%). Results showed that growth performance, somatic indexes, hepatic and intestinal histomorphology, and the intestinal antioxidant and immunity indexes of fish were not affected by dietary treatments. At 48% and 64% insect meal inclusion there was higher feed intake, but lower whole body ash content and ash retention, lower serum concentrations of total cholesterol, triacylglycerol, high density lipoprotein cholesterol and malondialdehyde (MDA) than that fed FM. Inclusion of insect meal did not alter activities of hepatic trypsin, lipase and amylase, but increased activity of intestinal lipase for fish fed 48% and 64% insect meal than that fed FM (Wang et al., 2019).

The nutritional value and energy apparent digestibility coefficient (ADC) of five insects for Nile Tilapia male fingerlings were examined by formulating six dietary treatments; (control, *Nauphoeta cinerea* meal (NCM), *Zophobas morio* larvae meal (ZMM), *Gromphadorhina portentosa* meal (GPM), *Gryllus assimilis* meal (GAM) and *Tenebrio molitor* larvae meal (TMM)). The control diet had no insect meal included while the other five treatments comprised 80% commercial diet and 20% test ingredient. TMM presented a higher ADC for dry matter, protein, corrected protein and chitin than to other treatments. GPM presented the highest ADC for lipids. The outcome of the study is that, the TMM presented better ADC of nutrients and energy; furthermore, all the insect meals evaluated are potential feed for Nile tilapia fingerlings (Fontes et al., 2019)

Rema et al. (2019) assessed the effect of incorporation levels of defatted yellow

mealworm (*Tenebrio molitor*) protein meal on growth performance, body composition, and apparent nutrient digestibility of juvenile rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). There were five experimental diets: control diet with 25% fishmeal, and four experimental diets with yellow mealworm protein with fishmeal replacement of 20%, 30%, 60%, or 100%, respectively. At the end of the experiment, there was a significant stepwise increase in final body weight, and a significant improvement of specific growth rate, feed conversion ratio, and protein efficiency ratio in comparison to the control treatment. At all inclusion level of insect protein, there was no effect on the fish whole-body composition and apparent digestibility coefficients of dry matter, protein, fat, phosphorus, and energy. Protein, phosphorus, and energy retention significantly increased in fish fed insect protein meal diets. The study concluded that the yellow mealworm protein meal could effectively replace 100% of fishmeal in the diet of juvenile rainbow trout with positive effects on its overall zootechnical performance. It is particularly important to highlight that the best growth performance and FCR were recorded when FM was fully replaced by IPM, supporting that this IPM is a sustainable and environmentally friendly replacement for expensive and unsustainable fish meal in the diet of rainbow trout (Rema et al., 2019).

Studies conducted with Atlantic salmon showed that fish meal can be completely replaced by *Hermetia illucens* in their diet without adverse effects on net growth of the fish, histology, odour, flavour/taste, and texture (Lock et al., 2016). Similarly, the meal made from the black soldier fly is a suitable protein source for many other farmed fish species, such as African catfish (*Clarias gariepinus*) (Adeniyi and Folorunsho 2015; Anvo et al., 2016), Channel catfish (*Ictalurus punctatus*), and Blue tilapia (*Oreochromis aureus*) (Bondari and Sheppard 1987). Yellow mealworm meal could also replace up to 35% fish meal in the diet of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) without affecting mortality or growth (Gasco et al., 2016). A similar trial conducted with Rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) showed that weight gain was not affected at higher inclusion levels of mealworm meal, while the protein content increased and lipid contents of fillets decreased, compared to the control (Belforti et al., 2015; van Huis and Oonincx, 2017).

Immunomodulatory effect of insect meal on fish

Studies have indicated the protective effect of dietary insects, and it was suggested to be either directly through the secretion of antimicrobial peptides by the insect, indirect through the stimulation of the fish immune system by chitin (Esteban et al., 2000; Esteban et al., 2001; Lee et al., 2008) or by other insect components (Ido et al., 2015). The first hypothesis involving the secretion of antimicrobial peptides by the insects seemed however unlikely as dead insects do not secrete any AMPs. The indirect effect through the immunostimulation of the fish was therefore, more likely (Henry et al., 2018).

European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) fed with *Tenebrio molitor* larval meal for 6 weeks exhibited significant anti-inflammatory responses. The number of studies on the effect of insect meal on the immune system and antioxidant enzymes of the fish is increasing fast. Black carp (*Mylopharyngodon piceus*) fed with low doses (2.5%) of maggot (*Musca domestica*) for 60 days showed increased

serum lysozyme, serum complement and liver superoxide dismutase (SOD) and catalase (CAT) activities and reduced liver MDA suggesting an increased antibacterial activity and antioxidant activity of the insect meal at a low dietary dose (Yixiang, et al., 2013). The insect meal also protected these fish against a bacterial challenge with *Aeromonas hydrophila* (Ming et al., 2013). A similar study in Red seabream (*Pagrus major*) showed that the introduction of low doses 0.75% and 7.5% of Housefly (*Musca domestica*) pupae in the diet of red sea bream for 10 days showed a significant increase of the phagocytic activity of peritoneal macrophages (Ido et al., 2015). Interestingly, 5% of dietary housefly pupae for 2 months protected (100% survival) the fish against the bacterial pathogen *Edwardsiella tarda* while all control fish died 12 days after the bacterial challenge (Ido et al., 2015). A low inclusion of housefly (*Musca domestica*) pupae has also been reported to increase phagocytic activity and disease resistance against *Edwardsiella tarda* in red seabream (*Pargus major*). Dietary inclusion of MW is also known to increase the enzyme activities of the immune systems of European seabass, rainbow trout, mandarin fish (*Siniperca scherzeri*), and pearl gentian grouper (Ido et al., 2019).

Effect of Insect Meal in Shrimp Culture *Effect of insect meal use on growth of shrimp*

Experimental diets were formulated to replace fish meal with mealworm (*Tenebrio molitor*) at a ratio of 25%, 50%, and 100% for Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). The final weight, weight gain, and SGR values of shrimp fed mealworm diets improved significantly in comparison to the shrimps fed the control diet. The shrimps feed mealworm meal at 50% inclusion level had the highest growth performance, indicating that 50% inclusion of mealworm could be optimal to replace fish meal in the diet of *L. vannamei* (Choi et al., 2018). Similarly, another study compared the growth and immune parameters of juvenile Pacific white shrimp fed experimental diets where FM was replaced with an insect meal after an eight-week feeding trial. Four diets in which a proportion of FM was replaced by yellow mealworm (YM 25%, 50%, 75%, and 100%) were formulated with a control diet with no insect meal. All diets were isoproteinic, isoenergetic, and balanced in lysine and methionine. Growth and feed conversion parameters improved when YM was included in shrimp diets; with the highest weight gain and best feed conversion ratio (FCR) achieved when 50% of FM was replaced by YM versus the control diet that contained no YM (initial weight: 1.60 g/shrimp; growth: 5.27 g/shrimp vs. 3.94 g/shrimp; FCR 1.20 vs. 1.59). Replacing FM with YM improved all of the growth performance parameters of shrimp. When compared with the control diet based on FM only, specific growth rates were significantly higher among shrimp that were fed diets in which 25%, 50%, and 100% of FM were replaced with YM. Moreover, replacing from 25% to 75% of FM with YM led to significant increases in weight gain (Motte et al., 2019). According to Panini et al. (2017) weight gain, specific growth rate, feed intake, feed conversion, survival, and protein retention of pacific white shrimp were not affected by replacing fishmeal with mealworm meal (MM). There were no significant differences in protein content between the treatments. But, the moisture content showed a linear decrease with an increase in the fishmeal replacement level while the lipid content increased with MM inclusion

level (Panini et al., 2017). Four diets were formulated with 4% (D4), 8% (D8), 12% (D12), and 16% (D16) *Tenebrio molitor* protein and compared with a control to investigate the effects of *T. molitor* protein on growth performance, immunological parameters, and resistance against *Lactococcus garvieae* and *Aeromonas hydrophila* in *Macrobrachium rosenbergii*. After 10 weeks of the experiment, the study found that weight gain (WG), percentage of weight gain (PWG), daily growth rate (DGR), specific growth rate (SGR), and protein efficiency ratio (PER) of D12 were significantly higher than those of the control, D4, and D8, but not significantly different from those of D16. The condition factor (K), feed conversion ratio (FCR), and survival rate (SR) did not differ significantly among groups. Lipid content decreased and protein content increased in the carcass and muscle of prawns as *T. molitor* protein contents increased (Feng et al., 2019).

Immune-modulatory effect of insect meal uses on shrimp

Experimental diets formulated to replace a fish meal with mealworm (*Tenebrio molitor*) at a ratio of 25%, 50%, and 100% for Pacific white shrimp showed a protective effect against WSSV (white spot syndrome virus) infection. After 3 days WSSV challenge, the mortalities of groups fed Control, MW25, MW50 and MW100 were 100%, 40%, 30%, and 70%, respectively which is an indication of enhanced immune modulation in groups fed insect protein. Increased total haemolymph count (THC) indicates that mealworm based diet could improve the immunity of shrimps (Choi et al., 2018). Motte et al. (2019), in their study also challenged shrimp feed diets containing yellow mealworm meal with pathogenic bacteria (*Vibrio parahaemolyticus*). They found that in challenged shrimp, mortality rates were significantly less among groups fed yellow meal worm meal, with a 76.9% lower mortality rate in the 50% FM replacement group versus the control. Shrimps do not have an adaptive immune system to fight diseases making the health of shrimp and the enhancement of the innate immune system are of primary concern. Intensive shrimp producers have to find ways to boost the innate immune system of shrimp to improve disease resistance. Dietary chitin and krill (chitin-rich) have been shown to modulate the immune system of fish and shrimp (Motte et al., 2019).

CHALLENGES

The European approach to insects as feed is limited to a large extent by the issue of Bovine Spongiform Encephalopathy (BSE), which poses a serious threat to consumer health and safety. The first ban on the use of processed animal proteins (PAPs) was in 2001, due to transmissible BSE regulation. This led to the Directive 2002/32 which established the materials intended for use in animal feed, undesirable substances and their maximum allowable levels in feed. After the directive successive element included in feed must comply with the limits on undesirable substances. After a few years, the PAPs prohibition was amended and Regulation 56/2013 led to the use of PAPs from any source, except ruminants, in aquaculture. Nevertheless, insects were not yet specifically regulated in the raw material catalogue (Regulation (UE) 68/2013).

Regulation (EU) 2017/893 authorizes the feeding of non-ruminant processed

animal protein to aquaculture animals only. Annex II lists processed animal protein derived from farmed insects intended for the production of feed for farmed animals other than fur animals. So far, only seven species are permitted for use: the house cricket (*Acheta domesticus*), banded cricket (*Gryllodes sigillatus*), field cricket (*Gryllus assimilis*), yellow mealworm (*Tenebrio molitor*), lesser mealworm (*Alphitobius diaperinus*), black soldier fly (*Hermetia illucens*), and the common house fly (*Musca domestica*); the regulation also specifies the substrates allowed as feed for insects.

In 2017, an amendment was made to Regulation (EU) No. 68/2013 for the catalogue of feed materials, Regulation (EU) 2017/1017 permitted the use of live terrestrial invertebrates and dead terrestrial invertebrates with or without treatment as feed materials, but not as processed as described in Regulation (EC) No. 1069/2009. As a result, terrestrial invertebrates are now considered appropriate materials for feed in all stages of their life cycle, except species having adverse effects on plant, animal, or human health (Sogari et al., 2019).

Chitin may interfere with the dietary utilization of protein, where a reduction in protein digestibility due to an increase in the chitin content is expected. The type of chitin matrix in insects may have a negative effect on chitinase activity and thus protein digestibility (Fontes et al., 2019). The efficiency of chitin utilization by monogastric animals is usually discussed about the presence, or lack of, chitinolytic enzymes; however, some studies have confirmed the presence of chitinolytic enzymes in various organs of fish species, such as the gastric mucosa, intestinal mucosa, pyloric caeca and pancreas. According to a previous study, chitin may inhibit the absorption of lipids in the gut, increasing their excretion and, thereby adversely impacting on their digestibility coefficient. Although the insect meal chitin content ranged from 12.01% to 28.94%, the study by Fontes et al. (2019), show that chitin did not seem to influence lipid digestibility, probably due to its high digestibility. The *G. portentosa* meal presented the highest chitin content (Fontes et al., 2019)

The presence of chitin in aquafeeds is likely to induce a general reduction of the diet digestibility. The effect of the chitin in fish feeds is yet to be fully understood, as results there are controversies. Some previous studies have shown that moderate inclusion of chitin resulted in increased fish immune response and positive microbiota modulation while others reported the negative effects for example; possible intestinal inflammation and reduced nutrient digestibility and assimilation (Vargas-Abúndez et al., 2019). More recent studies however show no signs of severe intestinal inflammation by the histological analyses in all the samples analysed, except for a reduction in intestinal fold length which was exclusively observed in fish fed 50% and 75% *Hermetia illucens* meal substitution diets (Vargas-Abúndez et al., 2019). Shortening of intestinal folds have previously been associated with impaired nutrient absorption which ultimately translates to growth reduction (Moldal et al., 2014); however, in this study this was not observed and the GR and HSP70 molecular markers involved in stress response (these markers are useful for detecting stress; inflammation, physiological responses) showed no significant difference among groups, suggesting general fish welfare. Insect fatty acid composition could be the reason for the absence of intestine inflammation (Vargas-Abúndez et al., 2019).

Moreover, the production, marketing and use of edible insects as food and feed cut across a wide range of regulatory institutions, whose obligation is to ensure aspects such as the quality and safety of the products obtained and the environmental impact of insect breeding. It is very difficult to produce a single protocol on the processing of insect proteins, because each species is peculiar in size, culture and reproduction, stages of life, protein content and digestibility and availability of amino acids (Lucas *et al.*, 2019).

A crucial aspect that has not got a lot of attention with regards to research is the safety of insect meal for feed production. Bacteria and viruses such as densovirus in *Acheta domesticus* and *Gryllopus* species, cricket paralysis virus in crickets, fungi (*Fusarium*, *Cladosporium* species) have been found in insects. Although the available information from research shows that most viruses which are taxonomically related to insect are unable to replicate in the insect and as a result of this pose no health concern, the burden related to virus of insect are carried by the insect farm. However, there is a group of virus that can replicate in vector; the arboviruses. There is a need to research this group of virus (Van *et al.*, 2018).

Data relating to the microbiology of insects and their potential pathogens are mainly available in studies that consider insects as pests rather than food animals (Belluco *et al.*, 2013). In these cases, insects were investigated for their potential to act as vectors for foodborne pathogens in farming conditions. Such data are of limited value in the context of farms rearing insects fit for human consumption; however, they provide some qualitative information (Belluco *et al.*, 2013). Few data are available to support risk analysis, particularly for the use of insect as feed. Only isolated information related to the chemical risk of insect is available in publication regarding food and feed made (Charlton *et al.*, 2015).

There are endogenous risk factors in insect like antinutrient substances and allergens. It was determined that the pupae of the African silkworm *Anaphe* spp contain heat-resistant thiaminase which is responsible for seasonal ataxic syndrome cases due to thiamine deficiency in Nigeria for the last 40 years. Furthermore, it has been discovered that insects just like other arthropods (e.g., shellfish) can cause allergic reactions (Rumpold and Schlüter, 2013).

CONCLUSION

The insect could easily be the sustainable protein source of the future based on FCE and low environmental footprint. It could play a large role as an alternative protein source in contributing to the reduction of world hunger. Insect as a protein source has a lot of potential in the aquaculture industry, it is more practical in aquaculture as an insect serves as a part of the diet of fish in their natural environment. It is however important that care should be taken and further research carried out because most of the qualities that are desirable in insect as a protein source cannot be generalized for all insect. Nutrient composition varies based on species, stage of the life cycle, and type of feed. Also, the suitability and inclusion level of insect protein in feed depend on the aquaculture species to be fed; therefore, result from the research of a species cannot be generalized for other aquaculture species. There is also the need to fill the knowledge gap based on the processing of insect protein as well as the safety concerns associated with

insect protein. There is an increasing number of researches on insect protein but there is still a lot of work to be done in this area.

ACKNOWLEDGEMENT

The work/publication is supported by the EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 project. The project is co-financed by the European Union and the European Social Fund.

REFERENCES

- Adeniyi, O. – Folorunsho, C. (2015): Performance of *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822) fed dietary levels of Black soldier fly, *Hermetia illucens* (Linnaeus, 1758) prepupae meal as a protein supplement. *Int. J. Res. Fish Aquac.*, 5. 89-93.
- Anvo, M. P. M. – Toguyéni, A. – Otchoumou, A. K. – Zoungrana-Kaboré, C. Y. – Kouamelan, E. P. (2016): Evaluation of *Cirina butyrospermi* caterpillar's meal as an alternative protein source in *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822) larvae feeding. *Int. J. Fish. Aquat. Stud.*, 4. 88-94.
- Bandara, T. (2018): Alternative feed ingredients in aquaculture: opportunities and challenges. *J. Entomol. Zool. Stud.*, 6. 3087-3094.
- Belforti, M. – Gai, F. – Lussiana, C. – Renna, M. – Malfatto, V. – Rotolo, L. – De Marco, M. – Dabbou, S. – Schiavone, A. – Zoccarato, I. – Gasco, L. (2015): *Tenebrio molitor* meal in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) diets: Effects on animal performance, nutrient digestibility and chemical composition of filets. *Ital. J. Anim. Sci.*, 14. 670-676.
- Belluco, S. – Losasso, C. – Maggioletti, M. – Alonzi, C. C. – Paoletti, M. G. – Ricci, A. (2013): Edible insects in a food safety and nutritional perspective: a critical review. *Compr. Rev. Food Sci. F.*, 12. 296-313.
- Bondari, K. – Sheppard, D. (1987): Soldier fly, *Hermetia illucens* L., larvae as feed for channel catfish, *Ictalurus punctatus* (Rafinesque), and blue tilapia, *Oreochromis aureus* (Steindachner). *Aquacult. Res.*, 18. 209-220.
- Bruni, L. – Pastorelli, R. – Viti, C. – Gasco, L. – Parisi, G. (2018): Characterisation of the intestinal microbial communities of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) fed with *Hermetia illucens* (black soldier fly) partially defatted larva meal as partial dietary protein source. *Aquaculture*, 487. 56-63.
- Charlton, A. – Dickinson, M. – Wakefield, M. – Fitches, E. – Kenis, M. – Han, R. – Zhu, F. – Kone, N. – Grant, M. – Devic, E. (2015): Exploring the chemical safety of fly larvae as a source of protein for animal feed. *J. Insects as Food Feed*, 1. 7-16.
- Choi, I. – Kim, J. – Kim, N. – Kim, J. – Park, C. – Park, J. – Chung, T. (2018): Replacing fish meal by mealworm (*Tenebrio molitor*) on the growth performance and immunologic responses of white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). *Acta Sci. Anim. Sci.*, 40. e39077.
- Esteban, M. – Cuesta, A. – Ortuno, J. – Meseguer, J. (2001): Immunomodulatory effects of dietary intake of chitin on gilthead seabream (*Sparus aurata* L.) innate immune system. *Fish Shellfish Immunol.*, 11. 303-315.
- Esteban, M. – Mulero, V. – Cuesta, A. – Ortuno, J. – Meseguer, J. (2000): Effects of injecting chitin particles on the innate immune response of gilthead seabream (*Sparus aurata* L.). *Fish Shellfish Immunol.*, 10. 543-554.
- FAO (2013): Edible insects, future prospects for food and feed security. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
- FAO (2014): The state of world fisheries and aquaculture 2014. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.

- FAO (2016): The state of world fisheries and aquaculture 2016. Contributing to food security and nutrition for all. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
- Fasolin, L. – Pereira, R. – Pinheiro, A. – Martins, J. – Andrade, C. – Ramos, O. – Vicente, A. (2019): Emergent food proteins – Towards sustainability, health and innovation. *Food Res. Int.*, 125. 1-16.
- Feng, P. – He, J. – Lv, M. – Huang, G. – Chen, X. – Yang, Q. – Wang, J. – Wang, D. – Ma, H. (2019): Effect of dietary *Tenebrio molitor* protein on growth performance and immunological parameters in *Macrobrachium rosenbergii*. *Aquaculture*. 511. 734247.
- Fontes, T. V. – de Oliveira, K. R. B. – Gomes Almeida, I. L. – Maria Orlando, T. – Rodrigues, P. B. – Costa, D. V. (2019): Digestibility of insect meals for Nile tilapia fingerlings. *Animals*, 9. 181.
- Gasco, L. – Henry, M. – Piccolo, G. – Marono, S. – Gai, F. – Renna, M. – Lussiana, C. – Antonopoulou, E. – Mola, P. – Chatzifotis, S. (2016): *Tenebrio molitor* meal in diets for European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) juveniles: Growth performance, whole body composition and *in vivo* apparent digestibility. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 220. 34-45.
- Henry, M. – Gasco, L. – Piccolo, G. – Fountoulaki, E. (2015): Review on the use of insects in the diet of farmed fish: Past and future. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 203. 1-22.
- Henry, M. A. – Gasco, L. – Chatzifotis, S. – Piccolo, G. (2018): Does dietary insect meal affect the fish immune system? The case of mealworm, *Tenebrio molitor* on European sea bass, *Dicentrarchus labrax*. *Dev. Comp. Immunol.*, 81. 204-209.
- Ido, A. – Hashizume, A. – Ohta, T. – Takahashi, T. – Miura, C. – Miura, T. (2019): Replacement of fish meal by defatted yellow mealworm (*Tenebrio molitor*) larvae in diet improves growth performance and disease resistance in red seabream (*Pargus major*). *Animals*, 9. 100.
- Ido, A. – Iwai, T. – Ito, K. – Ohta, T. – Mizushige, T. – Kishida, T. – Miura, C. – Miura, T. (2015): Dietary effects of housefly (*Musca domestica*) (Diptera: Muscidae) pupae on the growth performance and the resistance against bacterial pathogen in red sea bream (*Pagrus major*) (Perciformes: Sparidae). *Appl. Entomol. Zool.*, 50. 213-221.
- IPIFF (2018): The European insect sector today: Challenges, opportunities and regulatory landscape. IPIFF vision paper on the future of the insect sector towards 2030.
- Lee, C. G. – Da Silva, C. A. – Lee, J. – Hartl, D. – Elias, J. A. (2008): Chitin regulation of immune responses: an old molecule with new roles. *Curr. Opin. Immunol.* 20. 6. 684-689.
- Lock, E. R. – Arsiwalla, T. – Waagbø, R. (2016): Insect larvae meal as an alternative source of nutrients in the diet of Atlantic salmon (*Salmo salar*) postsmolt. *Aquacult. Nutr.* 22. 1202-1213.
- Lucas, Andressa Jantzen da Silva – De Oliveira, L. M. – Da Rocha, M. – Prentice, C. (2019): Edible insects: an alternative of nutritional, functional and bioactive compounds. *Food Chem.* 311. 126022.
- Makkar, H. P. S. – Tran, G. – Heuzé, V. – Ankers, P. (2014): State-of-the-art on use of insects as animal feed. *Anim. Feed Sci. Technol.* 197. 1-33.
- Moldal, T. – Løkka, G. – Wiik-Nielsen, J. – Austbø, L. – Torstensen, B. E. – Rosenlund, G. – Dale, O. B. – Kaldhusdal, M. – Koppang, E. O. (2014): Substitution of dietary fish oil with plant oils is associated with shortened mid intestinal folds in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *BMC Vet. Res.*, 10. 60.
- Motte, C. – Rios, A. – Lefebvre, T. – Do, H. – Henry, M. – Jintasataporn, O. (2019): Replacing fish meal with defatted insect meal (Yellow Mealworm *Tenebrio molitor*) improves the growth and immunity of pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). *Animals*, 9. 258.
- Msangi, S. – Kobayashi, M. – Batka, M. – Vannuccini, S. – Dey, M. – Anderson, J. (2013): Fish to 2030: prospects for fisheries and aquaculture. *World Bank Report*, 83177. 102.
- Oliva-Teles, A. – Enes, P. – Peres, H. (2015): Replacing fishmeal and fish oil in industrial aquafeeds for carnivorous fish. In: *Feed and Feeding Practices in Aquaculture*, Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition, Porto University, Porto, 8. 203-233.
- Olsen, R. L. – Hasan, M. R. (2012): A limited supply of fishmeal: Impact on future increases in global aquaculture production. *Trends Food Sci. Technol.*, 27. 120-128.

- Panini, R. L. – Freitas, L. E. L. – Guimarães, A. M. – Rios, C. – da Silva, M. F. O. – Vieira, F. N. – Fracalossi, D. M. – Samuels, R. I. – Prudêncio, E. S. – Silva, C. P. – Amboni, R. D. M. C. (2017): Potential use of mealworms as an alternative protein source for Pacific white shrimp: Digestibility and performance. *Aquaculture*, 473. 115-120.
- Rema, P. – Saravanan, S. – Armenjon, B. – Motte, C. – Dias, J. (2019): Graded incorporation of defatted yellow mealworm (*Tenebrio molitor*) in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) diet improves growth performance and nutrient retention. *Animals*, 9. 187.
- Révész, N. – Biró, J. (2019): Recent trends in fish feed ingredients–mini review. *Acta Agraria Kaposv.* 23. 32–47.
- Rumpold, B. A. – Schlüter, O. K. (2013): Nutritional composition and safety aspects of edible insects. *Mol. Nutr. Food Res.*, 57. 802-823.
- Sánchez-Muros, M. – Barroso, F. G. – Manzano-Aguilario, F. (2014): Insect meal as renewable source of food for animal feeding: a review. *J. Clean. Prod.*, 65. 16-27.
- Sogari, G. – Amato, M. – Biasato, I. – Chiesa, S. – Gasco, L. (2019): The potential role of insects as feed: A multi-perspective review. *Animals*, 9. 119.
- Tran, G. – Heuzé, V. – Makkar, H. (2015): Insects in fish diets. *Anim. Front.*, 5. 37-44.
- Tschirner, M. – Kloas, W. (2017): Increasing the sustainability of aquaculture systems: Insects as alternative protein source for fish diets. *GAlA*, 26. 332-340.
- van Huis, A. – Itterbeek, J. – Klunder, H. – Mertens, E. – Halloran, A. – Muir, G. – Vantomme, P. (2013): Edible insects: future prospects for food and feed security. *FAO Forestry Paper*, 171. ISBN 978-92-5-107595-1
- van Huis, A. – Oonincx, D. G. (2017): The environmental sustainability of insects as food and feed. A review. *Agron. Sustain. Dev.* 37. 43.
- Van, D. F. – Camenzuli, L. – Belluco, S. – Meijer, N. – Ricci, A. (2018): Food safety issues related to uses of insects for feeds and foods. *Compr. Rev. Food Sci. F.* 17. 1172-1183.
- Vargas-Abúndez, A. J. – Randazzo, B. – Foddai, M. – Sanchini, L. – Truzzi, C. – Giorgini, E. – Gasco, L. – Olivotto, I.: 2019. Insect meal based diets for clownfish: Biometric, histological, spectroscopic, biochemical and molecular implications. *Aquaculture*, 498. 1-11.
- Wang, G. – Peng, K. – Hu, J. – Yi, C. – Chen, X. – Wu, H. – Huang, Y. (2019): Evaluation of defatted black soldier fly (*Hermetia illucens* L.) larvae meal as an alternative protein ingredient for juvenile Japanese seabass (*Lateolabrax japonicus*) diets. *Aquaculture*, 507. 144-154.
- Yixiang, M. – Jianhua, Y. – Jinyun, Z. – Xianping, Y. – Xia, W. – Chenglong, S. – Pei, L. (2013): The influence of maggot meal and l-carnitine on growth, immunity, antioxidant indices and disease resistance of black carp (*Mylopharyngodon piceus*). *J. Chinese Cereals Oils Assoc.*, 2. 1-9.
- Yoon, S. – Wong, N. A. – Chae, M. – Auh, J. (2019): Comparative characterization of protein hydrolysates from three edible insects: Mealworm larvae, adult crickets, and silkworm pupae. *Foods*, 8. 563.

Érkezett: 2020. január

Szerzők címe: Toviho O. A. – Kovács L. – Bársony P.
Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és
Környezetgazdálkodási Kar, Állattudományi, Biotechnológiai és
Természetvédelmi Intézet

Authors' address: University of Debrecen, Faculty of Agricultural and Food Sciences and
Environmental Management, Institute of Animal Science, Biotechnology and
Nature Conservation
H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.
odunayotoviho@agr.unideb.hu

EFFECT OF PHYSICAL FORM OF DIET ON PIGLETS' PERFORMANCE AFTER WEANING

NESZ PÉTER – NAGYNÉ KISZLINGER HENRIETTA

SUMMARY

Research was carried out on weaned crossbred piglets to compare two feeding methods. Both before and after weaning the same three phase feeding program was conducted both for the control and the treatment group in terms of types of piglet feed. However, while the control group was fed dry feed for 1 week after weaning continued with liquid feed for the remaining time, the treatment group had liquid feed for the whole nursery period. The control (dry fed) and treatment (liquid fed) groups consisted of 60 piglets each, 120 piglets in total. Feed intake, feed conversion ratio, body weight and uniformity of growth were measured. Overall average daily feed intake was in the control and trial group 680 g and 850 g/piglet, respectively. For the first week these values were 201 g and 286 g, respectively. Feed conversion ratio was 1.56 kg/kg and 1.7 kg/kg for the control and trial group. For the first week after weaning the values were 1 kg/kg and 1.16 kg/kg. Pre-weaning daily weight gain was higher in the dry fed group than in the liquid fed group, 273 vs. 252 g/day, but tendencies changed after weaning. Overall daily weight gain after weaning for liquid fed group exceeded that of dry fed group, 465 g/day and 421 g/day, respectively. By the end of the trial piglets fed liquid for the entire nursery period became more uniform than piglets started with dry feed for one week after weaning. Regarding only the first week we can conclude that feeding piglets with liquid diet right after weaning helps challenged piglets get through this critical period more easily but based only on this single research we can not state that our overall results are the consequence of the different feeding methods.

ÖSSZEFOGLALÁS

Nesz, P. – Nagyné Kiszlinger, H.: A TAKARMÁNY FIZIKAI ÁLLAPOTÁNAK HATÁSA A VÁLASZTOTT MALACOK TELJESÍTMÉNYÉRE

A szerzők két takarmányozási mód hatását vizsgálták választott nagyfehér x lapály hibrid ártány-malacokon. Választás előtt és után is ugyanazt a háromfázisú takarmányozást alkalmazták mind a kontroll-, mind a kísérleti csoportban: prestarter takarmány a választást követő 1-18. napon, starter takarmányt a 16-33. napon és malactakarmányt a 30. naptól a vizsgálat végéig. A kontrollcsoport ugyanakkor a választást követő első héten szárazon kapta a takarmányt, majd folyékonyan a nevelés befejezéséig. Ezzel szemben a kísérleti csoport a nevelés teljes időtartama alatt folyékonyan kapta a takarmányt. A kontroll- és a kísérleti csoport is 60 malacból állt, összesen 120 állatot vontak a vizsgálatba, melyeket 26, harmadik és negyedik fialású koca almaiból választottak ki. A vizsgált tulajdonságok: napi takarmányfelvétel, takarmányértékesítés, napi súlygyarapodás és az állomány homogenitása testsúly tekintetében. A vizsgálat egész időszakát tekintve a napi takarmányfelvétel 680 g és 850 g/malac volt a kontroll- és a kísérleti csoportban. A választást követő első héten ugyanez 201 g és 286 g volt. A takarmányértékesítés 1,56 kg/kg és 1,70 kg/kg volt a kontroll- és a kísérleti csoportban. A választást követő első héten ugyanez 1 kg/kg és 1,16 kg/kg. A választás előtti napi súlygyarapodás a kontrollcsoportban nagyobb volt, mint a kísérletiben, 273 vs. 252 g/nap, de ez a tendencia a választást követően megfordult. A nevelés teljes tartamát tekintve a végig folyékony takarmányt fogyasztó malacok átlagos napi súlygyarapodása felülmúlta a kontrollcsoport malacait, 465 g/nap vs. 421 g/nap. A vizsgálat befejezésekor a végig folyékony táppal etetett malacok súlya kiegyenlítettebb volt, mint a nevelést száraztakarmánnyal kezdő malacoké. A választást követő első hét eredményei igazolják, hogy a folyékony takarmányozás segíti a malacokat átjutni a kritikus időszakra, azonban a vizsgálat teljes időtartamára kapott eredmények megerősítéséhez ismételt vizsgálatokra van szükség.

INTRODUCTION

The weaning age of piglets in the EU averages 28 days which is considered economical however farmers face several problems of diverse physiological background.

The act of weaning itself, the separation from the sow is a most stressful event in the life of piglets which is followed by a series of phenomena including reduced feed intake, stagnating growth or even decreasing body weight. These symptoms often coincide with impaired health status confirmed by many authors (*van der Meulen et al.*, 2010; *Campbell et al.* 2013; *McLamb et al.*, 2013).

Under natural conditions piglets are weaned gradually and significantly later than under farm circumstances (*van der Meulen et al.*, 2010). By the age of 17-20 weeks wild piglets are considered to thrive solely on solid food (*Faragó*, 1994; *Whiting and Pasma*, 2008). The process of separation is initiated by both sow and piglets: the former restricts access to the udder, the latter exhibit decreasing interest in suckling (*Whiting and Pasma*, 2008). From the age of 3 weeks milk from the sow is not sufficient to cover the needs of piglets. Thus, parallel to reducing milk production wild piglets explore their environment looking for edible roots, grass, weeds, insects etc and, of course, water (*Faragó*, 1994; *Früh et al.*, 2014). In this way their gastrointestinal tract is adapting continuously to breaking down nutrients coming from sources other than sow milk.

On the contrary, post weaning growth drop, called also post weaning growth check is well known with piglets reared on intensive farms. Digestive enzyme activities rapidly increase from the fourth weeks of age (*Corring et al.*, 1978) but the function of the stomach and small intestine is not yet fully developed. The activity of pancreatic enzymes like trypsin or chymotrypsin increases (*Corring et al.*, 1978), however, right after weaning that of lipase was decreasing in the study of *Jensen et al.* (1997). Besides this there is a period of several days where the activity of lactase is declining but that of amylase and maltase has not yet reached its maximum which limits the digestion of dietary starch of plant origin. This period unluckily coincides with the time of weaning when young animals have to transit to the solid diet. Piglets often experience hunger then overeat without digesting feed properly and so offering medium for pathogenic bacteria to grow (*Sorensen et al.*, 2009). As a consequence challenged piglets suffer much from diarrhoea which is a defensive mechanism helping piglets remove undigested feed from the intestine as described by *Gadd* (2011).

Another problem that can significantly contribute to the setback of young animals is dehydration caused by either insufficient water intake or diarrhoea mentioned before. There is a strong association between water consumption and feed intake, thus it is of vital importance to get them drinking. While a portion of weaned piglets prefers water to solid feed right after weaning, there are animals that may thirst as long as 24 hours. Liquid feeding is a possible solution to avoid dehydration. *Russel et al.* (1996) found that the average daily feed intake of piglets fed liquid was significantly higher than that of piglets fed dry for the overall 28-day-period after weaning, partly due to increased wastage. Average feed conversion rates were not significantly different between the two methods. Daily weight gain, however, was found greater in the liquid feed group as well as total water usage.

Kim et al. (2001) reported similar results with piglets that had no access to creep feed prior to weaning. In their trial piglets fed liquid had 44% higher average daily weight gain with decreasing difference compared to piglets fed dry feed as the pigs aged. At the end of the nursery period liquid fed pigs weighed 2-4 kg more than dry-fed pigs. In an other research (*Han et al.*, 2006) weaned piglets were assigned to three treatments: first, having dry feed for 40 days, second, having liquid feed for 10 days followed by dry feed for 30 days and third, having liquid feed for 20 days followed by dry feed for 20 days. Liquid fed piglets were superior to dry-fed piglets regarding daily feed intake for the overall period explained by the fact that liquid fed piglets did not have to learn separate feeding and drinking. The daily weight gain of the liquid fed groups was 4.9-16.8% higher than that of dry-fed group. The feed conversion ratio for the second group was the highest.

In the present study two feeding strategies were compared: feeding weaned piglets dry pelleted feed for 1 week followed by liquid feeding vs. feeding them liquid feed over the entire nursery period. The former was the general feeding strategy in the nursery. Feed intake, feed conversion ratio, daily weight gain and uniformity of growth were evaluated.

MATERIAL AND METHODS

Research was carried out on castrated Large White x Landrace crossbred weanlings. The control (dry fed) and the treatment (liquid fed) groups consisted of 60 piglets each, 120 piglets in total from 26 sows of parity 3 and 4. Randomly selected piglets were ear tagged and weighed individually twice in the farrowing unit, once 4 days prior to weaning and the second time on the day of weaning. Then all piglets were placed in the same nursery, divided into 4 pens with a floor space of 22 m² each. The flooring was slatted and a combination of plastic and concrete floor. Initial nursery temperature was 28°C in the barn. As environment enrichment material we provided hemp ropes.

Each pen was equipped with a sensor-controlled two sided feeder trough with a length of 175 cm, 8 nipple drinkers, 4 of them at a height of 32 cm and 4 at 48 cm. In addition a round feeder was also placed into the pen and filled with water for a week after weaning.

In the farrowing unit supplemental feeding started at the age of 3 days with liquid milk replacers dispensed in sensor-controlled piglet trough. Milk replacer was provided till the 18th day after birth. From the 7th life day prestarter was offered in round feeders.

At the age of 4 weeks piglets were weaned. After weaning the same three phase feeding program was conducted both for the control and the treatment groups in terms of types of piglet feed with pre-starter being the first, followed by starter and ended with piglet 3F (*Table 1.*). However, while the control group was fed dry feed for 1 week after weaning continued with liquid feed for the remaining time, the treatment group had liquid feed for the whole nursery period. The water to feed ratio was 2.5:1 in both groups. Through the sensor in the automatic feeder a computer checked every 30 min between 5:00 and 12:00 am and every 60 min between 14:00 and 24:00 pm whether there is still feed in the trough. All piglets were given *ad libitum* access to feed and water.

Table 1.

Chemical composition of experimental diets in nursery

	Pre-starter	Starter	3F piglet (1)
Feeding interval, day (2)	1-18	16-33	30-
Ingredient (3)			
Crude protein, % (4)	19.5	17.5	16.5
Crude fat, % (5)	6.1	4.9	4.0
Crude fiber, % (6)	2.5	3.0	4.0
Crude ash, % (7)	5.0	5.0	4.5
Calcium, % (8)	0.61	0.6	0.54
Phosphorus, % (9)	0.55	0.50	0.44
Salt, % (10)	0.30	0.20	0.19
Vitamin-A, NE/kg	16000	14452	5500
Vitamin-D ₃ , NE/kg	2000	2000	660
Vitamin-E, mg/kg	150	100	139
Lysine, % (11)	1.47	1.37	1.18

1. táblázat A kísérletben etetett takarmányok kémiai összetétele

3 F malactáp (1); etetés időtartama, nap (2); összetevő (3); nyersfehérje, % (4); nyerszsír, % (5); nyersrost, % (6); hamu, % (7); kalcium, % (8); foszfor, % (9); só, % (10); lizin, % (11)

During the experiment piglets were individually weighed every 3 days, in total 15 times (2 times in the farrowing unit and 13 times in the nursery). Average weaning weight for the trial group was 9.2 kg, that for the control group 8.9 kg. Feed intake could only be recorded for pen, not individually, and on a dry matter basis for both groups. Two animals from both groups were removed because of leg problems; average feed intake was corrected accordingly. Feed conversion ratio was calculated for the nursery period. To assess uniformity of growth CV% was computed for weight at 3-day intervals. Average daily weight gain was calculated for the whole experimental period and for each interval extended by 3 days, as well.

The statistical analysis of the data was carried out by SAS 9.1.4 using MEANS for descriptive statistics, covariance analysis for comparison of growth of control and treatment group. In the model weaning weight was used as covariate and the group as fixed effect.

RESULTS AND DISCUSSION

Feed intake

The average feed intake for the control group was 27.3 kg while that of the experimental group exceeded it by 24.2% (33.9 kg) during the trial in the nursery. The average daily feed intake was 680 g and 850 g/piglet in the control and trial group, respectively. Focusing solely on the first week after weaning, the differ-

ence is more striking. The average daily feed intake of piglets fed dry was 200.5 g while that for liquid fed piglets was 286 g, which means a superiority of 42.6 % compared to the control group. As we did not have opportunity to measure feed intake individually, the difference cannot be proven statistically, however it is remarkable.

In the literature we did not find similar research where piglets were fed the way as in our trial group, so in the following discussion – also in case of the traits feed conversion ratio and average daily gain – the first week after weaning could only be taken into account.

Our result for the first week after weaning is in accordance with that of *Ruszel et al.* (1996) who attributed this difference primarily to feed wastage in the liquid fed group. In their experiment daily feed intake of liquid fed piglets was 286 g higher than that for dry fed group in the first week. *Kim et al.* (2001) also found that average feed intake of liquid fed group exceeded that of the dry fed group during the first two weeks after weaning. Results of *Han et al.* (2006) and *Lawlor et al.* (2002) are also in agreement with our and previous findings: liquid fed piglets' average feed intake in their trials was higher by 16.8% and 12.8%, by 35.4% and 28.3%, respectively. By contrast, *Hong et al.* (2009) obtained reverse results.

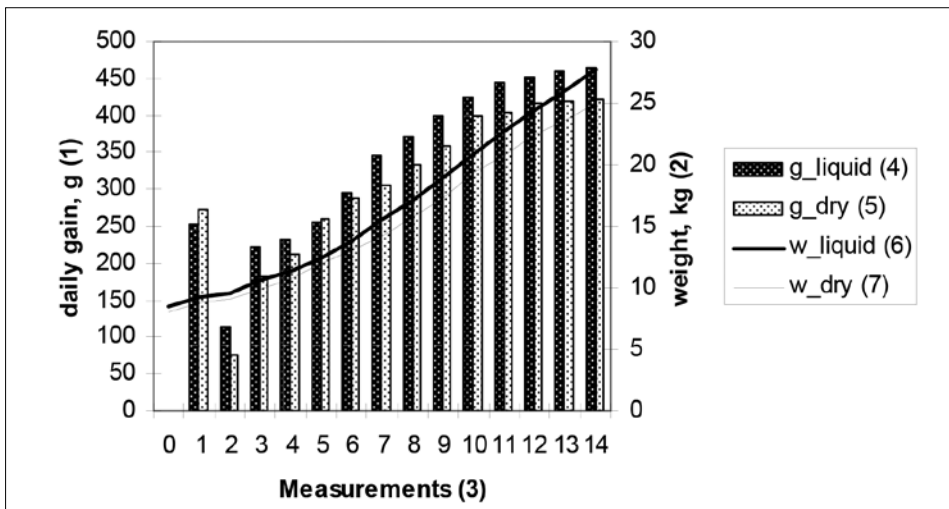
Feed conversion ratio

The feed conversion ratio (FCR) was found higher for the liquid fed group than for the dry fed group, 1.7 kg/kg and 1.56 kg/kg, respectively. For the first week after weaning the values are 1.16 kg/kg and 1 kg/kg, respectively. Non-significant was the difference in the study of *Ruszel et al.* (1996) for the first week in both trials where liquid vs. dry fed piglets had a conversion ratio of 3.47 and 3.36 kg/kg in trial 1., respectively, attributed to feed wastage, and 1.57 and 1.52 kg/kg in trial 2, respectively. Furthermore, our results are consistent with that of *Han et al.* (2006), however, they assessed lower difference between both feeding strategies. By contrast, *Hong et al.* (2009) obtained reverse results. Piglets reached an FCR of 1.05 kg/kg on a liquid diet with inclusion of rice distiller's residue and 1.41 kg/kg on fermented liquid diet depending while on dry feed 1.67 kg/kg for the first two weeks. They assume that the differences are due to reduced dietary fibre content and higher digestibility of crude protein and organic matter in the former diet.

Kim et al. (2001) and *Lawlor et al.* (2002) calculated feed conversion as average daily weight gain divided by dry matter intake. They obtained controversial results, as well. In the research of *Kim et al.* (2001) pigs fed liquid diet utilized feed better than the other group: they gained 1076 and 1061 g/kg on liquid feed, while 878 and 867 g/kg on dry feed. In latter study the values are 978 and 1167 g/kg and 587 and 778 g/kg for dry and liquid feed, respectively. Values for liquid feed are surprisingly high but remain without further explanation.

Average daily weight gain

Average daily weight gain expressed as daily weight gain related to the first weight measurements in the nursery and weight data beginning with the weight 3 days prior to weaning (measurement 0) are shown in *Figure 1*.

Figure 1. Average daily weight gain and body weight of piglets fed liquid or dry diet

1. ábra A folyékony illetve a száraz takarmánnyal nevelt malacok átlagos súlygyarapodása és súlya napi súlygyarapodás, g (1); súly, kg (2); mérés (3); súlygyarapodás_folyékony (4); súlygyarapodás_száraz (5); súly_folyékony (6); súly_száraz (7)

Daily gain for the 3-day-period before weaning was higher in the dry fed group, 273 vs. 252 g/day, despite of piglets in the liquid group had significantly higher body weight initially. The difference between groups for daily gain was statistically not significant. The second pair of bars in *Figure 1*. denotes growth for the first 6 days after weaning, and the set back is remarkable both for dry and liquid fed piglets. However, it is noteworthy that piglets on liquid feed exceeded the performance of the other group probably due to better hydration trough feed. From the 15th days after weaning (6. pairs of bars in *Figure 1*.), the difference in growth remains significant except for measurement 9 and 11 ($p = 0.13$ and 0.06 , respectively) until the end of experiment. The overall daily weight gain after weaning for liquid fed group exceeded that of the dry fed group, 465 g/day and 421 g/day, respectively ($p = 0.012$).

Similar results were reported in the study of *Russel et al.* (1996). Although their first trial design of trough was less satisfactory, piglets on liquid feed outperformed weanlings on dry feed. With trough design change this superiority became more remarkable. In the trials of *Han et al.* (2006) the advantage of liquid feed was also clearly seen. They achieved the highest daily weight gain in the group fed liquid the first 20 days after weaning. *Hong et al.* (2009) found that a liquid diet with rice distiller's residue had a more beneficial effect on daily weight gain compared with the control diet, however it may be due to higher digestibility. The fermented liquid group performed the second best but the difference between this and the dry fed group was not significant. Results of *Kim et al.* (2001) partly confirm ours. In the hot nursery with ambient temperatures of 30°C piglets developed faster. They explain it with elevated feed intake and the absence of diarrhoea. On the contrary, in the segregated temperature nursery piglets fed dry pellet showed

more accelerated growth performance than piglets fed liquid diet. This finding is consistent with that of *Lawlor et al.* (2002) who reported moderate growth rate in the liquid fed group compared with its control.

Uniformity of growth

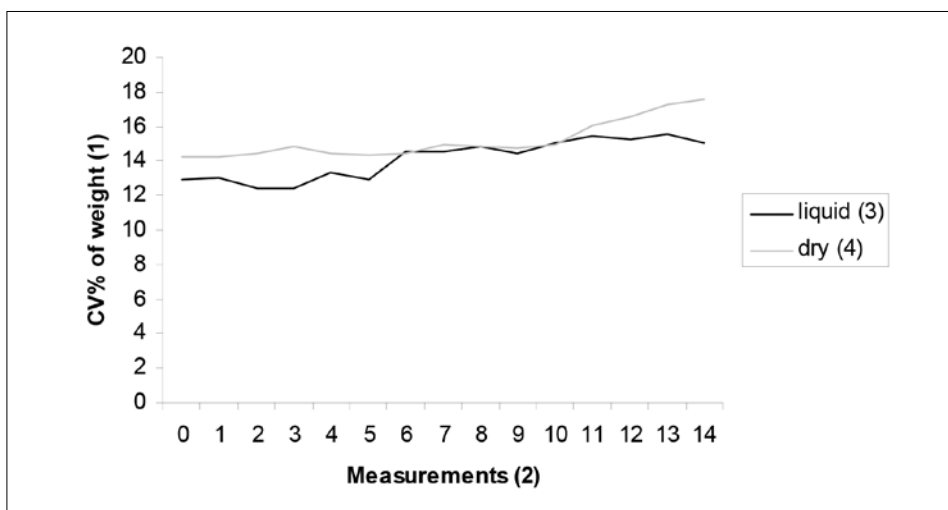
In order to achieve a homogeneous batch in terms of body weight by the end of the fattening period, it is important that pigs start with little variation in this trait. Thus we followed uniformity of growth along the nursery period as well (*Figure 2.*). The CV% of weight for piglets fed liquid after weaning was initially lower than that for the control group, 12.9% vs. 14.2 % but by the 18th day after weaning (the 6th measurement) the difference between the groups disappeared, lines intersect. From that point on to the 30th day after weaning (10. measurement) lines run parallel and close with little superiority of the dry fed group showing that variation in body weights are similar in both groups. By the end of the trial the lines parted remarkable, thus, piglets fed liquid for the entire nursery period became more uniform than piglets started with dry feed for one week after weaning.

In the previous studies uniformity of weight at the end of the nursery period depending on feeding strategy, similarly to ours, was not reported.

CONCLUSIONS

For the most time piglets were fed the same way, the difference in the physical form of the diet between groups was restricted to the first week after weaning, thus, based only on this single research we cannot state that our overall results are the consequence of that first week when control piglets were given dry feed.

Figure 2. *Uniformity of growth depending on feeding strategy*



2. ábra A testsúly homogenitása a takarmányozási módtól függően

a súly CV%-a (1); mérés (2); folyékony (3); száraz (4)

However, regarding only the first week we can conclude that feeding piglets liquid right after weaning helps challenged piglets get through this critical period more easily.

REFERENCES

- Campbell, J. M. – Crenshaw, J. D. – Polo, J. (2013): The biological stress of early weaned piglets. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 4. 19.
- Corring, T. – Aumaitre, A. – Durand, G. (1978): Development of digestive enzymes in the piglet from birth to 8 weeks. *Nutr. Metab.*, 22. 231-243.
- Faragó, S. (1994): Vadászati állattan. In: Vadászati enciklopédia. Budapest, Mezőgazda Kiadó, 177.
- Früh, B. – Hagmüller, W. – Walkenhorst, M. – Wesselmann, S. (2014): Erfolgreiches Absetzen der Bioferkel. *Bioland.de*
/fileadmin/dateien/HP_Dokumente/Verlag/Erfolgreiches_Absetzen_Bioferkel.pdf
- Gadd, J. (2011): Modern pig production technology. A practical guide to profit. Nottingham University Press, Nottingham, United Kingdom.
- Han, Y-K. – Thacker, P. A. – Yang, Y-S. (2006): Effects of the duration of liquid feeding on performance and nutrient digestibility in weaned pigs. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 19. 396-401.
- 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.
- Jensen, M. S. – Jensen, S. K. – Jakobsen, K. (1997): Development of digestive enzymes in pigs with emphasis on lipolytic activity in the stomach and pancreas. *J. Anim. Sci.*, 75. 437-445.
- Kim, J. H. – Heo, K. N. – Odle, J. – Han, I. K. – Harell, J. (2001): Liquid diets accelerate the growth of early-weaned pigs and the effects are maintained to market weight. *J. Anim. Sci.*, 79. 427-434.
- Lawlor, P. G. – Lynch, P. B. – Caffrey, P. J. – O'Doherty, J. V. (2002): Effect of pre- and post-weaning management on subsequent pig performance to slaughter and carcass quality. *Anim. Sci.*, 75. 245-256.
- McLamb, B. L. – Gibson, A. J. – Overman, E. L. – Stahl, C. – Moeser, A. J. (2013): Early weaning stress in pigs impairs innate mucosal immune responses to enterotoxigenic *E. coli* challenge and exacerbates intestinal injury and clinical disease. *PLoS ONE* 8(4): e59838. doi:10.1371/journal.pone.0059838
- Russel, P. J. – Geary, T. M. – Brooks, P. H. – Campbell, A. (1996): Performance, water use and effluent output of weaner pigs fed *ad libitum* with either dry pellets or liquid feed and the role of microbial activity in the liquid feed. *J. Sci. Food Agric.*, 72. 8-16.
- Sorensen, M. T. – Vestergaard, E. M. – Jensen, S. K. – Lauridsen, C. – Hojsgaard S. (2009): Performance and diarrhoea in piglets following weaning at seven weeks of age: Challenge with *E. coli* O 149 and effect of dietary factors. *Livest. Sci.*, 123. 314-321.
- van der Meulen, J. – Koopmans, S. J. – Dekker, R. A. – Hoogendorn A. (2010). Increasing weaning age of piglets from 4 to 7 weeks reduces stress, increases post-weaning feed intake but does not improve intestinal functionality. *Animal*, 4. 1653-1661.
- Whiting, T. L. – Pasma, T. (2008): Isolated weaning technology: Humane benefits and concerns in the production of pork. *Anim. Welf.*, 49. 293-301.

Érkezett: 2020. január

A szerzők címe: Nesz P. – Nagyné Kiszlinger H.
Kaposvári Egyetem, Agrár- és Környezettudományi Kar
Authors' address: University of Kaposvár
H-7400 Kaposvár, Guba S. u. 40.
kiszlinger.henrietta@ke.hu

AUTOMATIZÁLT FLOW CITOMÉTERES KLASZTERANALÍZIS SPERMATOLÓGIAI ALKALMAZHATÓSÁGA

KOVÁCS BARNABÁS MIHÁLY – NAGY SZABOLCS TAMÁS

ÖSSZEFOGLALÁS

A mesterséges termékenyítés egyik legfontosabb előnye, hogy előzetesen értékelt termékenyítő-anyagot használhatunk. A fertilitás lehető legpontosabb becslése érdekében a spermiumok számos tulajdonságát vizsgálhatjuk. Az egyik ilyen szempont a spermiumok kromatinállapota, hiszen az apai DNS károsodása negatív hatással lehet a korai embrió fejlődésére. Az egyik leggyakrabban használt módszer az áramlási citométerrel végzett Sperm Chromatin Structure Assay. A citométerrel gyorsan és precízen értékelhetjük a sejteket, viszont a kapott adatok elemzése a hagyományos kézi régióanalízissel meglehetősen időigényes és szubjektív. A szerzők célja egy automatizált adatelemző program (FloCK – Flow Cytometry Clustering by K-means) használatával gyorsabbá és objektívebbé tenni a kapott adatok kiértékelését. Az eredmények szerint a FloCK programmal jól megközelíthetőek a kézi régióanalízissel kapott adatok. Az alacsony arányban előforduló sejtek, mint például a rendellenes kromatin kondenzációt mutató sejtek detektálása azonban nem lehetséges, emiatt a spermiumkromatin-vizsgálatok adatainak elemzésére a FloCK automatizált klaszteranalízis nem megfelelő.

SUMMARY

Kovács, B. M. – Nagy, Sz. T.: APPLICABILITY OF FLOW CYTOMETRIC AUTOMATED CLUSTER ANALYSIS IN SPERMATOLOGY

One of the most important elements of artificial insemination is the use of quality-controlled semen. In order to estimate fertility as accurately as possible, several sperm characteristics should be examined. One of these is the DNA status of the sperm, as the damage of paternal DNA can have a negative impact on the early embryonic development. One of the most frequently used tests is the Sperm Chromatin Structure Assay with flow cytometry. Flow cytometry allows quick and precise analyses, however, the classic manual data analysis is time-consuming and highly dependent on user experience, making it the most limiting aspect of this technology. Our aim was to test a quick and objective alternative approach with an automated data analysis program, so-called Flow Cytometry Clustering by K-means (FloCK). FloCK program can achieve a quick and reliable analysis and the results showed a significant positive strong correlation with the classic manual gating results. The main weakness of the automated cluster analysis is that rare events, in this case the spermatozoa with abnormal chromatin condensation are not detected, therefore our conclusion is that the FloCK approach is not suitable for sperm chromatin test analyses.

BEVEZETÉS

A modern állattenyésztés egyik legfontosabb biotechnológiai eszköze a mesterséges termékenyítés és egyes fajok esetében a mélyhútvte történő spermatarolás. Sikeres alkalmazásának azonban alapfeltétele a mesterséges termékenyítésre szánt sperma minőségellenőrzése (Foote, 1975). Számos spermabírálati szempontot dolgoztak ki az elmúlt évtizedekben azzal a céllal, hogy a fertilitást minél biztosabban megbecsülhessük. A spermavizsgálatok legfontosabb elemei a mennyiség, a konzisztencia, a motilitás és a tömegmozgás. A gyakorlati munka nem minden esetben teszi lehetővé egyéb szempontok értékelését, mint például a morfológia, membrán integritás, akroszóma státusz, DNS állapot, pedig a fertilitás meghatározásának szempontjából ezek fontosak lehetnek (Petrunkina és Harrison, 2011). A vizsgálatok felgyorsítását és objektivitásuk növelését egyes módszerek alkalmazása segítheti, mint például a CASA (Computer-assisted Sperm Analysis), amellyel objektíven értékelhetjük a spermiumok motilitását (Hossain és mtsai, 2011).

Az egyik leghatékonyabb módszer a spermavizsgálatok elvégzésére az áramlási (flow) citométer használata. Mára a kutatási felhasználáson túl a termékenyítő állományok körében is elterjedt a spermavizsgálatok rutinszerű elvégzésére (Hossain és mtsai, 2011). Az áramlási citometria egy olyan eljárás, amellyel folyadékban szuszpendált mikroszkopikus részecskéket, például sejteket vagy kromoszómákat tudunk vizsgálni. A módszer lehetővé teszi több ezer, vagy tízezer sejt számos tulajdonságának egyszerre történő vizsgálatát. A technológia alkalmas továbbá a sejtek szortírozására is, amit az ivardeterminált termékenyítőanyag előállítása esetén használhatunk ki (Longobardi Givan, 2001). Az elmúlt évtizedekben rohamosan fejlődött ez a terület, elsősorban a hardware és a reagensek tekintetében. A multiparaméteres vizsgálatok olyan komplex adathalmazt eredményeznek, amit már nem lehet hatékonyan a hagyományos adatelemzési módszerekkel értékelni (Shapiro, 2004). A klasszikus citométeres adatelemzés a kézi régióanalízisen alapszik, amelynek során a szakemberek manuálisan, szubjektíven különítik el a vizsgálat szempontjából fontos sejtcsoportokat. Ez az eljárás viszont az áramlási citométeres vizsgálatok legkényesebb pontja, hiszen rendkívül időigényes, és magában foglalja az emberi hibalehetőséget (Bashashati és mtsai, 2009).

A szubjektívítás kiküszöbölése érdekében már több fél-automata, illetve automata adatelemző szoftvert fejlesztettek, amellyel precíz, jól ismételt elemzéseket végezhetünk, viszont nem igazán lehetett ezeket egymással, illetve a hagyományos kézi régióanalízissel összehasonlítani. A FlowCap összefogás keretén belül számos citometriával foglalkozó szakember hasonlította össze ezeket a programokat, vizsgálva azok hatékonyságát, egyszerűségét, és gyorsaságát (Aghaeepour és mtsai, 2013).

A kutatásunk során egy ilyen automatizált adatelemző módszer, a FloCK (Flow cytometry Clustering by K-means) alkalmazhatóságát teszteltük a Sperm Chromatin Structure Assay (SCSA) adatsorain, és az így kapott eredményeket összevetettük egy tapasztalt szakember szubjektív régióanalízise során kapottakkal.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatainkat a Pannon Egyetem Georgikon Karának Sejtanalitikai laboratóriumában végeztük, melyben a Sperm Chromatin Structure Assay-vel korábban

Nagy és mtsai (2013) által hagyományos adatelemzési megközelítéssel értékelt 43 Ayrshire bika spermamintájának eredményeit elemeztük újra a FloCK programmal.

Sperm Chromatin Structure Assay

A felolvasztott sperma hígítása 0,01M TRIS, 0,15M NaCl, 1 mM EDTA tartalmú, 7,4 pH-jú pufferrel történt. Egy perc után 200 μ l hígított sperma össze lett keverve 400 μ l sav-detergens oldattal, ami 0,15M NaCl, 0,08 N HCl, 0,1% Triton-x100-t tartalmazott, majd 30 másodperccel később a mintát akridin-narancs festékoldattal kezeltük (0,2 M Na_2HPO_4 , 1mM EDTA, 0,15 M NaCl, 0,1 M citromsav, 6 mg/ml akridin-narancs). A vizsgálat 3 perccel a savas kezelés után kezdődött.

A mérés egy FACSSStar Plus típusú (Becton Dickinson, USA) standard optikájú, 488 nm argon-ion lézerrel felszerelt citométerrel történt. A kétszálú DNS-hez kötött akridin narancs zölden fluoreszkál (530 \pm 30 nm), míg az egyszálú DNS-hez kötött festék vörösen (> 630 nm). A zöld fluoreszcencia rögzítését FL1 (528/28 nm), a vörös rögzítését FL3 (> 630 nm) detektorral végeztük. A vizsgálat mintánként 10000 esemény gyűjtése után lett leállítva (Nagy és mtsai, 2013). A kézi régióanalízist és a DNS-fragmentációs index kiszámítását egy tapasztalt citométeres szakember végezte (Nagy és mtsai, 2013).

FloCK adatelemzés

Az adatok kiértékelését a FloCK – Flow Cytometry Clustering by K-means programmal végeztük (<http://theory.bio.uu.nl/tjibbe/flock/>; Utrecht University, 2009, 0.9.16 verzió). Ez egy K-közép klaszterelemző program, aminek segítségével nagy adathalmazt homogén csoportokra (klaszterekre) tudunk bontani. Az algoritmus az előre beállított várható klaszterek száma alapján véletlenszerűen kijelöli

1. ábra FloCK vizsgálat

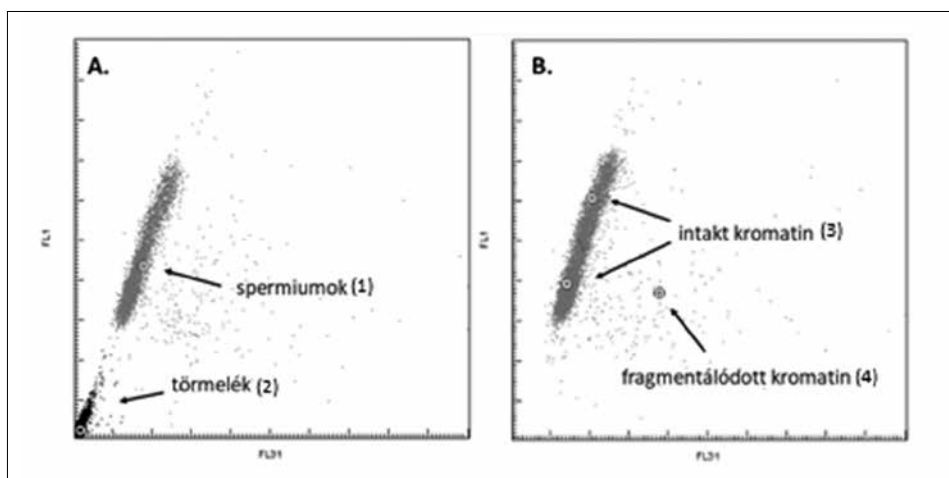


Figure 1. FloCK analysis

sperm (1); debris (2); intact DNA (3); fragmented DNA (4)

a klaszterek középpontjait, majd ezekhez hozzárendeli a legközelebb található eseményeket, így kialakítva a klasztereket. Ezután a program a kialakult klaszterek középpontját újraszámolja, és ismét hozzárendeli a legközelebbi pontokat, majd ezt addig ismétli, amíg ezáltal egy stabil állapotot el nem ér.

A K-klaszteranalízis előnye, hogy rendkívül gyorsan és egyszerűen lehet nagy adatmennyiségeket értékelni, egyik hátránya viszont, hogy a kezdő klaszterközpontok véletlenszerű kijelölése miatt a módszer magában hordozhatja a rossz ismételhetséget. A másik hátránya pedig, hogy az elnyújtott populációkat hajlamos több csoportra felosztani (*Pang-Ning és mtsai, 2005*).

A klaszteranalízishez szükséges várható klaszterek számát a hagyományos SCSA eredmények alapján határoztuk meg: az intakt spermiumok mellett fragmentált és rendellenes kromatinkondenzációjú csoportok megjelenését vártuk. A vizsgálat során fontos, hogy a törmelékeket, szennyeződések kizárjuk a vizsgálatból.

Az első klaszterezés során kizártuk a törmelékeket, az elemzésbe bevont események így kizárólag spermiumok voltak (1. ábra). A spermiumokkal újabb klaszterezést végeztünk és ezután kaptuk meg az 1. b ábrán látható spermium-klasztereket. Ebben az esetben látszik, hogy ezt az elnyújtott populációt két részre osztja a program, de a vizsgálat szempontjából ezeket egy klaszterként kezeltük. A rendellenes kromatinkondenzációt mutató spermiumokat egy esetben sem sikerült azonosítani a FloCK programmal.

Statisztikai módszerek

A statisztikai elemzésekhez az R 3.6.1 verzióját használtuk. A kézi régióanalízissel kapott adatok és a FloCK program eredményeit Spearman-féle rangkorrelációval hasonlítottuk össze. A FloCK program ismételhetségét a Bland-Altman módszer-egyezési statisztikával (*Bland és Altman, 1986*) értékeltük.

EREDMÉNYEK

A Bland-Altman elemzés szerint a méréspárok közti átlagos eltérés $d=0,36\%$, a szórás $SD=0,31\%$, az ismételhetség határai ($d \pm 2SD$) $0,98$, illetve $-0,26\%$ voltak. Az ismételhetségi határokon kívül 3 esemény volt (2. ábra).

A Spearman-féle rangkorreláció eredményeit az alábbi korrelációs mátrixba rendeztük (1. táblázat). A táblázatban látható, hogy a kézi régióanalízis és a FloCK klaszteranalízis mindkét futtatása között szignifikáns ($p < 0,001$) szoros pozitív korreláció volt kimutatható.

Összességében elmondható, hogy sikeresen alkalmaztuk a FloCK automatizált klaszteranalízist az SCSA spermatoológiai vizsgálat adatelemzése során.

A FloCK automatizált adatelemző program alkalmas az áramlási citométerrel végzett spermatoológiai vizsgálatok adatelemzési munkáinak megkönnyítésére. A Sperm Chromatin Structure Assay esetében az intakt és a DNS fragmentációt mutató sejteket sikeresen elkülönítettük, azonban a rendellenes kromatinkondenzációt mutató sejtek automata azonosítása nem sikerült. Ennek oka az lehetett, hogy ezek a sejtek rendkívül alacsony arányban voltak jelen a sejtekben. A ritka események detektálására a FloCK program tehát nem alkalmas, így hasonló esetekben más adatelemző módszerek lehetnek hasznosak, mint például az R környezetben futó Barcoding vagy Fingerprinting alkalmazások (*Rogers és mtsai, 2008; Koch és mtsai, 2013*).

2. ábra FloCK vizsgálat ismételtetősége

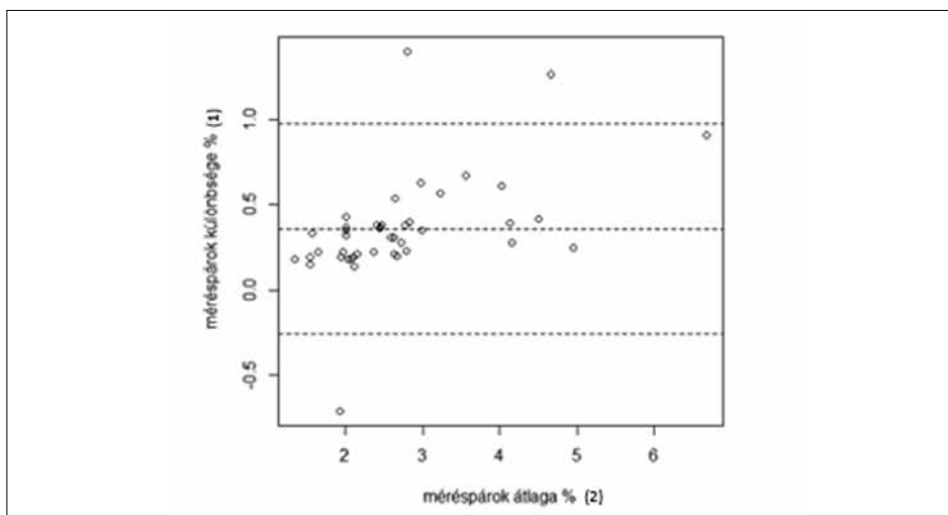


Figure 2. FloCK test repeatability

difference of paired measurements (1); average of paired measurements (2)

1. táblázat

A manuális és automatizált módszerek kapcsolata

	FloCK Frag. 1	FloCK Frag. 2	FloCK Intact 1	FloCK Intact 2	HIGR	INTACT	DFI
FloCK Frag. 1	Rs=1,00	0,92*	-0,99*	-0,92*	0,13	-0,88*	0,85*
FloCK Frag. 2	0,92*	1,00	-0,92*	-0,99*	0,03	-0,83*	0,82*
FloCK Intact 1	-0,99*	-0,92*	1,00	0,92*	-0,13	0,88*	-0,85*
FloCK Intact 2	-0,92*	-0,99*	0,92*	1,00	-0,03	0,83*	-0,82*
HIGR	0,13	0,03	-0,13	-0,03	1,00	-0,13	-0,06
INTACT	-0,88*	-0,83*	0,88*	0,83*	-0,13	1,00	-0,97*
DFI	0,85*	0,82*	-0,85*	-0,82*	-0,06	-0,97*	1,00

*p < 0,001

FloCK Frag. 1: FloCK első futtatás – DNS fragmentáció; FloCK Frag 2: FloCK második futtatás – DNS fragmentáció; FloCK Intact 1: automatizált klaszteranalízis első futtatásával kapott intakt DNS-sel rendelkező sejtek; FloCK Intact 2: FloCK második futtatás - intakt sejtek; HIGR: rendellenes kromatin kondenzáció; INTACT: hagyományos elemzéssel kapott intakt DNS-sel rendelkező sejtek; DFI: kézi régióanalízis – DNS fragmentáció

Table 1. The relationship between manual and automated methods

FloCK Frag. 1: spermatozoa with fragmented DNA as measured with FloCK – first run; FloCK Frag 2: spermatozoa with fragmented DNA as measured with FloCK – second run; FloCK Intact 1: spermatozoa with intact DNA as measured with FloCK – first run; FloCK Intact 2: spermatozoa with intact DNA as measured with FloCK – second run; HIGR: abnormal chromatin condensation; INTACT: spermatozoa with intact DNA as measured by the conventional analysis; DFI: DNA fragmentation measured with manual region analysis

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Az Innovációs és Technológiai Minisztérium ÚNKP-19-2 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának szakmai támogatásával készült.

IRODALOMJEGYZÉK

- Aghaeepour, N. - Finak, G. - FlowCAP Consortium - DREAM Consortium - Hoos, H. - Mosmann, T. R. - Brinkman, R. - Gottardo, R. - Scheuermann, R. H.* (2013): Critical assessment of automated flow cytometry data analysis techniques. *Nat. Methods*, 10. 228-238.
- Bashashati, A. - Brinkman, R. R.* (2009): Survey of flow cytometry data analysis methods. *Adv. Bioinformatics*, 1-19.
- Bland, J. M. - Altman, D. G.* (1986): Statistical methods for assessing agreement between two methods of clinical measurement. *Lancet*, i:8476, 307-310.
- Foote, R. H.* (1975): Semen quality from the bull to the freezer: an assessment. *Theriogenology*, 3. 219-235.
- 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. *Asian J. Androl.*, 13. 406-419.
- Koch, C. - Fetzer, I. - Schmidt, T. - Harms, H. - Müller, S.* (2013): Monitoring functions in managed microbial systems by cytometric bar coding. *Environ. Sci. Technol.*, 47. 1753-1760.
- Longobardi Givan, A.* (2001): *Flow cytometry: First principles*. Wiley-Liss, Inc., 296.
- Nagy, S. - Johannisson, A. - Wahlsten, T. - Ijäs, R. - Andersson, M. - Rodriguez-Martinez, H.* (2013): Sperm chromatin structure and sperm morphology: Their association with fertility and AI-dairy Ayrshire sires. *Theriogenology* 79. 1153-1161.
- Pang-Ning, T. - Steinbach, M. - Kumar, V.* (2005): *Introduction to data mining*. Pearson, 792.
- Petrunkina, A. M. - Harrison, R. A. P.* (2011): Cytometric solutions in veterinary andrology: Developments, advantages, and limitations. *Cytometry*, 79. 338-348.
- Rogers, W. T. - Moser, A. R. - Holyst, H. A. - Bantly, A. - Mohler, E. R. - Scangas, G. - Moore, J. S.* (2008): Cytometric fingerprinting quantitative characterization of multivariate distributions. *Cytometry A*, 73. 430-441.
- Shapiro, H.* (2004): The evaluation of cytometers. *Cytometry*, 58. 13-20.

Érkezett: 2020. január

Szerzők címe: Kovács B. M. - Nagy Sz. T.
Pannon Egyetem Georgikon Kar, Állattudományi Tanszék

Authors' address: University of Pannonia, Georgikon Faculty
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc u. 16.
nagy.szabolcs@georgikon.hu

2019-BEN SIKERESEN MEGVÉDETT PHD DISSZERTÁCIÓK ÖSSZEFOGLALÓI SUMMARIES OF PHD DISSERTATIONS IN THE YEAR OF 2019

MIKRO RNS-EK SZEREPÉNEK VIZSGÁLATA NYÚL ÉS BAROMFI EMBRIONÁLIS FEJLŐDÉSÉBEN ÉS ÖSSEJTJEIBEN

MAHEK ANAND

Szent István Egyetem, Gödöllő
Állattenyésztés-tudományi Doktori Iskola
Témavezető: Dr. Gócza Elen DSc

A tyúk primordiális ősvarsejtek (cPGC) kutatása a jövőben úttörő szerepet tölthet be az őssejtkutatás és a fejlődésbiológia, illetve génbankok létrehozása területén. A tyúk embriók könnyen hozzáférhetőek, így a transzgenikus PG sejtek felhasználásával létrehozott célzott genetikai módosítást hordozó tyúk embrióknak az embriológiai, fejlődésbiológiai folyamatok tanulmányozásában is fontos szerepük lesz a jövőben. A nyúl pluripotens őssejtek (rabPSCs) szintén fontos szerepet játszanak az őssejt-biológiai kutatások területén, így *in vitro* differenciálódási modellként is jól alkalmazhatók. A mikroRNS-ek mind a baromfi, mind pedig a nyúl őssejtek megújulásában, azok pluripotenciájának megőrzésében, fontos szabályozó folyamatokat irányítanak.

Vizsgálataimban tyúk ősvarsejtekben (cPGC) és nyúl pluripotens őssejtekben (rabPSC) expresszálo miRNS-ek szerepét vizsgáltam. A cPGC-kben expresszálo miRNS-ek feltérképezésére komplex miRNS microarray analízist végeztem LC microarray chipet alkalmazva. Kevés olyan miRNS-t találtam, ami a hím, illetve a női ivarú PGC vonalakban eltérően expresszált. Nagyobb eltérés csak a gyorsabban és lassabban osztódó, vagyis az alacsony, illetve magas proliferációs rátával rendelkező cPGC vonalak között volt kimutatható a miRNS mintázatában.

Az őssejt-specifikus miRNS-ek közül a miR-302 klaszter tagjai magas expressziót mutattak a cPGC vonalakban. A miR-302 klaszter jól ismert őssejt-specifikus miRNS klaszter. Ezen klaszter tagjainak expresszióját a nyúl pluripotens őssejtekben is megtaláltuk. Azt láttuk, hogy a tyúk miR-302b-3p expresszió magasabb volt a lassabban osztódó PGC vonalakban, míg a miR-302b-5p expressziója alacsonyabb volt ezek esetében. A miR-302b-5p/miR-302b-3p arány kifejezetten nagyobb volt a magas proliferációs rátát mutató PGC vonalakban, és fordítva, alacsony volt ez az arány a lassabban osztódó sejtvonalakban. A tumor őssejtek esetében is a miR-302b mikroRNS karjainak diszregulációját lehetett megfigyelni. A miR-302b-3p tumor szupresszor hatású a humán tüdőrákból származó tumor őssejt vonalak esetében, míg a miR-302b-5p „OncomiR”, azaz elősegíti a tumor sejtek proliferációját. A tyúk miR-302b-5p és a miR-302b-3p mikro-RNS-ek esetében végzett funkcionális vizsgálatok igazolták, hogy a gga-miR-302b-5p gátlása növeli a PG sejtek duplikációs rátáját. Hasonló eredményt figyeltünk meg a nyúl PS sejtek esetében is, ahol a miR-302a-3p gátlása megnövelte a sejtek proliferációs rátáját.

Eredményeink felhívják a figyelmet arra, hogy a miR-302 klaszter fontos szerepet tölt be mind a tyúk ősvarsejtek, mind pedig a nyúl pluripotens őssejtekben a proliferációs ráta szabályozásán keresztül a pluripotencia megőrzésében, illetve a differenciálódási lépések irányításában.

INVESTIGATION THE ROLE OF MICRORNAS IN EARLY EMBRYONIC DEVELOPMENT AND STEM CELLS IN RABBIT AND CHICKEN

MAHEK ANAND

Szent István University, Gödöllő
Doctoral School of Animal Husbandry
Supervisor: Elen Gócza DSc

Chicken primordial germ cells (cPGCs) are upcoming pioneers in the field of stem and developmental biology. Chicken PGCs makes an important animal model in the near future for bio-banking or animal model studies. Rabbit pluripotent stem cells (rabPSCs) are also important stem cells in field of stem cell biology. Recently, miRNA are emerging factors that govern the stem cell self-renewal and pluripotency. Many studies have identified miRNAs are factors controlling the pluripotency of the stem cells, and some of these miRNAs have been characterized as stem cell specific miRNAs.

During my research work I examined cPGCs and rabPSCs, and characterized the miRNA expression in these cells. In order to discover the relevant miRNAs expressed in cPGCs, a complex microarray analysis was done using LC microRNA microarray. The microarray analysis revealed novel miRNA expression in the cPGCs. Some of these miRNAs tend to show male or female specific expression. Some miRNAs showing higher expression in the male cPGCs and some others showing higher expression in the female cPGCs. The miRNA expression also showed different expression in slow and high proliferating cPGC lines. I characterized the expression pattern of the reported stem cell specific miRNAs, and the most important one: the miR-302 cluster.

The expression of this cluster members was consistent with the reported literature. I also found the expression of this cluster members in the rabPSCs. From the miRNA complex array, I found that gga-miR-302b-3p highly expressed in slow proliferating PGC lines and low expression of gga-miR-302b-5p was found in slow proliferating lines. The 5p/3p arm ratio showed concordant dysregulation with the ratio being high in high proliferating PGCs cell lines and vice versa for low proliferating cell lines. In order to further functionally validate the role of these miRNAs, we performed miRNA inhibition studies. By using anti-inhibitors for gga-miR-302b-5p and gga-miR-302b-3p we found that inhibition of gga-miR-302b-5p increased the doubling time (i.e. decreased the proliferation rate) in the cPGCs cell lines. The results were also validated by using Q-PCR. Similar result was observed in the case of rabPSCs. Inhibition of the miR-302a-3p slightly increased the proliferation

rate. The results of the miRNA inhibition studies were in close agreement with the reported rules of concordant dysregulation of the miR-302 cluster. Our results are first conducted and cited results regarding the exact role of the miR-302 cluster in the cPGCs and the rabPSCs. Till date, there has been evidence regarding the expression of miR-302a in rabbit and chicken stem cells, but their roles have yet not been functionally validated.

In my thesis, I characterized the expression, as well as functionally validated the role of miR-302b-5p as an oncomiR for both PGCs and rabiPSCs, similar miR-302b-3p as a tumour suppressor miRNA causing a decrease in the proliferation rate. The above results provide directions for future studies on cPGCS and rabPSCs work with the miR-302 cluster.

KÜLÖNBÖZŐ ERDŐGAZDÁLKODÁSI MÓDOK HATÁSA A NÖVÉNYEVŐ NAGYVADFAJOK ÉLŐHELYÉRE ÉS A VADKÁR KIALAKULÁSÁRA

FEHÉR ÁDÁM

Szent István Egyetem, Gödöllő

Állattenyésztés-tudományi Doktori Iskola

Témavezetők: Katona Krisztián PhD, Szemethy László PhD

Az erdei ökoszisztéma fontos elemét képező patás vadfajok sokrétű hatással lehetnek élőhelyük, az erdő állapotára és fejlődésére. A vadhatásokkal nagymértékben átformálják a vegetációt, elősegítik vagy korlátozzák egyes állatfajok megtelepedését is. Emiatt „ökoszisztéma-mérnök” vagy „tájérendező” fajoknak is nevezik őket. A vadhatások következményeiben megnyilvánuló kettősség miatt a patás vadfajok megítélése is eltérő a különböző gazdálkodói ágazatok között. A növény-növényevő kapcsolat, illetve az ebből vizionált „erdő-nagyvad konfliktus” soktényezős rendszer és nem kezelhető rögtönzött beavatkozásokkal. Ez a bonyolultság nehezíti az erdő szolgáltatásainak fenntartható használatát akkor, ha ökoszisztéma szemlélet helyett a rendszer egyes elemeivel különböző érdekek és gazdasági szempontok alapján gazdálkodunk.

Dolgozatom célja volt, hogy rávilágítson 1) a konfliktusokat generáló erdei vadkárak ökológiai hátterére; 2) a nagyvadfajok nélkülözhetetlen szerepére az erdei életközösségekben; 3) alkalmazkodóbb és operatívabb megoldást kínáljon a kedvezőtlen vadhatások hatékony megelőzéséhez és kezeléséhez egy általunk kidolgozott terepi módszertan segítségével.

Kutatásom az erdei vegetáció és a patások kapcsolatát három különböző léptékben vizsgálja, a növényegyedektől, a növényzeti foltokon át a társulások szintjéig. Szimulált vadragás kísérletek és vegetációdinamikai felmérések segítségével a növények szempontjából jellemezhetjük e kap-csolatot, míg a vadhatás monitoring a hazai nagyvadfajok szemszögéből tesz lehetővé értékelést.

A szimulált vadragás kísérletek és a vegetációdinamikai vizsgálatok helyszíne egy cseres-kocsánytalan tölgyes állomány volt, ahol egy 420 m² alapterületű elkerítést alakítottam ki, és azt 1x1m kiterjedésű kvadrátokra osztottam. A vadkizárás

célja volt: 1) a szimulált vadragás vizs-gálatok zavartalanságának biztosítása, és 2) a vadkizárás hatására legkorábban előforduló vegetációdinamikai jelenségek megfigyelése. A szimulált vadragás kísérletek alanyai fehér akác csemetek voltak, amelyeket két alkalommal kezeltem: a csemetek csúcshajtását és az oldalhajtások felét távolítottam el, és a hajtásokat beltartalmi vizsgálatok céljából begyűjtöttem. Ezt követően évszakonként felvételeztem a kezelt-kontroll akáccsemetek és a kontroll tölgycsemetek fontosabb biometriai adatait.

Félévenként végzett vegetációdinamikai felmérésekkel a vadkizárás hatására felszaporodó, ill. háttérbe szoruló fásszárúak horizontális és vertikális megoszlását monitoroztam. Minden kvadrátban felmértem az ott található fásszárú fajok darabszámát, egyúttal magassági kategóriákba soroltam azokat, amely reprezentálta fejlettségüket is.

A vadhatás felmérések helyszínéeként a Mátrában lévő kiemelt jelentőségű természet megórzési területek szolgáltak. A módszer öt nagyobb vizsgálati elemből állt: 1) a cserjeszint kínálatának és rágottságának felmérése, 2) a csemetesűrűség és -ragottság felmérése, 3) a törzskínálat és nagyvadfajok törzshasználatának felmérése, 4) a vaddisznótúrások vizsgálata, 5) a területhasználati indexek felmérése. Az egyes mintaponton ($n=2100$) adatrögzítés történt.

A szimulált vadragással érintett akáccsemetek reakciói nem voltak egyértelműek. A kontroll akáccsemetekhez viszonyított kismértékű eltérések arra utalnak, hogy a kezelés zavarokat okozott a csemetek fejlődésében, de lemaradást a vizsgált 2 év alatt nem idézett elő. A kezelt csemetek azonos növekedése és hajtásképzése kompenzálást feltételez. Az akác jelenléte nem korlátozta a kocsánytalan és cser-tölgy csemetek sűrűségét és növekedését. A szimulált vadragás nem befolyásolta az akác és a tölgyek közötti kompetíciót.

A vadkizárás elsősorban a fásszárú vegetáció magassági növekedését segítette elő; de a fásszárú diverzitás nem növekedett. Az akác több kvadrátról visszaszorult. A kizárás következményeként több mezei juhar jelent meg a 2 m feletti magasságban, a szeder esetében pedig a 0,5-2 m közötti tartományban. A vadkizárással a környezeti feltételekhez alkalmazkodó fásszárúak vették át az uralmat a terület cserjeszintjében, ami hosszú távon a vegetáció homogenizálódásához vezet.

A vadragás, a kéreghántás és a vaddisznótúrás nem regionális probléma a Mátrában. Viszont lokálisan megemelkedett azok gyakorisága és intenzitása, ami kedvezőtlen hatásokkal járhat. Minél szigetszerűbben helyezkednek el az egyes értékes táplálkozási foltok, annál erősebb vadhatásokkal kell számolni a közeli cserjeszinttel rendelkező erdőkben illetve felújításokban. Az erdőgazdasági szempontból kiemelt jelentőségű tölgyek és a bükk elkerült tápláléknak minősültek. A növényevő patások szelektív táplálkozásukkal fontos szerepet játszanak a gertyán visszaszorításában, ezzel szerepet vállalnak a konszociációk megakadályozásában. Szelektivitás a patások törzshasználatára esetében is fennállt: kéreghántás, agancstisztítás és dörgölözés céljából különböző fajokhoz tartozó és különböző méretű törzseket kerestek fel. Nem találtam összefüggést: 1) a csemetesűrűség és a feltűrt területek mérete között; 2) a csemetek előfordulása és a túrások gyakorisága között.

A szimulált vadragás eredményei alapján bebizonyosodott, hogy a vadragás csupán egy eleme a növényt érő stressz hatásoknak, mert a különböző biotikus és abiotikus tényezők additív vagy szubsztraktív módon befolyásolják a növények

válaszreakcióit a vadragással szemben. A tömődött, levegőtlen talaj és a nagy lejtők hátrányosak az akác szempontjából. Az elkerített vizsgálati területen ezek a hatások érvényesültek, amit az időjárás (aszály) súlyosbított.

A vadkizárásos területeken felszaporodó növényborítást gyakran használják a szabad területen uralkodó erős vadnyomás szemléltetésére. A patás növényevők hiánya is drasztikus élőhelyi változásokat eredményez, ami legerőteljesebben a növényközösségek kompozicionális és strukturális átalakulásában jelentkezik. A felszaporodó növényzet elegyaránya sem tükrözi a kívánt fajeloszlást: az elkerített területen a mezei juhar és a szeder vált dominánssá, és feltűnővé vált a növényevő nagyvadfajok szelektív táplálkozásából adódó szabályozó hatás elmaradása.

A vadhatás felmérés rámutatott, hogy a vadhatások mértéke és mintázata az erdő táplálékkínálatától és a faállomány szerkezetétől is függ. Felújulást illetően nem a csemeték rágottsági aránya, hanem az alacsony tőszám okozhat problémát, aminek háttérében környezeti hatótényezők állnak. A vadállomány-csökkentés tehát önmagában nem kielégítő a vadkár problémák rendezéséhez. Szükség van olyan módszerek alkalmazására, amelyek a nagyvadfajok hatásait az aktuálisan rendelkezésre álló kínálat függvényében értékelik, és a főfafajon kívül a patások számára fontosabb alternatív táplálékforrások mennyiségét is figyelembe veszik. Ezáltal a kedvező vadhatások könnyen azonosíthatók és kihasználhatók az adaptív gazdálkodás során.

A vadhatások eredményeként kialakuló állapot sem lesz egységes, a megőrzést segítő vagy hátráltató vadhatások egyaránt előfordulnak, a károsítás ténye mindig feltűnőbb. Ezért szükséges pontosan meghatározni a természetszerű erdei élőhelyeken fenntartandó állapotot, és a vadhatások azon szintjét, ami segíti azt elérni és fenntartani.

THE EFFECTS OF FOREST MANAGEMENT TECHNIQUES ON UNGULATE IMPACT AND FOREST HABITAT QUALITY

ÁDÁM FEHÉR

Szent István University, Gödöllő

Doctoral School of Animal Husbandry

Supervisors: Krisztián Katona PhD, László Szemethy PhD

Ungulate species have a crucial role in the forest ecosystem functions by shaping the structural and compositional attributes of the forest community through their various impacts. These impacts, such as browsing, debarking, and grubbing, have a significant effect on vegetation diversity. Furthermore, their facilitating or interfering effects were also revealed in animal species. The strength and pattern of ungulate impact play a key role in habitat changes; therefore, ungulates, especially large game herbivores, can act as „ecosystem engineers” or „environmental engineers.” Ungulates have both positive and negative effects depending on their relationship with other coexisting species and the scale of the observed ecological level. This complexity renders an ungulate impact on a controversial phenomenon. When differing human interests overwrite the ecosystem-based approach of sustainable forest use, the plant-herbivore interaction turns into a forest-ungulate conflict.

My thesis has three main aims: 1) revealing the ecological background of game damage in forest habitats; 2) revealing the essential role of ungulates in forest ecosystem functions; 3) introducing a complex ungulate impact monitoring method to predict and manage their negative impacts.

The ungulate-vegetation relationship from a multiscale perspective was studied: from leaf to landscape view. Simulated browsing and botanical survey were implemented to monitor vegetational responses to ungulate impacts. On the other hand, the ungulate impact monitoring protocol was used to determine the vegetation attributes influence each ungulate impact and vice versa.

Simulated browsing and direct botanical surveys took place in a 420 m² fenced area, in a managed Turkey oak – sessile oak forest. Fencing had two main purposes: 1) exclude interfering effects of ungulate herbivores; 2) observe the vegetation changes in the absence of ungulates. The site was partitioned to 1 m² sapling plots to get detailed information about vegetation dynamics in high spatial resolution. Saplings of the black locust were chosen for simulated browsing: their main shoot and 50% of lateral shoots were clipped twice. I collected the removed shoots for nutrient analysis and registered the biometric data of the browsed locust and control saplings (locust, sessile oak, and Turkey oak) seasonally.

Botanical surveys were focused on woody plant dynamics and implemented in spring and autumn from 2014 to 2016. I measured the density of all woody species in all sampling plots (to monitor horizontal dynamics) and classified them into height categories (to monitor vertical dynamics).

Fieldworks of ungulate impact monitoring were implemented on Natura 2000 sites in the Mátra Mountains. The monitoring protocol contained five main types of field research: 1) food supply and browsing impact on understory woody plants; 2) tree sapling density and browsing patterns of ungulates on saplings; 3) tree stem availability and utilization by ungulates; 4) wild boar rooting intensity, and 5) habitat use intensity. The total number of sampling points was 2100.

Reactions of locust saplings were not obvious towards simulated browsing. The treated group showed a slight disorder in growth, but the difference to control was not significant. Shoot development and relative height growth of treated locusts confirmed its compensatory ability. Interfering effects on growth and density of sessile oak and Turkey oak saplings were neither significant. Therefore simulated browsing did not influence the interspecific competition between oak and locust.

The height growth of woody vegetation was enhanced inside the enclosure, but woody plant diversity did not change. Black locust disappeared from the majority of the previously occupied plots. The most conspicuous phenomenon was the intensive growth of field maple and *Rubus* spp., which can become over dominant in the enclosure in a short time.

The results of ungulate impact monitoring showed that browsing, debarking, and grubbing is not a regional threat to the forest communities in the Mátra Mountains. Severe negative impacts occurred locally due to the sparse understory vegetation, which generated aggregated foraging patches; therefore, the ungulate impact increased. Oak species and beech belonged to the least preferred species by ungulate herbivores, but hornbeam was one of the most selected woody species. High browsing and debarking on hornbeam can act as an ecosystem service of ungulates, which helps the forest plant community by inhibiting the development

of hornbeam dominated consociations. Selective debarking was also revealed: ungulates utilized different sized trunks and different tree species for bark stripping, antler rubbing, and bark rubbing. We did not find any correlation between 1) tree sapling density and grubbed area; 2) tree sapling frequency and boar grubbing frequency.

Biotic and abiotic factors can aggravate or mitigate the adverse effects of ungulate browsing. Browsing itself is only one of the many stress factors which shape the response of plants. High bulk density, soil compaction, and steep slope areas are unfavorable for black locust saplings, but these factors are currently prevalent in the fenced area with severe summer droughts.

High ungulate pressure is often demonstrated with exclosures, where the vegetation is suggested to be higher and more diverse inside the fenced area. But the developing plant composition and density can significantly diverge from the ideal situation. On the other hand, the long-lasting elimination of ungulate herbivores can lead to an unwanted structural and compositional shift in the plant community. The studied exclosure site is an excellent example of this: the unregulated and intensive growth of field maple and *Rubus* spp. turned into a real problem for oak regeneration.

As the ungulate impact monitoring revealed it, the temporal and spatial patterns of ungulate impact much depend on the quantity and quality of woody food sources and forest stand structure. The lack of understory is a crucial issue in the forests of Mátra since it was unavailable for ungulates on the majority of the surveyed sampling points. Therefore much more intense ungulate impact and damage can arise on the regeneration sites and the remaining foraging patches. Low sapling density is the primary multifactorial problem of successful oak regeneration; the current browsing intensity can only be a potentially limiting factor. The reduction of ungulate numbers through hunting only is not an adequate solution to manage ungulate impact and damage. Exact methods and monitoring systems are needed to numerically evaluate ungulate impact concerning alternative food supply and sapling density. This way, we can understand the control mechanisms and create intervention plans based on the bio indicators of ungulate effects. Moreover, potential adverse effects can also be forecasted.

Browsing, grubbing, or debarking will result in diverse effects in different habitats, and their consequences can vary under different environmental conditions. Positive and negative impacts coincide, but damages are always conspicuous. The ideal levels of ungulate impact are needed to be assigned, which can contribute to sustaining natural habitats through their positive effects. The methods of our ungulate impact monitoring offer a useful tool for forest management, wildlife management, and nature conservation for a better understanding of forest-ungulate relationships.

MIKROSZATELLIT MARKEREK IZOLÁLÁSA HAL POPULÁCIÓK GENETIKAI VARIABILITÁS VIZSGÁLATÁNAK ÉS NEMESÍTÉSÉNEK MEGALAPOZÁSÁHOZ

KÁNAINÉ SIPOS DÓRA ILDIKÓ
Szent István Egyetem, Gödöllő
Állattenyésztés-tudományi Doktori Iskola
Témavezető: Kovács Balázs PhD

Munkánk során olyan ragadozó halfajok (süllő – *Sander lucioperca*, sügér – *Perca fluviatilis*, afrikai harcsa – *Clarias gariepinus*) genetikai hátterét vizsgáltuk, melyek jelentősége hazánkban is nő a fogyasztói igények kielégítése végett. Bár az afrikai harcsa termelés kiemelkedő helyen van hazánkban és európai szinten is, addig a süllő és a sügér termelés növelésére csak erőfeszítések zajlanak Európa-szerte. A tartástechnológiai fejlesztések, valamint az egyre nagyobb fontossággal bíró génmegőrzés érdekében mélyreható genetikai ismeretek szükségesek a vizsgált fajokról. Célul tűztük ki, hogy a genetikai szempontból eddig kevésbé vizsgált süllőből, sügérből és afrikai harcsából fajspecifikus polimorf mikroszatellit markereket izoláljunk genetikai diverzitásuk meghatározására, populáció szerkezetük megállapítására, valamint az antropogén hatások igazolására.

A süllő genomi DNS-éből két restriktációs enzimmel (*Rsa I*, *HpyCH4 V*) két CADinukleotid ismétlődésekben dúsított könyvtárat hoztunk létre, amelyekből összesen 34 új polimorf mikroszatellit izoláltunk. A markerek szekvenciáit GenBank adatbázisba helyeztük és meghatároztuk a kimutatásukhoz szükséges PCR reakciók optimális körülményeit. Az újonnan izolált markereket legkevesebb 8 egyeden teszteltük. Ennek során meghatároztuk a markert jellemző allélokat és azok jellemző mérettartományát, továbbá a polimorfításukat jellemző paramétereket. Hét polimorf markerrel populációgenetikai analízist végeztünk a Duna vízgyűjtő területéről származó állomány genetikai diverzitásának becslésére, valamint az antropogén hatások monitorozására. A populációgenetikai analízis során meghatároztuk az átlagos allélszámot (4,09), az össz-allélgazdagságot (5,32), továbbá vizsgáltuk, hogy az állományok Hardy-Weinberg egyensúlyban vannak-e. Azt tapasztaltuk, hogy csak a Temesvári és a Duna felső szakaszán élő populációk vannak egyensúlyi állapotban. A legnagyobb mértékű heterozigóta hiányt az akasztói állományban detektáltunk, heterozigóta többletet pedig a kisbajcsi állományban találtunk. A legtöbb privát allélt a németországi populációban találtunk. Úgy tapasztaltuk, hogy a vizsgált állományok genetikai differenciáltságának mértéke jelentősnek mondható ($F_{ST}=0,214$), valamint, hogy STRUCTURE szoftverrel vizsgálva a 10 populáció 6 genetikai klaszterbe sorolható. Azoknál a csoportoknál, amelyek több állományt foglalnak magukba jól nyomon követhető az antropogén hatás, ugyanis a mesterséges állományok kialakítása nem a földrajzilag legközelebb álló természetes populációkból történt (pl. egy klaszterbe tartoznak a győri, az attalai és az akasztói állományok, míg egy másik klaszterbe a kisbajcsi és nyíregyházi állományok). Az újonnan fejlesztett markerek közül 16 markerrel tovább fejlesztettük az analízist, ezekkel 4 szettet alakítottunk ki úgy, hogy egy reakcióban egyszerre 4 marker kimutatása legyen lehetséges, így csökkentettük az analízis idő-, munka- és anyagigényét.

Sügér esetén a könyvtárkészítéshez izolált DNS hasításához alkalmazott restriktív enzimekkel (*Rsa I*, *HpyCH4 V*) 2-féle CA-ismétlődésekben dúsitott könyvtárát hoztunk létre, melyekből 25 esetben sikerült működőképes markert fejlesztenünk. Meghatároztuk a markerek optimális működési körülményeit és 8 egyedben teszteltük. Jellemeztük a markereket (jellemző allélok, mérettartományok, polimorfitásukat jellemző paraméterek). Néhány marker különösen magas polimorfitásának bizonyult. Az újonnan fejlesztett markerek közül 12-vel vizsgáltuk a genetikai differenciáltság mértékét két hazai tógazdasági és egy lengyelországi természetes sügér populáció között. A populációgenetikai analízis alapján az átlagos allélszám (9,611) magasnak mutatkozott, azonban a heterozigóta hiány is jelentős volt mindhárom állományban. A Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérés mindhárom populációban szignifikáns volt, amely feltehetőleg az antropogén hatásoknak is köszönhető. Genetikai szempontból a lengyel populáció jelentősen eltért a két, egymáshoz hasonló, magyar állománytól. A lengyel populációban magas volt a privát allélok száma, nagy volt a különbség a populációpáronkénti F_{ST} értékekben ($>0,3$), a Nei-féle genetikai távolságban ($>0,6$), de ezt támasztották alá a STRUCTURE-, valamint a PCoA-analízisek is.

Az afrikai harcsa esetében összesen négy, különböző CA-ismétlődéssel dúsitott genomi könyvtárát hoztunk létre. 55 esetben tudtunk kimutatásukhoz PCR primereket tervezni és működésük körülményeit optimalizálni., amelyek közül 49 működőképességét 32 egyedben teszteltük. Az analízis célja a markerek működőképességének meghatározása, valamint jellemzése volt (allélok számának, mérettartományuk, valamint polimorfitásukat jellemző további paraméterek meghatározása). A markerek, bár polimorfnak mutatkoztak (allélszám 2 és 11 között alakult), polimorfitásuk többségében alacsony volt. Alkalmazásuk során ez azzal ellensúlyozható, ha az analízisbe több markert vonunk be.

A létrehozott genetikai eszköztárral további - süllővel, sügérrel és afrikai harcsával, valamint ezek rokon fajjaival foglalkozó - tanulmányokat kívánunk támogatni. A kimutatott antropogén hatások megerősítik azt a tényt, hogy a tenyésztés a genetikai diverzitás csökkenését idézi elő, a nem átgondolt állomány keresztezés a genetikai különbségek összemosásához vezet és felhívja a figyelmet, hogy ezen állományok többségénél időszerű a genetikai „frissítés”.

ISOLATION OF MICROSATELLITE MARKERS TO INVESTIGATION OF FISH POPULATION FOR GENETIC VARIABILITY AND DEVELOPMENT OF BREEDING

DÓRA ILDIKÓ KÁNAINÉ SIPOS
Szent István University, Gödöllő
Doctoral School for Animal Husbandry
Supervisor: Balázs Kovács PhD

The genetic background of carnivorous fish species (pike-perch – *Sander lucioperca*, perch – *Perca fluviatilis*, African catfish – *Clarias gariepinus*) was investigated, whose importance in Hungary is growing rapidly to meet the increasing consumer demand. Although African catfish production has importance in Hungary,

great efforts are being across Europe to increase the production of pike-perch and perch. More in-depth genetic knowledge of the species studied is needed to support the development of breeding technology and the growing importance of gene conservation. Therefore, we aimed to isolate species-specific polymorphic microsatellite markers from pike-perch, perch, and African catfish to determine their genetic diversity, to identify their population structure, and to assess the anthropogenic effects.

Two CA-repeats enriched libraries were constructed from pike-perch genomic DNA using two restriction enzymes (*Rsa I*, *HpyCH4 V*), of which 34 new polymorphic microsatellites were isolated. The sequences of the markers were placed in the GenBank database, and optimal conditions for the PCR reactions were determined. The functionality of the newly isolated markers was tested on eight individuals, in which the number and size ranges of alleles were determined, as well as the parameters characteristic of their polymorphism. A population genetic analysis was carried out with seven polymorphic markers to estimate the genetic diversity of 10 populations from the Danube River Basin and to establish the anthropogenic effects. During the population genetic analysis, the average number of alleles (4.09), the total allelic richness (5.32) was determined, whether the stocks were in Hardy-Weinberg equilibrium, and we have found that only the stock of Timisoara and the population from the Upper-Danube are in equilibrium. The most significant heterozygous deficiency was found in the stock of Akasztó, and heterozygous excess was found only in the stock Kisbajcs. Most private alleles were found in the German population. The genetic differentiation of the examined stocks was remarkable ($F_{ST} = 0.214$), and the ten populations could be classified into six genetic clusters using STRUCTURE software. For clusters that include multiple stocks, anthropogenic effects can be well tracked, since the creation of synthetic stock was not done from the geographically closest natural population (e.g., one cluster includes the Győr, Attala, and Akasztó stocks, and another cluster involves the stocks of Kisbajcsi and Nyíregyháza). With 16 microsatellites of the newly developed markers, further developed analyses were carried out, with these markers set up four sets, so that four markers can be detected in a single reaction at one time. It can reduce the time and effort required for analysis and the amount of materials used.

In the case of perch, two CA-repeats enriched genomic libraries were constructed by two restriction enzymes (*Rsa I*, *HpyCH4V*), of which 25 functional markers were developed. Optimal PCR conditions of the markers were determined and tested on 8 individuals; in this way, the properties of markers were defined (number of alleles, allele size ranges, parameters characteristic of their polymorphism). Some markers have been shown extremely high polymorphism, and those were tested for genetic differentiation between two domestic Hungarian pond farms and a natural Polish population. Based on population genetic analysis, the average number of alleles (9.611) was high, but the heterozygous deficiency and the deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium were significant in all three populations. Anthropogenic effects may have induced this condition. The Polish population is significantly different in the genetic aspect from the two Hungarian ones, which are quite similar, as the number of private alleles is very high in the Polish population. There was a big difference in the F_{ST} (>0.3) and the Nei's distance (>0.6) of population pairs, and this is also supported by STRUCTURE and PCoA analyses.

In the case of African catfish, four different genomic libraries enriched with CA repeats were constructed (*HaeIII* / *RsaI* / *AluI* / *HpyCH4V*). In 55 cases, PCR primers were designed for microsatellites detection and optimize their PCR conditions. Of the 55 microsatellite markers, 49 were tested for functionality in a total of 32 individuals. The purpose of the analysis was to determine and characterize the functionality of the markers (to determine the number of alleles, their size range, and further parameters characteristic of their polymorphism). Although the markers were polymorphic (number of alleles was between 2 and 11), the degree of polymorphism was low in most of them, however, when applied, and this could be counterbalanced by the inclusion of multiple markers in the analysis.

We wish to support further studies - dealing with pike-perch, perch, and African catfish, as well as related species - with the above-mentioned genetic tools. The anthropogenic effects are shown in this study also confirm the fact that breeding leads to a decrease in genetic diversity, a non-thoughtful stock crossing leads to the loss of genetic differences and draws attention to the fact that the majority of these stocks are necessary genetically "refreshing" with the involvement of polymorph individuals.

A TAKARMÁNYMEGVONÁS, MINT TECHNOLÓGIAI ELEM BEÉPÍTÉSÉNEK LEHETŐSÉGE INTENZÍV SÜLLŐNEVELÉSI RENDSZERBE ÉS ENNEK HATÁSA HÍM IVARÚ HALAK SZAPORODÁSBIOLOGIAI FOLYAMATAIRA

VARJU-KATONA MILÁN

Szent István Egyetem, Gödöllő

Állattenyésztés-tudományi Doktori Iskola

Témavezetők: Müller Tamás PhD, Bokor Zoltán PhD

A Kárpát-medence földrajzi és éghajlati viszonyai között az általános tógazdasági termelés meghatározó halfaja a ponty. Hazánkban az összesített 2017-es évi tógazdasági statisztikák szerint az összes lehalászott étkezési haltermés 81,1%-a ponty, míg a ragadozók (harcsa, süllő, csuka) aránya csupán 1,3%-ot tett ki. Ezen belül a süllő mennyisége mindössze 0,25% volt. A hazai ragadozó halak részarányát növelni kellene a termelésben, mivel a piaci igények a jobb húsminőségű, kevésbé zsíros termékek felé tolódnak el. A süllő termelésének növelésére csak új nevelési technológiák kidolgozása révén van lehetőség, mint például a pisztráng-tenyésztéshez hasonló keveréktakarmányra alapozott, intenzív nevelés.

Az utóbbi években a sügérfélék kutatása felgyorsult, több, az Európai Unió által támogatott pályázat került kiírásra a sügérfélék tenyésztésének elősegítésére és fejlesztésére. A süllő intenzív rendszerben való tenyésztése azonban még ezzel együtt is kezdetleges, emiatt csak kevés gazdaság foglalkozik ilyen nevelési technológiával. A mai napig hiányoznak azok a termelési-technológiai protokollok, amelyekkel a faj megbízhatóan, nagy biztonsággal tenyészthető és gazdaságosan nevelhető. A kereskedelmi forgalomban lévő takarmányok jelenleg nem biztosítják az élettani igényeken felül az optimális fejlődést, emiatt

általános probléma, hogy a nagy energia tartalmú tápok az intenzív telepeken a süllők elzsírosodását okozzák.

A kisbajcsi termelőszövetkezetben kiindulási állapotként felmértem a süllők vágási tulajdonságait és megállapítottam, hogy 554,8 - 1.136,9 g-os mérettartományban az ivarok között a vágási veszteségben nem volt különbség. A vágási kihozatalokat az irodalmi adatokhoz hasonlítva megállapítottam, hogy a zsigeri tömegek (12,3 %) meghaladják (5,3 – 10,8%), a nyúzott filé tömege viszont elmarad (40,31%), a korábbi takarmányozási kísérletekben (43,75 - 48,09%) kapott értékektől.

Alaphipotézisem az volt, hogy éheztetés alatt a vágási veszteséget adó zsigeri szervek (hasúri zsír, máj, stb.) tömege csökken, ami befolyásolhatja a vágási kihozatalt. Étkezési méretű süllőkkel beállított vizsgálatomban jelentős tömegcsökkenést tapasztaltam a koplalási időszak végére, elsősorban a tápcsatorna, a máj és a hasúregi zsír abszolút és relatív tömegében. A halak azonban az éhezés során nem csak, vagy nem elsősorban, a hasúri zsírtartalékaikat használják fel, hanem azzal egyidejűleg az intramuszkuláris zsír egy része is mobilizálódik, emiatt a filé tömege is csökken. A hosszú távú éhezés csökkentette továbbá a filé és a máj glutation redox rendszerének aktivitását és/vagy mennyiségét, emiatt növekedett a lipidperoxidációs folyamatok intenzitása.

Kompenzációs növekedési vizsgálatokat két méretcsoportban (78,5 g átlagtömegű, n=600; és 688,5 g átlagtömegű, n=50) végeztem. Mindkét halcsoportnál a folyamatosan etetett halak egyenletes növekedési görbét mutattak, míg a kompenzált csoport halainak növekedése a táplálékmegegyezésnek köszönhetően minden második héten visszaesett. A kompenzált csoport takarmányozási heteinek végén azonban lényegesen nagyobb napi növekedési ütemet, specifikus növekedési rátát mutatott azonos takarmány mennyiséggel (1% ttkg) etetve, mint a folyamatosan etetett kontroll csoport. A kísérlet végére a kompenzált csoport átlagos testtömege elmaradt ugyan a folyamatosan etetett csoporttól, de a felhasznált takarmányt mennyiségét tekintve kedvezőbb fajlagos takarmányhasznosulást mutattak.

Végezetül vizsgáltam, hogy a termelésből véletlenszerűen kivett tejeseket az ivási időn kívül (mesterséges átteleltetés és tavaszhatás, fény-és hő program, éheztetés) spermatermelésre lehet-e készíteni. A halakat kétféle hormonnal kezeltük (50 μ g lazac GnRH/ttkg, illetve 100 NE HCG/ttkg), statisztikailag igazolható különbséget azonban egyik vizsgált spermaminőségi paraméterben sem találtam. A friss sperma vizsgálata során vizsgáltam a sperma rövid idejű eltarthatóságát 4 °C-on nyitott és zárt eppendorf csövekben, illetve azok CASA módszerrel mért spermaminőségi jellemzőit. Az első 24 órában a CASA által mért paraméterek közül a progresszív motilitás 51-58%-ról 2-10%-ra, a második napon 1-2,8% értékre csökkent, a hormonkezelések és a tárolás módja között nem volt különbség. A sperma a vizsgálat eredményei alapján nem alkalmas 24 órán túli tárolásra. Megállapítottam, hogy az üzemi termelésből kivett süllő tejeseket spermatermelésre lehetett készíteni, annak ellenére, hogy sem kondíciójuk sem felkészültségük nem volt optimális a szaporításhoz.

THE OPPURTUNITY OF INTEGRATING FOOD DEPRIVATION, AS A TECHNOLOGICAL ELEMENT INTO INTENSIVE PIKE-PERCH REARING SYSTEM, AND THE EFFECT OF THE REPRODUCTION PROCESSES OF MALE FISH

MILÁN VARJU-KATONA

Szent István University, Gödöllő

Doctoral School for Animal Husbandry

Supervisors: Tamás Müller PhD; Zoltán Bokor PhD

The most important fish species in the geographic and climatic conditions of the Carpathian Basin is the common carp. In Hungary, according to the pond-fishing statistics of the year 2017, from the production of market size fish, 81.1% was common carp, while the proportion of the predator species (European catfish, pike, pike perch) was only 1.3 %. The amount of pike perch was just 0.25%. By the statistics, in the past decades, the registered amount of pike perch was never exceeded 50 tons. The amount of predator fish species should be an increase in production because market needs are under the change to better quality and fatless fish products. The substantial increase of the proportion of pike perch production could be available only with new production technologies, likewise intensive trout-farming with pellet feeding.

In the past years, the research of percid fish species increased, several projects were supported by the European Union to help and develop the technologies of percid fish farming. Although intensive farming technologies for pike perch are still rudimentary and, therefore, limited farmers using this kind of technology of rearing. The production protocols, making the pike perch farming safe and productive, are still missing. Commercial feed for pike perch is currently not able to assure the physiological needs with the optimal growth yet, because the over condition of fish caused by high energy value of feed is a common problem.

At first, I measured the sizes of slaughter yields of pike perch – considering as a starting point – from the fish farm in Kisbajcs, and then I defined that there was no measurable sex effect in size of 554.8 – 1136.9 g for slaughter losses. I compared our slaughter yield results to similar former research data, as a result, according to the weight of the viscera (12.3%) exceeded them (5.3 – 10.8%), and to the weight of skinless filet (40.31%) fall behind (43.75 – 48.09%).

My primary hypothesis was, that by the effect of starvation, the weight of visceral organs (abdominal fat, liver, etc.) – as the losses during slaughter - would decrease and may influence the slaughter yield. In my experiment, it was investigated the effect of fasting in market size pike perch. I observed a significant decrease in body weight, primarily the absolute and relative weight losses were measurable in the weight of the digestive tract, liver, and abdominal fat. Although starving fish are catabolized, the lipid reserves not only, or not primarily, from the abdominal lipid reserves, but simultaneously the intramuscular lipids are also mobilized, causing a decrease in filet weights. Long term starvation also had a decreasing effect on the activity and/or quantity of the glutathione redox system, consequently increasing the intensity of the lipid peroxidation processes.

In the compensational growth experiments, two different sized groups (average

weight: 78.5 g, n=600; and average weight: 688.5 g, n=50) were investigated. In both groups, the continuously fed groups showed a steadily growing growth curve. In contrast, the fishes from the compensational groups decreased every second week due to the lack of feed intake. Although at the end of the feeding period fishes from the compensational groups showed significantly higher daily growth rate and specific growth rate from the same amount of feed intake (1% body weight kg) than fish from the continuously fed control groups. Although at the end of the experiment, the bodyweight of the compensational groups fell behind from the control groups but considering the amount of feed consumption, they showed a favorable specific food conversion ratio.

I also examined the possibility of reaching out of season spermatogenesis from males took out directly from production (artificial winter effect and spring effect, light and thermal programs, starvation). Fishes were treated with two different hormone preparations (50 μ g salmon GnRH/kg bodyweight or 100 NE HCG/ kg body weight), but there were no statistically significant changes in any measured sperm quality parameters.

Among the fresh fish sperm tests, we examined the short time shelf life at 4 °C in the open and closed Eppendorf tubes and the quality characteristics of sperm with CASA. After the first 24 hours, from the parameters measured by CASA, the level of progressive motility decreased from 51-58% to 2-10%, and for the second day, the value fell to 1-2.8%. There were no measurable differences between the hormone treatments and the way of storage. According to the results, the sperm was unsuitable for storing over 24 hours. I stated that pike perch males taken out from production can be forced for sperm production, despite that their condition and state of preparedness was not optimal for reproduction.

HOSSZÚ TERMELÉSRE PREDESZTINÁLT TOJÓHIBRIDEK TELJESÍTMÉNYÉNEK ÉS TOJÁSHÉJ MINŐSÉGÉNEK VIZSGÁLATA A FOSZFORELLÁTÁS FÜGGVÉNYÉBEN, A NYÚJTOTT TOJÓIDŐSZAKBAN

TISCHLER ANNAMÁRIA

Kaposvári Egyetem, Kaposvár

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Témavezető: Tossenberger János PhD, Halas Veronika PhD

A mai modern, étkezési tojás termelésére előállított tojóhibridek (TETRA SL LL és TETRA Blanca) a nyújtott termelési időszakban (17-20 hónap) 410-420 db tojást tojnak. A világszerte leginkább elfogadott és széleskörűen alkalmazott nemzetközi ajánlás (NRC, 1994) sem a modern tojóhibridekre, sem a nyújtott tojástermelési időszakra vonatkozóan nem ad ajánlást. A tojóidőszak előrehaladtával a tojásméret folyamatosan nő, és a héjképződéshez biztosított Ca mértéke közel azonos, a héjminőség romlik. A Ca mennyiségének növelésére korlátozott lehetőség adódik, így felmerült a kérdés, hogy a különböző lebomlási sebességű P forrás, de azonos nem-fitin foszfor (NPP) ellátás esetén van-e különbség a madarak tel-

jesítményében a nyújtott tojóidőszak utolsó 6 hónapjában, amikor a héjminőségi problémák is jelentkeznek.

A doktori munka fő célkitűzése volt, hogy választ adjon, hogy hogyan befolyásolja a különböző genotípusú tojótyúkok termelését és a tojánhéj minőségét az eltérő foszforellátás a 18 hónapos perzisztencia során.

In vitro körülmények között egy piaci forgalomban kapható fitáz enzim tulajdonságait mértük, majd egy újabb nyújtott (17 hó) termelési időszakban vizsgáltuk a gyors- és lassú lebomlású foszfor hatását a tojótyúkok termelésére és a héjminőségre, a nyújtott időszak második felében.

A vizsgálatok eredményeképp megállapítottam, hogy a TETRA hibridek (-SL LL és Blanca) esetében a nemzetközi ajánláshoz képest 10%-kal csökkentett összes foszfor tartalom elegendő az optimális termelési intenzitás fenntartásához a termelés első 9 hónapjában, azon túl azonban az ajánlás szerinti P-tartalom szükséges.

A TETRA hibridek tojánhéj minőségét nem rontja, ha a hagyományos 1 éves tojóidőszakon túl az intenzív tojóhibridek takarmányát az nemzetközi ajánláshoz képest 10%-kal csökkentett P-tartalommal állítjuk be.

A TETRA hibridek esetében a nyújtott tojástermelés utolsó 6 hónapjában nem szükséges a keveréktakarmány NPP tartalmát 1 g/kg fölé emelni, ha az abrakkeveréket 300 FTU/kg mennyiségben fitáz enzimmel egészítjük ki.

Eredményeim alapján javasolható a nyújtott tojóidőszak második felében etetett tojótápok NPP tartalmának beállítása az MCP arányának csökkentésével és a fitin kötésben lévő foszfor fitáz enzimmel történő felszabadításával.

PERFORMANCE AND EGG SHELL QUALITY OF HIGH CAPACITY PREDESTINATED LAYING HENS, DEPENDING ON THE PHOSPHORUS SOURCE, IN THE ELONGATED LAYING TERM

ANNAMÁRIA TISCHLER

Kaposvár University, Kaposvár

Doctoral School in Animal Science

Supervisors: János Tossenberger PhD, Veronika Halas PhD

The modern hybrids were made for producing table eggs and in the elongated – 90-110 life weeks – laying period, they lay 410-420 eggs. Worldwide the most accepted international recommendation (NRC, 1994) neither for the modern layer hybrids, nor for the elongated laying period gives references. Onward in the laying period, egg size permanently grows and the bigger egg size the bigger shell surface, however, the Ca level for the egg formation is nearly constant during the whole laying period, decreasing the shell quality. Growing the Ca amount is limited, thus arise the question that in case of different velocity of P degradation but same level of (non-phytin phosphorus) NPP there is difference in the production of laying hens, especially in the last 6 months of elongated laying period, when the degradation of egg shell quality occurs.

The aim of the dissertation was that providing supplementary data for the dietary P level in the elongated laying period (18 mths) with special emphasis of the overtime

of the one-year laying period. Attributes of a phytase enzyme (available from the market) were measured *in vitro*, and then in an elongated (17 mths) laying term, the effect of slow and rapid degradation of NPP were examined *in vivo* on the performance and egg shell quality of the laying birds.

As results of my examinations the following determinations can be make: It is sufficient to maintaining to the high capacity predestinated TETRA-SL LL and TETRA Blanca genotype hybrids the 10% lower level of total phosphorus (tP) in the first 9 months of the laying period, and beyond the common 1 year laying period, it is necessary to provide the recommended tP level. TETRA hybrids egg shell quality does not declines over the common one year laying period, in case the layers' dietary tP is lower by 10%, compared to the international recommendation. Regarding to TETRA hybrids, it is sufficient to provide 1.0 g/kg NPP – supplemented with 300 FTU/kg phytase enzyme – in the corn-soy based dietary feed in the last 6 months of the elongated laying period. Based on the results that in the second part of the elongated laying term, it may be recommended to setting the dietary NPP content with decreasing the (mono-calcium phosphate) MCP rate and releasing the P with phytase enzyme.

MAGYAR ÁLLATORVOSOK LAPJA

Hungarian Journal of Veterinary Medicine
111. kötet, 3. szám, 2018. évi
Készítve az Állatorvosok Magyar Szövetségének felkérésére

101
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

102
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

103
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása



HUNGARIAN AGRICULTURAL RESEARCH

Magyarországi Agrár Kutatás



104
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

105
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

106
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

HERMAN OTTÓ INTÉZET HALÁSZAT

Magyarországi Halászati Kutatás



107
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

108
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

109
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

HERMAN OTTÓ INTÉZET NÖVÉNYTERMELÉS

Magyarországi Növénytermelési Kutatás



110
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

111
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

112
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

HERMAN OTTÓ INTÉZET a falu

Magyarországi Falvak Kutatás



113
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

114
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

115
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

HERMAN OTTÓ INTÉZET ÁLLATTENYÉSZTÉS TAKARMÁNYOZÁS

Magyarországi Állattenyésztési és Takarmányozási Kutatás



116
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

117
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

118
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

HERMAN OTTÓ INTÉZET GAZDÁLKODÁS


Magyarországi Gazdálkodási Kutatás



Magyarország	Észak-Magyarország	Észak-Alföld	Északkelet-Magyarország	Kelet-Magyarország	Délkelet-Magyarország	Dél-Magyarország	Magyarországi Átlag
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000
1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000	1000000

HERMAN OTTÓ INTÉZET KERTGAZDASÁG HORTICULTURE

Magyarországi Kertgazdasági Kutatás



119
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

120
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása

121
A szarvasok szarvakképzésének szabályozása és a szarvasok szarvakképzésének szabályozása



Állattenyésztés és Takarmányozás

A szerkesztőbizottság (Editorial board):

Elnök (President): SCHMIDT János (Mosonmagyaróvár)

Főszerkesztő (Editor-in-chief): FÉBEL Hedvig

Társfőszerkesztő (Co-editor): MÉZES Miklós

Technikai szerkesztő: SÍPICZKI Bojana

MANABE, N. (Japán),

ROSATI, A. (EAAP, Olaszország),

ANTON István (Herceghalom),

BALOGH Krisztián (Gödöllő),

BODÓ Imre (Szentendre),

DUBLECZ Károly (Keszthely),

HIDAS András (Gödöllő),

HOLLÓ István (Kaposvár),

HORN Péter (Kaposvár),

HULLÁR István (Budapest),

HUSVÉTH Ferenc (Keszthely),

KOMLÓSI István (Debrecen),

KOVÁCSNÉ GAÁL Katalin

(Mosonmagyaróvár),

MIHÓK Sándor (Debrecen),

PÓTI Péter (Gödöllő),

RÁTKY József (Budapest),

RÓZSA László (Herceghalom),

SZABÓ Ferenc

(Mosonmagyaróvár),

URBÁNYI Béla (Gödöllő),

WAGENHOFFER Zsombor

(Budapest),

ZSARNÓCZAI Gabriella (Szeged)

Szerkesztőség:

(Editorial office):

NAIK Állattenyésztési, Takarmányozási és Húspari Kutatóintézet

NARIC Research Institute for Animal Breeding, Nutrition and Meat Science

2053 Herceghalom, Gesztenyés út 1.

mobil: (+36) 30 714 87 65, e-mail: sipiczki.bojana@athk.naik.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): Dr. Béres András ügyvezető, HOI Nonprofit Kft.

HU ISSN: 0230 1614

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 számlaszámára 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: OOK Press Kft.

8200 Veszprém, Pápai út 37/A