

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA
SZENT ISTVÁN EGYETEM
ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK

**ÁLLATHIGIÉNYIA, ÁLLATTENYÉSZTÉS, GENETIKA,
TAKARMÁNYOZÁSTAN**

(A pótlólag érkezett beszámolókkal kiegészített füzet)

2008. évi 35.füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kolleganők és Kollegák !

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága a 2009. január 26-29 között tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló „akadémiai beszámoló” üléseket, melyeken a társrendező, Állatorvos-tudományi Doktori Iskola, kérésének megfelelően a PhD hallgatók szereplését külön is elvárjuk.

Az egyes szekciók üléseinek helyét és idejét a mellékelt beosztásban tüntettük fel.
Az előadások és azt követő megvitatás időtartama általában: 10 + 5 perc.

Az előadások összefoglalóit – ezen szekciófüzetekbe csoportosítva - elektronikus úton és nyomtatványként is közre adtuk. Kérjük, hogy az összefoglalók anyagát minden esetben - megvitatásra alkalmas formában – előadni szíveskedjenek.

Ami a vitát illeti, a résztvevőket, a bizottsági tagokat és az üléselnököket külön is kérjük arra, hogy, kérdéseikkel, hozzáfűzött megjegyzéseikkel szíveskedjenek az előadottak részletesebb megismerését, értékelését és a beszámoló csoportok további munkáját segíteni. Mivel sokan úgy véljük, hogy a tudományos előrehaladás és a fiatalok tudományos fórumokhoz való szoktatása szempontjából a vita majdnem olyan fontos mint maga az előadás, ezért a hasznos és előrevivő vitához szükséges „műhely légkör” kialakítását és fenntartását valamennyi résztvevőtől de különösen a bizottsági tagoktól és az elnököktől ez úton is tisztelettel kérjük.

Az egyes szekciók titkárait arra is kérem, hogy a szekcióülésről február végéig készítsenek és juttassanak el hozzám egy-egy rövid, közérthető formában megírt, s a szekció elnökkel(elnökökkel) egyeztetett tájékoztatót (a Magyar Állatorvosok Lapja részére), mely tartalmazza az elhangzott legfontosabb megállapításokat.

A szekció ülések anyagait az MGSZH Központ Állatgyógyászati Termékek Igazgatósága (Dr. Soós Tibor bizottsági titkár úr) irányítása alatt rendezte füzetekbe, nyomtatta ki és küldte meg az egyes intézeteknek, illetve személyeknek. Kérjük az intézetek vezetőit, hogy az elektronikus úton megküldött anyagból továbbítsanak ill. kellő példányszámban másoltassanak munkatársaik és érdeklődő nyugdíjasaik számára is. Kérjük, továbbá, hogy munkatársaikat segítsék az üléseken való aktív és sikeres részvételben.

Előre is köszönjük a szekció elnökök, a titkárok, a bizottsági tagok és valamennyi előadó munkáját, s külön is köszönjük az összefoglaló füzeteket előállító munkacsoport (Németh Veronika és dr. Vinczer Péterné) nélkülözhetetlen segítségét.

Budapest, 2009. január

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága nevében,
Sikeres, Boldog Új esztendőt kívánva,

Dr. Nagy Béla, elnök s.k.

Az akadémiai beszámolók beosztása és szekcióbizottságai (2009. január 26-29)

A szekció megnevezése	A szekcióülés ideje	A szekcióülés helye	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
Élettan, biokémia, kórelletan, morfológia	2009. I. 26. hétfő, 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Frenyő V. László Dr. Bartha Tibor Dr. Sótornyai Péter Dr. Veresegyházi Tamás Dr. Husvéth Ferenc	Dr. Zsarnovszky Attila	Dr. Kutas Ferenc Dr. Halasy Katalin Dr. Vajdovich Péter
Élelmiszerhigiénia	2009. I. 26. hétfő, 13.00-tól	Továbbképzés tanterem	Dr. Laczay Péter Dr. Sas Barnabás Szeitzné dr. Szabó Mária	Dr. Székely Körmöczi Péter	Dr. Bíró Géza Dr. Lombai György Dr. Nagy Béla Dr. Szita Géza Dr. Kovács Sándor Dr. Búza László
Virologia, immunológia, Bakteriológia	2009. I. 27. kedd, 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Harrach Balázs Dr. Soós Tibor Dr. Nagy Béla Dr. Fodor László Dr. Bernáth Sándor Dr. Stipkovits László	Dr. Benkő Mária Dr. Jánosi Szilárd	Dr. Rusvai Miklós Dr. Pálfi Vilmos Dr. Drén Csaba Dr. Bakonyi Tamás Dr. Hajtós István Dr. Magyar Tibor Dr. Tóth István
Állathigiénia, állattenyésztés, genétika takarmányozásban	2009. I. 28. szerda, 8.30-tól	Továbbképzés tanterem	Dr. Szabó József Dr. Brydl Endre Dr. Kovács Melinda	Dr. Bersényi András	Dr. Fekete Sándor Dr. Rafai Pál Dr. Zöldiág László Dr. Hullár István Dr. Fébel Hedvig
Parazitológia, állattan, halkórtan	2009. I. 28. szerda, 8.30-tól	Élettan tanterem	Dr. Kassai Tibor Dr. Molnár Kálmán Dr. Hornung Erzsébet	Dr. Baska Ferenc	Dr. Békési László Dr. Csaba György Dr. Farkas Róbert Dr. Varga István
Klínikumok, gyógyszerstan, toxikológia	2009. I. 29. csütörtök 8.30-tól	Belgyógyászat tanterem	Dr. Gálfi Péter Dr. Vörös Károly Dr. Szenci Ottó	Dr. Sterczner Ágnes Dr. Németh Tibor	Dr. Sályi Gábor Dr. Sas Barnabás Dr. Várnagy László Dr. Zöldiág László Dr. Túröczy Julianna Dr. Bajcsy Csaba Dr. Bodó Gábor

TARTALOMJEGYZÉK

A KÁRPÁT-MEDENCEI PARLAGISAS-POPULÁCIÓ GENETIKAI STRUKTÚRÁJÁNAK ÉS DIVERZITÁSÁNAK, VALAMINT FILOGEOGRÁFIA KAPCSOLATAINAK ELEMZÉSE A MTDNS KONTROLL-RÉGIÓJA ALAPJÁN.

Kovács Szilvia PhD hallgató¹, Vili Nóra², Kalmár Lajos PhD³, Horváth Márton⁴, Szabó Krisztián², Reiczigel Jenő Habil. PhD¹

A TÚZOK (OTIS TARDA) KÁRPÁT-MEDENCEI POPULÁCIÓINAK GENETIKAI DIVERZITÁSA

Szabó Krisztián¹, Bozsó Miklós², Sipos Botond², Péntes Zsolt PhD³

ALTERNATÍV MINTAVÉTELI MÓDSZEREK GYAKORLATI ALKALMAZHATÓSÁGA MADÁRGENETIKAI VIZSGÁLATOKBAN A KÁRPÁT-MEDENCE PARLAGISAS-POPULÁCIÓ EGYEDINEK IVARMEGHATÁROZÁSA ÉS EGYEDI AZONOSÍTÁSA ALAPJÁN

Vili Nóra PhD-hallgató¹, Horváth Márton², Kovács Szilvia PhD-hallgató³, Chavko Jozef⁴, Hornung Erzsébet CSc, egy. doc.¹, Kalmár Lajos PhD⁵

A MT1 GÉN POLIMORFIZMUS ÉS AZ IVARI MŰKÖDÉS SZEZONALITÁSÁNAK ÖSSZEFÜGGÉSE AWASSI JUHON

Faigl Vera¹, Árnási Mariann² PhD, Keresztes Mónika¹, Kulcsár Margit¹ PhD, Reiczigel Jenő² PhD, Jávor András¹ DSc, Cseh Sándor² DSc, Huszenicza Gyula² DSc

HUMINSAV ÉS FULVONSAV HATÁSA AZ IMMUNVÁLASZ INTENZITÁSRA PATKÁNYOKBAN.

Vucskits András Valentin, Hullár István mg. tud. kandidátusa, Andrásosfzky Emese, Hetényi Nikoletta, Szabó József MTA doktora

A VÉDETTKOLIN HATÁSA TEJELŐ TEHENEK TEJTERMELÉSRE ÉS KOLIN-ELLÁTÁSÁRA AZ ELLÉS KÖRÜLI IDŐSZAKBAN

Elek Péter¹ PhD, Gaál Tibor² CSc, Wágner László³ Csc, és Husvéth Ferenc³ DSc

MIKOTOXINOK ÉS PENÉSZGOMBÁK TEJELŐ JUHOK TAKARMÁNYAIBAN

Jolánkai Rita¹, Wágner László¹, B. Tóth Szabolcs², Galamb Eszter¹ Fischl Géza¹, mg. tud. kandidátusa, Husvéth Ferenc¹ mg. tud.doktora

KÜLÖNBÖZŐ ROSTFORRÁSOK ETETÉSE KUTYÁKKAL

Fekete Sándor György, az ao. tud. doktora és Andrásosfzky Emese

A LABORPATKÁNY TAKARMÁNYVÁLOGATÁSÁNAK VIZSGÁLATA

Bersényi András¹ PhD, és Mong Mariann²

A *LAETIPORUS SULPHUREUS* (Bull.:Fr.) Murr. TERMESZTHETŐSÉGÉNEK MEGALAPOZÁSA

Vetter János, MTA doktora, Kovács Dániel, PhD hallgató

Pótlólag érkezett beszámolók, amelyek sorrendjét az elnököknek nem volt módjuk megállapítani.

HONNAN ERED A MAGYAR SERTÉS? – EURÓPAI ÉS ÁZSIAI MINTÁZATOK HAZAI SERTÉSEK MITOKONDRIÁLIS DNS SZEKVENCIAJÁBAN

Egyed Balázs PhD, Konecsni Judit hallg., Zenke Petra PhD hallg., Maróti-Agóts Ákos PhD hallg., Zöldág László MTA Doktora

A HŐÉRZÉKENYSÉG ÉS A HŐTŰRŐKÉPESSÉG MOLEKULÁRIS GENETIKAI ALAPJAINAK VIZSGÁLATA EURÓPAI SZARVASMARHAFAJTÁKBAN A MAKROKLÍMA FÜGGVÉNYÉBEN

Maróti-Agóts Á.¹, Solymosi N.², Könyves L.³, Egyed B.⁴, Reiczigel J.⁵, Zöldág L.¹

MULTIPLIX STR VIZSGÁLÓRENDSZER FEJLESZTÉSE MACSKAJAJTÁK GENETIKAI POLIMORFIZMUSÁNAK TESZTELÉSÉHEZ

Baksay Sandra egy. hallg.¹, Zenke Petra PhD hallg.², Pádár Zsolt PhD², Zöldág László MTA doktora²

AZ X-KROMOSZÓMÁN ELHELYEZKEDŐ, HIPERIZMOLTSÁGRA HATÓ MODIFIKÁTOR INTERVALLUMOK TÉRKÉPEZÉSE COMPACT EGÉREN

Veress Gyula¹, Pinke Orsolya³, Bakos Katalin², Kovács Balázs, Ph.D.⁴, Varga László, Ph.D.⁵

KUTYA EREDETŰ DEGRADÁLT ANYAGMARADVÁNYOK GENOTÍPUS MEGHATÁROZÁSA SAJÁT FEJLESZTÉSŰ MIKROSZATELLITA MINIPLEXEKSEL

Zenke Petra¹ PhD hallg., Pádár Zsolt² PhD, Egyed Balázs³ PhD hallg., Zöldág László¹ MTA doktora

A MAGZATBUROK-VISSZAMARADÁS ELŐFORDULÁSÁNAK ÁLLOMÁNY-EGÉSZSÉGÜGYI VONATKOZÁSAI TEJHASZNÚ TEHENEKBEN

Könyves László¹, Szenci Ottó² DSc, Jurkovich Viktor¹ PhD, Solymosi Norbert³, Tegzes Lászlóné¹, Gyulay Gyula⁴, Brydl Endre¹ CSc

TÖGYGYULLADÁST OKOZÓ BAKTÉRIUMOK ELTERJEDTSÉGE MAGYARORSZÁGI TEJHASZNÚ TEHÉNÉSZETEKBE

Kovács Péter¹, Szita Géza² CSc, Könyves László¹, Jurkovich Viktor¹ PhD, Brydl Endre¹ CSc, habil

A KERTI KAKUKKFŰ (THYMUS VULGARIS L.) BRACHYSPIRA HYODYSENTERIAE ELLENES HATÁSÁNAK IN VITRO VIZSGÁLATA

Jakab László¹ PhD, Kutasi József² PhD

TREHALÓZ TERMELŐ ÉLESZTŐ HATÁSA A BENDŐFERMENTÁCIÓRA JUHOKBAN

Jurkovich Viktor¹, PhD, Fébel Hedvig², PhD, Kutasi József², PhD, Harnos Andrea⁴, PhD, Kovács Péter¹, Könyves László¹, Brydl Endre¹, az áo. tud. kandidátusa

SZUBKLINIKAI ANYAGFORGALMI ZAVAROK ELŐFORDULÁSA TEJHASZNÚ TEHENEKBEN MAGYARORSZÁGON 1996-2006 KÖZÖTTI IDŐSZAKBAN

Brydl Endre CsC, Könyves László, Jurkovich Viktor PhD, Tirián Attila, Tegzes Lászlóné

A FUMONIZIN B₁ HATÁSA BORDETELLA BRONCHISEPTICA ÉS PASTEURELLA MULTOCIDA KÓROKOZÓKKAL FERTŐZÖTT SERTÉSEKBEN

Pósa Roland¹, Donkó Tamás², Bogner Péter², Kovács Melinda¹, Repa Imre², Magyar Tibor³

SZIE Állatorvos-tudományi Kar, Biomatematika Tanszék¹
SZIE Állatorvos-tudományi Kar, Ökológia Tanszék²
MTA Enzimológiai Intézet³
Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület⁴

A KÁRPÁT-MEDENCEI PARLAGISAS-POPULÁCIÓ GENETIKAI STRUKTÚRÁJÁNAK ÉS DIVERZITÁSÁNAK, VALAMINT FILOGEOGRÁFIA KAPCSOLATAINAK ELEMZÉSE A MTDNS KONTROLL-RÉGIÓJA ALAPJÁN.

Kovács Szilvia PhD hallgató¹, Vili Nóra², Kalmár Lajos PhD³, Horváth Márton⁴, Szabó Krisztián², Reiczigel Jenő Habil. PhD¹

A parlagi sas (*Aquila heliaca*) súlyosan veszélyeztetett faj, az erdőssztyepp régió csúcsragadozója. Mindössze 7-8000 pár él belőle a világon. Európában három nagy állományát különböztethetjük meg: a Kárpát-medenceit, a Balkán-félszigetet és a kelet-európai-síkságot. Az ázsiai populációk egy része Kis-Ázsiában költ, a legnagyobb állomány Oroszországban és Kazahsztánban található. A fajmegőrzési tevékenységben fontos a populációk genetikai markerekkel történő vizsgálata, hiszen az ebből megismerhető paraméterek (populációs szerkezet, génáramlás, genetikai sodródás) alapvetően meghatározzák a faj túlélési esélyeit.

Vizsgálatainkat a mitokondriális DNS (mtDNS) kontroll-régiójának analízisével végezzük. Célunk a Kárpát-medencei parlagisas-populáció genetikai összetételének és diverzitásának felmérése, ezen belül a stabil, régóta perzisztáló magterületek és a perifériás régiók közötti mintázat felderítése. További céljaink a szomszédos balkáni és kelet-európai-síksági populációkkal fennálló génáramlás mértékének feltérképezése, valamint egy nagyobb léptékű, a faj elterjedési területét lefedő filogeográfiai mintázat megállapítása.

Nem-invazív mintavételi módszerünk során az egyedek vedlett tollaiból, a toll felső köldökénél visszamaradó vérrögből vontuk ki a DNS-t, így elkerülhető volt az érzékeny faj zavarása. Az elemzéshez használt Kárpát-medencei madarak mintái magyarországi (19), osztrák (3), szlovákiai (1), illetve szerbiai (1) fészkelőhelyeken és a Hortobágyi Nemzeti Park Ragadozómadár-telepén gyűjtött (2) tollakból, továbbá szlovákiai fiókák (12) vérmintáiból (IsoCode STIXTM papírral gyűjtve) származtak. A Balkán-félszigeten két egymástól térben elkülönült állomány él, a macedón területekből 11, a bolgár területekből 15 tollal végeztük el a vizsgálatot. A kis-ázsiai állományból 11 kaukázusi és 3 török fészkek alól gyűjtött tollak mintáit használtunk fel. A kelet-európai síksági populációból 6 ukrain madár tollmintáját elemeztük. Eredményeinket összehasonlítottuk az északnyugat-kazahsztáni, már publikált adatokkal (Martínez-Cruz *et al.*, 2004), ahol 20 fióka vérmintáját használták fel.

A mtDNS kontroll-régiójában található hipervariábilis domén I 345 bázispár hosszú szakaszát szekvenáltuk meg. A polimorf lokuszok szerint megállapítottuk a kapott szekvenciák haplotípusait. Az eddig elvégzett munkák alapján a Kárpát-medencei populáció egységesnek tekinthető, de a kazah populációtól genetikailag szeparálódott. Ez erősíti azt a feltételezésünket, hogy nincs komoly recens génáramlás a faj fő populációit jelentő kelet-európai és ázsiai állományok és a Kárpát-medence között. A Kárpát-medencei populációban nagyobb a haplotípus és a nukleotid diverzitás, mint a nyugat-kazahban, így valószínűleg nálunk nincs komoly genetikai degradálódás. A eredmények teljes értelmezése a balkáni, kis-ázsiai, kaukázusi és újabb keleti minták kiértékelése után lesz lehetséges.

A TÚZOK (*OTIS TARDA*) KÁRPÁT-MEDENCEI POPULÁCIÓINAK GENETIKAI DIVERZITÁSA

Szabó Krisztián¹, Bozsó Miklós², Sipos Botond², Pénzes Zsolt PhD³

A túzok (*Otis tarda*) a világ legnagyobb testtömegű röpképes madárfajai közé tartozik. Globálisan veszélyeztetett, érzékeny és sérülékeny fajként tartják nyilván, számos nemzetközi természetvédelmi egyezményben kitüntetett helyen szerepel. Magyarországon jelenleg fokozottan védett. Nagy mozgáskörzetű madárfaj, de területhűsége igen erős mind a szaporodó-, mind a táplálkozóterületeket illetően. Eredeti természetes hazai élőhelye az alföldi nyílt füves puszták, de emellett szívesen keresi fel szaporodás és táplálkozás céljából az erre alkalmas mezőgazdasági területeket. Az elmúlt évtizedekben állományában Európaszerte igen jelentős csökkenés volt megfigyelhető, főleg az intenzív mezőgazdaság térhódítása következtében kialakuló élőhely-beszűkülés és feldarabolódás miatt. A faj Európai állományának jelentős részét kitevő Kárpát-medencei populációk egyedszámát jelenleg mintegy 1300-ra becslik, szemben a XX. század elején becsült 12000-es állománnyal.

Habár a nagymértékű egyedszám-csökkenésnek köszönhetően Magyarországon a túzok a természetvédelem kitüntetett figyelmét élvező faja lett, a megmentésére tett erőfeszítések ellenére eddig nem készült olyan részletes felmérés, amely a hazai populációk genetikai struktúrájával foglalkozik, és amely elengedhetetlen a megfelelő természetvédelmi stratégia kidolgozásához.

Munkánk során a Kárpát –Medence három nagy túzok-élőhelyéről (Tiszántúl, Kiskunság, Mosoni-sík) gyűjtött 74 egyed vizsgálatával próbáltuk a túzokok hazai populációinak genetikai szerkezetét és viszonyait feltárni. A mitokondriális DNS kontroll régiójának egy 584 bázispáros szakasza alapján, hét variábilis pozíciót azonosítva, kilenc haplotípust találtunk a Kárpát-medencében, melyek nagyon hasonlóan bizonyultak a Kelet-Európai szyteppén elő (oroszországi és ukrainai) populációkhoz, a nagy földrajzi távolság ellenére is. A faj Kárpát-medencén belüli populáció-szerkezete hűen tükrözi az utóbbi évtizedekben bekövetkezett állomány-csökkenést és fragmentációt. A három recens élőhely jelentős különbséget mutat a genetikai diverzitást és haplotípusok arányát illetően, és szignifikánsan elkülönül egymástól. A mosoni és kiskunsági populációkban sokkal kisebb a genetikai diverzitás, mint a nagyobb egyedszámú, több kis szubpopulációból álló, tiszántúli állományban. A három nagy élőhely azonban nem tekintető egymástól elszigeteltnek, mivel köztük jelentős génáramlás mutatható ki. A génáramlás iránya azonban aszimmetrikus, mivel keletről nyugatra, a tiszántúli élőhely felől a kisebb diverzitású és egyedszámú nyugati populációk felé irányul, így a keleti tiszántúli populációk kiemelkedő jelentőségűek a Kárpát-medencei állomány genetikai diverzitásának megőrzése szempontjából.

Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület²Szent István Egyetem ÁOTK Biomatematikai és Számítástechnikai Tanszék³Raptor Protection Slovakia, 21 08 Bratislava, Svätoplukova⁴MTA SZBK Enzimológiai Intézet⁵

ALTERNATÍV MINTAVÉTELI MÓDSZEREK GYAKORLATI
ALKALMAZHATÓSÁGA MADÁRGENETIKAI VIZSGÁLATOKBAN A KÁRPÁT-
MEDENCE PARLAGISAS-POPULÁCIÓ EGYEDINEK IVARMEGHATÁROZÁSA ÉS
EGYEDI AZONOSÍTÁSA ALAPJÁN

Vili Nóra PhD-hallgató¹, Horváth Márton², Kovács Szilvia PhD-hallgató³, Chavko Jozef⁴,
Hornung Erzsébet CSc, egy. doc.¹, Kalmár Lajos PhD⁵

Vadon élő, veszélyeztetett vagy stresszre érzékeny állatfajok esetében a vizsgálatokhoz szükséges mennyiségű és minőségű DNS-minták begyűjtése gyakran komoly gondot jelent. Ezen fajoknál leggyakrabban nem-invazív mintavételt alkalmaznak (elhullatott szőr, toll, ürülék), így teljesen kiküszöbölhető a mintavétel okozta stressz. Néhány esetben azonban van lehetőség invazív mintavételre (pl. vérvételre), amikor az egyedek egyébként is kézbe kerülnek (pl. fiókák gyűrűzése, állatorvosi vizsgálat, kezelés). Az itt jelentkező negatív hatás csökkenthető specifikusan kis mennyiségű vérminta genetikai célú felhasználásához kifejlesztett módszer, például az IsoCode STIXTM papír használatával. A módszer további előnye a minimális eszközigény mellett a minták egyszerű tárolhatósága és kezelése.

A jelen vizsgálatban az IsoCode STIXTM papírból és a tollakból történő mintavételi módszert hasonlítottuk össze, a kárpát-medencei parlagi sas (*Aquila heliaca*) populációból begyűjtött vedlett tollakból, illetve vérmintákból végzett ivarmeghatározások eredményeinek felhasználásával.

A munka során hazai és szlovákiai parlagisas-territóriumokból, a madarak zavarása nélkül begyűjtött 687 vedlett tollból, valamint 127, a szlovákiai fiókák gyűrűzésekor vett vérmintából vontunk ki DNS-t. Mindkét mintavételi módszer hatékonynak bizonyult a genetikai vizsgálatok elvégzéséhez, és a minták típusát tekintve (toll ill. vér) gyakorlatilag nem találtunk különbséget a DNS-kivonás (93,7% ill. 98,4%) és az ivarmeghatározás (96,4% ill. 98,4%) hatékonyságában. A mikroszatellita fragmensek analízise során a vérminták 71,2%-a adott sikeres eredményt, míg a tollak esetében a szlovákiai mintákból lényegesen kisebb arányú volt a sikeres reakciók száma (13,6%), mint a hasonló hazai mintáknál (100%), amelynek oka nagy valószínűséggel a tollak eltérő tárolási módjában kereshető.

Mindkét vizsgált módszer jelentősen leegyszerűsíti a terepi mintavételezést, és eredményeink alapján mindkét eljárással megfelelő DNS nyerhető ki a különböző genetikai vizsgálatokhoz (az egyes analízisek eredményességét azonban jelentősen befolyásolhatja a mintavételi módszer és a minták tárolási módja), lehetőség nyílik a fajtól (veszélyeztetettség, kezelhetőség), illetve a rendelkezésre álló anyagi lehetőségektől függően választani a két módszer közt.

A MT1 GÉN POLIMORFIZMUS ÉS AZ IVARI MŰKÖDÉS SZEZONALITÁSÁNAK ÖSSZEFÜGGÉSE AWASSI JUHON

Faigl Vera¹, Árnysai Mariann² PhD, Keresztes Mónika¹, Kulcsár Margit¹ PhD, Reiczigel Jenő² PhD, Jávör András¹ DSc, Cseh Sándor² DSc, Huszenicza Gyula² DSc

A kiskérődzők ivari működésének szezonális jellege a juhtermékek előállítását erősen befolyásoló és korlátozó tényező. A tenyész-szezon hossza függ az éghajlattól, a tápláltsági állapottól és az állatok genetikai adottságaitól. Az utóbbi évtizedekben intenzív kutatás folyt annak érdekében, hogy olyan genetikai markert találjanak, melynek használatával az aszezonalitást célzó szelekció felgyorsítható. A legtöbb vizsgálat a melatonin receptor 1 (MT1, korábbi nevén melatonin 1 α vagy Mell1a) génnel kapcsolatban történt, melyről juh és kecske esetében is bizonyították, hogy előfordulása összefüggésben van a tenyész-szezonon kívüli ivari aktivitás képességével (Notter és mtsai 2003, Chu és mtsai 2006). A számos ismert mutáció közül juhban eddig mindössze csak két, az MnII és RsaI restriktációs enzimekkel kimutatható „csendes” (aminosav változást nem okozó mutáció) polimorf hely marker génként történő használhatóságát vizsgálták, sajnos részben ellenmondó eredményekkel. Pelletier és mtsai (2000) valamint Notter és mtsai (2003) szignifikáns összefüggésről számoltak be, míg más szerzők szerint ez az összefüggés csak bizonyos fajtákra igaz (Hernandez és mtsai 2005). Munkánk célja az volt, hogy a hazai awassi populációban vizsgáljuk a fent említett polimorfizmusok előfordulását és a különböző allélvariációk összefüggését a tenyész-szezonon kívüli ivarzással.

Vizsgálatainkba 1-10. ellésű anyákat vontunk be (n=395). A tavaszi (február eleje - április vége közötti) ellést követő 10-12. héten 7 napos különbségekkel három tejmintát gyűjtöttünk, és meghatároztuk progeszteron (P4) tartalmukat. Ha a P4 szintje a 3 mintából legalább egyben 4 nmol/L feletti volt, az állat petefészek működését ciklikusnak ítéltük. Az ellést követő 10. héten gyűjtött vérmintákból meghatároztuk a plazma inzulin-szerű növekedési faktor-I (IGF-I) és leptin szintjét, valamint az RsaI és MnII polimorf helyeket. A szezonon kívüli ivari aktivitás képessége jellemzően függött az állatok korától (P=0,003) és a plazma leptin szintjétől (P<0,001). Az egyes allélok megoszlása a populációban eltért az izraeli awassiról közölt irodalmi adatoktól (magyar populáció: MnII +:55%, -:45%; RsaI +: 83%, -: 17%). A genotípus és az ivari szezonális összefüggését a 3 évnél idősebb állatokban értékeltük. Az RsaI polimorfizmus esetében a - -, az MnII esetében a + + állatok voltak nagyobb arányban ciklusosak (P=0,04 ill. P=0,07). Az energetikai állapotot tükröző leptin és IGF-I szinteknek megfelelő rétegzés során láthatóvá vált, hogy a genotípus és ciklikusság közötti kapcsolat nem azokban a csoportokban a legerősebb, ahol a legtöbb állat ivarzik. A genetikai hatás szuboptimális körülmények között válik láthatóvá.

Az első vizsgálatban is szereplő 43 anyától két évvel később hasonló protokoll szerint ismét tejmintákat gyűjtöttünk P4 meghatározásra, és újraértékeljük a genotípus és szezonális összefüggését. Az eredmények arra utalnak, hogy bár egyes években az összefüggést egyéb tényezők (pl. tápláltság, életkor, takarmányozás) elfedhetik, több év átlagában a vizsgált mutációk és a reprodukciós szezonális mértéke összefüggenek.

A MT1 gén polimorfizmus a fenti eredmények alapján alkalmas marker lehet a kevésbé szezonális ivari aktivitásra történő szelekció során.

HUMINSAV ÉS FULVONSAV HATÁSA AZ IMMUNVÁLASZ INTEZITÁSRA PATKÁNYOKBAN.

Vucskits András Valentin, Hullár István mg. tud. kandidátusa, Andrásosfzky Emese, Hetényi
Nikoletta, Szabó József MTA doktora

Az iparszerű takarmányozásban a hozamfokozó antibiotikumok betiltása miatt új környezetbarát, természetes hozamnövelő anyagokra van szükség. Az alternatívák keresésében az egyik leggyorsabban fejlődő ág az immunalapú takarmányozás. A szakirodalomban fellelhető néhány adat arra vonatkozóan, hogy a humátok (huminsav és fulvonsav) kedvezően befolyásolják az állatok immunválasz készségét. Kísérletünk célja az volt, hogy megállapítsuk, hogy a tiszta formában előállított huminsav és fulvonsav hogyan befolyásolja a kísérleti állatok humorális immunválaszát.

Anyag és módszer:

A kísérletet 30 darab Whistar CRL:(WI) BR törzsből származó, SPF, nőstény patkánnyal végeztük. A patkányokat 4 nap szoktatás után testsúly szerint 10-10 állatból álló csoportokba osztottuk. Az állatokat egyedi ketrecekben helyeztük el. A takarmány és az ivóvíz ad libitum állt a patkányok rendelkezésére. A kontroll csoport mellett fulvonsavval és huminsavval 0,4%-ban kiegészített tápot fogyasztó csoporttal dolgoztunk. A kísérlet 2. napján az állatokat immunizáltuk (állatonként 150 μ g ovalbumin, 150 μ l inkomplett freund adjuváns 150 μ l PBS tartalmú szuszpenziót sc.oltottunk állatonként). A kísérlet 26. napján az állatokat elvéreztettük. Az immunológiai paraméterek vizsgálatát a Szent István Egyetem Állatorvostudományi karának Járványtani és Mikrobiológiai tanszékén végeztük.

Eredmények:

	Kontroll	Fulvát	Humát
mértani közép 2. heti minták	709,68	1203,27	1269,92
mértani közép 4. heti minták	544,32	1969,83	1600,00

Az eredmények tükrében kijelenthetjük, hogy mind a fulvonsavas mind a huminsavas kiegészítés kedvezően befolyásolja a humorális immunválasz intenzitását patkányokban.

A VÉDETTKOLIN HATÁSA TEJELŐ TEHENEK TEJTERMELÉSRE ÉS KOLIN-ELLÁTÁSÁRA AZ ELLÉS KÖRÜLI IDŐSZAKBAN

Elek Péter¹ PhD, Gaál Tibor² CSc, Wágner László³ Csc, és Husvéth Ferenc³ DSc

Kísérletünkben a védett kolin (RPC) etetés hatásait tanulmányoztuk tejelő tehenek testkondíciójára, tejtermelésére és a tej kolintartalmára az elléskörüli időszakban. Vizsgálatunkhoz 32 többször ellett, hasonló előző laktációs teljesítményű és testkondíciójú, előzetesen ivarzás-szinkronizált holstein fríz tehenet használtunk. A teheneket a várható ellésük előtt 28 nappal két csoportra (RPC-csoport – védett kolin kiegészítésben részesülő, és Kontroll-csoport – védett kolint nem fogyasztó) osztottuk. A kísérleti takarmányadagokat a várható ellést megelőző 21. naptól a laktáció 60. napjáig etettük. Az RPC-csoport takarmányadagját az ellést megelőző 21. naptól az ellésig napi 100g, az ellést követően a laktáció 60. napjáig napi 200g védett kolinnal (Norcol-25[□], Nordos Italy, Olaszország) egészítettük ki, amely az ellés előtt 25g, az ellést követően 50g kolint biztosított bendőbeli lebomlás ellen védett formában. A testkondíciót az ellést megelőző 21., az ellést követő 7., 35. és 60. napon pontosítottuk. A tejtermelést naponta mértük, a tej zsír-, fehérje- és összeskolin-tartalmát a laktáció 7., 35. és 60. napján határoztuk meg.

A kolinkiegészítés nem befolyásolta a tehenek testkondícióját és a kondícióváltozás mértékét. A napi tejtermelés a védett kolint fogyasztó csoportban 4,4 kg-mal ($P < 0,001$), az FCM termelés 2,5 kg-mal ($P < 0,001$) nagyobb volt a kontrollhoz képest a laktáció első 60 napjában. A kezelés a tejszír-tartalmat nem befolyásolta, de a tejszír termelés a magasabb napi tejtermelés hatására az RPC-csoportban 0,10 kg/nap mértékben felülmúlta ($P < 0,05$) a Kontroll-csoportét. A tej fehérjetartalma tendencia szintű ($P < 0,10$) emelkedést mutatott az RPC-csoportban, a tejfehérje termelés 0,18 kg/nap ($P < 0,001$) mértékben volt magasabb a kontrollhoz képest. A tejkolin koncentrációja mindkét csoportban növekedett a laktáció előrehaladásával. A tejkolin koncentráció és a naponta tejjel kiválasztott kolin mennyisége az RPC-csoportban magasabb volt ($P < 0,001$) a kontrollhoz képest.

Az RPC-csoportban megfigyelt magasabb tejkolin koncentráció és kolinkiválasztás azt igazolja, hogy az etetett védett kolin készítmény kolintartalmának egy része elkerülte a bendőbeli lebomlást és a vékonybélben felszívódott, ezáltal javította a tehenek kolinellátását. A jobb kolinellátás hozzájárulhatott a termelési mutatók javulásához.

MIKOTOXINOK ÉS PENÉSZGOMBÁK TEJELŐ JUHOK TAKARMÁNYAIBAN

Jolánkai Rita¹, Wágner László¹, B. Tóth Szabolcs², Galamb Eszter¹, Fischl Géza¹, mg. tud. kandidátusa, Husvéth Ferenc¹ mg. tud.doktora

Kísérleti munkánk során a juhok takarmányozására használt takarmánykomponensek mikotoxin-tartalmát (DON, F-2, T-2, ochratoxin) és penészgomba fertőzöttségét határoztuk meg. Munkánk során vizsgáltuk, hogy milyen összefüggés van a toxin tartalom és a mintákból kitenyészthető penészgombák telepeinek száma között. A vizsgált takarmányminták egy része a felmérésben szereplő állattartó telep gazdaságában termelt, illetve tartósított, kisebb hányada a kereskedelmi forgalomból származott. A felmérésre 2007 január és május között került sor a bakonszegi Awassi Rt-nél, a minták gyűjtése havi rendszerességgel történt. A vizsgált 23 takarmánykomponens a következők voltak: szemes kukorica, dercés és granulált téli tejelő abrak, réti széna, lucerna széna, kukorica szilázs, lucerna szenázs. A minták az Rt. által jelentős mennyiségben felhasznált, különböző forrásokból származó, különböző táblákon megtermelt vagy eltérő technológiákkal tartósított takarmányok átlagát képezik.

A minták feléből, a gyűjtést és szállítást követően meghatároztuk a potenciálisan toxintermelő képességgel rendelkező gombák micélium számának mennyiségét a klasszikus mikológiában alkalmazott módszer szerint. Az inkubálást követően sztereo- és átvilágítós fénymikroszkóppal értékeltük a gombamicéliumok számát.

A visszamaradó minta-mennyiségeket 60 °C-on 24 órán keresztül szárítottuk, majd meghatároztuk azok mikotoxin tartalmát. Ennek érdekében a mintákat immunaffinitás oszlopokon tisztítottunk (Vicam, 1999). Az oszlopokról lemosott mikotoxinok mennyiségét HPLC rendszerrel mértük. A DON esetében UV, az F-2 és Ochratoxin-A esetében fluoreszcens detektorokat használtunk. A T-2 toxinból származékot képeztünk és ugyancsak az utóbb említett detektor felhasználásával mértük mennyiségét (Pascale, 2003).

A statisztikai elemzést (rang korreláció) Fischer és Yates módszere szerint végeztük el (1957).

A takarmányvizsgálatok folyamán legmagasabb DON-koncentrációkat a téli tejelő abrak granulált és dercés mintáiban (1,53-1,6 mg/kg) valamint a kukorica szilázs mintákban (1,119-1,045mg/kg) mértük. Nagyobb F-2 toxin koncentrációt kukorica szilázsban (0,187-0,216mg/kg) és lucerna szenázsban (0,181mg/kg) tudtunk kimutatni. T-2 toxint szinte minden mintában, de viszonylag kis koncentrációban találtunk (0-0,0035 mg/kg). Ochratoxint csak esetenként detektáltunk (0-0,009 mg/kg).

Bár a széna minták esetében pozitív és szignifikáns korrelációt találtunk a penészszám és a minták F-2 (0,775; LSD_{0,95}), illetve T-2 (0,925 LSD_{0,99}) tartalma között, de egyéb esetekben a kitenyészített penész-szám és a mikotoxin tartalom között szoros összefüggés nem mutatkozott.

KÜLÖNBÖZŐ ROSTFORRÁSOK ETETÉSE KUTYÁKKAL

Fekete Sándor György, az ao. tud. doktora és Andrásófszky Emese

A szakmai közvéleményben megoszlanak a vélemények a húsevők rostellátását illetően. A nem szigorúan húsevő (a mindenevő felé hajló carnivor) kutyát kívántuk vizsgálat alá vonni, hogy a különböző rostfrakciók hogyan hatnak önkéntes szárazanyag-fölvételére, a táplálóanyagok emészthetőségére és a bélsár konzisztenciájára. A kísérletet négyféle félnedves kísérleti táppal (alaptáp, pektines, cellulóz, lignines), 4 szakaszban (14-14 nap) 6 állattal (ivartalanított hím beagle) folytattuk. A hozzáadott pektint pedig citruspektinnel, a cellulózt kromatográfiás célra gyártott cellulózporral, a lignint savval kezelt földimogyoróhéjjal (előkíséreltünkben mért lignintartalma: 77-82%) biztosítottuk. A hozzáadott rostakotókat a szárazanyag-tartalom 6%-ának megfelelő mennyiségben kevertük a takarmányokba. A fejadag meghatározása is a szárazanyag-tartalom figyelembe vételével történt. A kutyák naponta 300 g szárazanyagnak megfelelő mennyiségű tápot kaptak, amit az első három (alap-, pektines és cellulóz) táp esetében maradék nélkül el is fogyasztottak.

A 6% lignin bekeverése nagymértékben csökkentette a takarmányfölvételt. A 6% lignint (kezelt mogyoróhéjat) tartalmazó táp etetését a gyűjtési szakasz 2. napján be kellett fejeznünk, mivel az állatok nem szívesen ették, napról-napra egyre jobban visszautasították. A fölkinált fejadagnak csak 15-60%-át fogyasztották el, az alaptápból, a pektines és a cellulóz tápból viszont nem volt maradék. Az előtetés, illetve az egynapos gyűjtés tapasztalata szerint a ligninkiegészítés hatására nagy mennyiségű, nagy víztartalmú bélsár ürül. A nedves bélsár mennyisége az alaptáp-cellulóz-pektines-lignines sorrendben nőtt. A bélsár szárazanyag-tartalma az alaptáp esetében volt a legnagyobb (56%), és a lignint fogyasztó csoport esetében a legkisebb (33%). Az ürített szárazanyag mennyisége az alaptáp és a pektines táp esetében közel azonos volt, a cellulózfogyasztás kb. 10, a ligninfogyasztás több, mint 20%-kal növelte a szárazanyagban kifejezett bélsár mennyiségét. A pektin és cellulóz 6%-ban történő bekeverése a szárazanyag látszólagos emészthetőségét közel azonos mértékben csökkentette (84,5; 82,5 illetve 82,4%). Az alaptáptól való eltérés mértéke mindkét esetben szignifikáns ($P < 0,05$). Az összes szervesanyag emészthetősége szintén az alaptáp-pektin-cellulóz sorrendben csökkent. A cellulóz hatására az emészthetőség 5%-kal romlott, szignifikánsan ($P < 0,05$) kisebb volt, mint az alaptapé, ill. a pektines csoporté.

Kísérleti körülményeink között a pektin és a cellulóz nem okozott szignifikáns eltérést a nyersfehérje és a nyerszsír emészthetőségében. A rostkiegészítés a legkifejezettebb hatást a N-mentes kivonható anyag emészthetőségére gyakorolta. Az alaptápot fogyasztó csoportban mért 93,9%-os emészthetőséget a pektin 91,6%-ra, a cellulóz 84,1%-ra csökkentette. Az eltérés mindkét esetben szignifikáns. Az emészthetőség ilyen mértékű csökkenése részben metodikai okokra vezethető vissza. Ismeretes, hogy a nyersrost-meghatározás során a híg savban és/vagy híg lúgban oldható összetevők (így a pektin is) az oldatba kerülnek, így a N-mentes kivonható anyagok közé számítódnak, túlértékelve ezzel a jól hasznosuló szénhidrátok arányát.

A LABORPATKÁNY TAKARMÁNYVÁLOGATÁSÁNAK VIZSGÁLATA

Bersényi András¹ PhD, és Mong Mariann²

A házi patkány (*Rattus norvegicus*) tenyésztett változatait (úm. laborpatkány) sokan tartják kedvtelésből. Az állatok tartásáról, szaporításáról, takarmányozásáról több internetes oldalon is olvashatunk. Etetésükről jószereivel csak általánosságban tájékozódhatunk. Munkánkkal adatokat kívánunk szolgáltatni a lakásban tartott patkányok táplálásához.

Kísérletünkben (12 nap) hat nőstény Wistar patkányt (145,23±15,28 g testsúly) három, otthoni körülmények között is gyakran használt eleséggel etettünk: általános rágcsálótáp (R), étkezési félzsíros tehéntúró (T) és magkeverék (M). A takarmányok ketrecen belüli sorrendjét naponta váltogattuk.

A patkányok napi takarmányfelvétele a testsúlyuk kb. 15%-a. Az összes mennyiség kb. 1/3-át nappal (7-19 óra), míg 2/3-át az esti, éjszakai időszakban (19-7 óra) fogyasztották el.

A patkányok napi takarmányfelvétele (g) az etető helyétől függően (n=6)

1	2	3
11,62±0,39	10,55±0,85	11,32±0,94

A napi takarmányfelvételt az etetők sorrendje nem befolyásolta.

A patkányok napi takarmányfelvétele (g) az egyes eleségekből (n=6)

R	T	M
3,13±0,25 ^a	17,09±3,38 ^b	7,57±2,35 ^c

a-b-c: P<0,001

Túróból lényegesen többet ettek, mint a másik két takarmányból, és a magkeverék is jobban ízlett, mint a rágcsálótáp.

A kedvtelésből tartott patkányok etetésére a magkeverék (gabona-, olajos- és hüvelyesmagvak, ásványi kiegészítő) ízletességénél fogva jobb, mint a rágcsálótáp. Bár a túró ízletessége a másik két eleségét meghaladta, önmagában hosszútávon mégsem javasolható az elhízás kockázata miatt.

Munkánk folytatásaként az egyes magvak ízletességét vizsgálánk, valamint patkányoknak készült különböző eleségeket hasonlítanánk össze.

A *LAETIPORUS SULPHUREUS* (Bull.:Fr.) Murr. TERMESZTHETŐSÉGÉNEK MEGALAPOZÁSA

Vetter János, MTA doktora, Kovács Dániel, PhD hallgató

A napjainkban termesztett gomba fajok száma meglepően alacsony (alig haladja meg a tizet), ráadásul három faj termesztése világviszonylatban a meghatározó. A termeszthető fajválaszték növelése nemcsak az élelmiszerbázist (egyben a piaci választékot) bővíti, hanem újabb lehetőséget teremthet a gombavilág egyéb biológiai potenciáljának (gyógyhatású molekulák) felhasználására is. Jelen beszámoló azon vizsgálatokról kíván számot adni, melyeket e témakörben, fenti célok jegyében kezdtünk az elmúlt időszakban.

A *Laetiporus sulphureus* (gévagomba) a hazai (és európai) gombavilág nem ritka, élő fákat, faanyagot, fatuskókat bontó, tavasszal-nyár elején termőtestet hozó faja. Táplálkozásának biokémiai alapját a „vörös” (barna) korhasztást lehető tevő enzimrendszere adja, amely főként cellulózt, s igen kismértékben lignint bont. Az eddigi tapasztalatok szerint a gomba emeletszerűen képződő (konzolos) termőtestei fiatalon nagy víztartalmúak, jóízűek, jó fizikai konzisztenciájúak, később – az öregedés során – rostosakká, szívóssá válnak, tehát élvezeti értékük jelentősen csökken.

Eddigi vizsgálataink során több termőtestből készítettünk steril micélium kultúrát, illetve termőtest mintákat gyűjtöttünk későbbi kémiai analízis céljaira is. A micélium tulajdonságai közül elsőként a növekedés hőfokfüggését vizsgáltuk 18, 21, 24, 27, és 30 C fokon, Petri csészében három hétig nyomon követve a növekedés intenzitását. Megállapítottuk, hogy a növekedés 27 és 30 C között éri el maximális intenzitását, körülbelül 9-10 mm/nap értékkel. A tápközeg (azaz lényegében szén- és nitrogén forrás) variánsok segítségével tisztáztuk, hogy

- Gombánk nem képes a szacharóz hasznosítására (gyakorlatilag nincs növekedés a Czapek-Dox agaron);
- Jól hasznosítja azonban a maltóz, glukóz cukrokat; legjobb növekedést a maltóz-glukóz szén, illetve pepton nitrogénforráson, (A variáns), valamint a malátakivonat-peptonos variáns (G variáns) adja. Ettől elmarad a Maltóz-Aszparagin-Glutamin tápközegen elérhető növekedésintenzitás (C variáns).

A termesztetőség megalapozása érdekében:

- Módszert dolgoztunk ki a micélium steril, szuszpenziós kultúrájának létrehozatalára;
- Előkísérleteket végeztünk a szemcsíra előállítására, melyek közül a micélium rozs szemeken történő elszaporítása látszik perspektivikusnak;
- Természetes lignocellulóz anyagokon modellkísérleteket állítottunk be, a gomba bontási jellegének tisztázására, a későbbi szubsztrát anyagának közelítése érdekében. Legjobb bonthatóságot a búzakarpa (41,5%) mutatta, a napraforgó magőrlemény és a bükk fűrészpor kb. 10%-os, a búzaszalma 6%-os mértékben volt bontható, s gyakorlatilag bonthatatlanak bizonyult a lucfenyő forgács vagy a csiperketermesztés szokásos kompozitja is.

Fenti eredmények nyomán tovább folytatjuk azokat a vizsgálatokat, melyek a *Laetiporus sulphureus* későbbi termesztetőségének alapjait, majd technológiáját célozzák.

SZIE, ÁOTK, Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet,
Állattenyésztési és Genetikai Osztály

HONNAN ERED A MAGYAR SERTÉS? – EURÓPAI ÉS ÁZSIAI MINTÁZATOK HAZAI SERTÉSEK MITOKONDRIÁLIS DNS SZEKVENCIÁJÁBAN

Egyed Balázs PhD, Konecsni Judit hallg., Zenke Petra PhD hallg., Maróti-Agóts Ákos PhD hallg., Zöldág László MTA Doktora

A gerincesek mitokondriális genomjában lokalizált kontroll régió (*D-loop*) nukleotid szekvenciája nagyfokú polimorfizmusának köszönhetően a génszekvencia különbségek vizsgálatán alapuló molekuláris evolúciós, állattenyésztési és fajtanemesítési kutatások fontos célterülete. Alkalmazott biológiai, állattenyésztési- és állatorvosi, valamint régészeti vizsgálatok számos területén (pl. élelmiszerkészítmények és állati takarmányok minőségellenőrzése, faj- és fajtanemesítés, védett fajok és fajták tiltott kereskedelme, ásatag csontmaradványok azonosítása, stb.) ugyanis a kérdéses biológiai minta (pl. vér, húskészítmény, csont, szőrme) egyedi azonosíthatóságának és a minták közti rokonsági viszonyok megállapítása az egyik legfontosabb feladat. Ilyen esetekben a vizsgálati minták általában degradálódott jellegűek, sejtmagi DNS állományuk töredezett és vizsgálatra nem alkalmas, ezért gyakran a mitokondriális DNS az egyedüli forrás a molekuláris genetikai vizsgálatokhoz.

Jelen tanulmányunk célja az volt, hogy hazai házi- és vadsertés állományokból származó vérminták mitokondriális DNS-ének szekvencia-analízisével feltárjuk a faj genetikai variabilitását a kontroll régió egy szakaszán. A vizsgálatok a következő fajtákra terjedtek ki: magyar lapály-, nagy fehér-, pietrain-, szőke-, vörös- és fecskehasú mangalica, valamint hazai vadsertések. Összesen 40 egyed *D-loop* szekvenciája került megállapításra a 16441-16680 bázisok között. A vizsgált 239 bp hosszú *D-loop* szakaszon több egyedben az ázsiai haplotípusként definiált 16594C, 16601G, 16651C szekvencia-motívum volt kimutatható, viszont a vizsgált egyedek többségében kizárólag európai szekvenciaként meghatározott haplotípusokat igazoltunk. Több mangalica egyedben figyelhető meg a 16667A polimorfizmus, mely felveti egy mangalica specifikus haplotípus lehetőségét is. A hazai tenyésztés fajták és állományok genetikai rokonságának pontos feltérképezése érdekében célszerű az analízist kiterjeszteni a teljes kontroll régióra nagyobb méretű populációs felméréssel kiegészítve.

SzIE ÁOTK, Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet¹
 „Alkalmazkodás a klímaváltozáshoz” kutatócsoport MTA-BCE²
 SzIE ÁOTK, Állathigiéniai, Állomány-egészségtani és Állatorvosi etológiai Tanszék³
 Genetech Kft⁴
 SzIE ÁOTK, Biomatematikai és Számítástechnikai tanszék⁵

A HŐÉRZÉKENYSÉG ÉS A HŐTŰRŐKÉPESSÉG MOLEKULÁRIS GENETIKAI ALAPJAINAK VIZSGÁLATA EURÓPAI SZARVASMARHAFAJTÁKBAN A MAKROKLÍMA FÜGGVÉNYÉBEN

Maróti-Agóts Á.¹, Solymosi N.², Könyves L.³, Egyed B.⁴, Reiczigel J.⁵, Zöldág L.¹

Kutatásunk célja a szarvasmarha HSP70 hősokk fehérje vérkoncentrációját befolyásoló genetikai polimorfizmus hatásának felmérése volt tejelő tehenek hőstressz hatására bekövetkező termeléses csökkenése alapján.

Vizsgálatunkba mintaként egy tejelő állomány, a hősokk-napok okozta termelési változások szempontjából szélsőségesen reagáló egyedeket vontuk be elsőként.

A mintakijelöléshez egy saját fejlesztésű térinformatikai rendszer (HeatShockGIS -HeSGIS) segítségével, a telepre vonatkozóan a részletes meteorológiai adatokból számított Temperature-Humidity Index (THI) alapján, retrospektív módon határoztuk meg a hőstressz mértékét. Fontos megemlíteni, hogy először használtuk a THI index számítási lehetőségei közül a magyarországi körülményeknek számítások szerinti legmegfelelőbb képletét és az ehhez tartozó határértékeket. A tehenek napi termelésére vonatkozó adatok és a hőstresszes napok adatbázisának összevetése után, a szélsőségesen (erősen vagy nem) reagáló egyedek statisztikai alapú válogatásával állítottuk össze a mintánkat. A holstein fajtából vett mintát kiegészítettük 20-20 magyar szürke és norvég vörös fajtából származó, egymással a törzskönyvi adatok alapján legkisebb rokonságban álló egyeddel.

Vérmintáinkból teljes DNS-t tisztítottunk, majd az irodalomban közölt primerekkel elvégeztük a kérdéses szakaszok felsokszorozását. 50 minta két irányból végzett szekvenálását követően, az adott polimorfizmusra specifikus PCR-RFLP reakciót terveztünk, a detektálás leegyszerűsítése és meggyorsítása céljából. A PCR-RFLP módszer az 50 szekvenált minta esetében megegyező eredményt adott a megismételt vizsgálat során.

A HSP70 fehérje emelkedett vérkoncentrációjával kapcsolatba hozható H⁷ allélvariáns a teljes vizsgálati mintára vonatkoztatott gyakorisága megegyezett a korábbi irodalmi adatokkal. A hősokkra kevésbé reagáló tehenek között a H⁷ allél relatív gyakorisága magasabb volt, mint az arra fokozottan reagáló egyedek csoportjában.

Az eredmények statisztikai elemzése további munkát igényel, továbbá az adott promóter szakasz egyéb polimorfizmusával kapcsolatos hasonló vizsgálatot is fontos volna lefolytatni.

A mintavétel során az egyedektől a biológiai mintán túl a fenotípusra és a termelésre vonatkozó adatokat is összegyűjtöttük, így az eredmények alapján, kivitelezhetőnek és indokoltnak látszik a szaporodási mutatók jövőbeni vizsgálata is.

A kutatást a Szent István Egyetem normatív kutatásfinanszírozási (NKB) pályázata, és a Magyar Tudományos Akadémia „Alkalmazkodás a klímaváltozáshoz” projektje támogatta

Molecular genetics of heat resistance and tolerance of European cattle breeds related macroclimatic conditions.

Maróti-Agóts Ákos, Solymosi Norbert, Könyves László, Egyed Balázs, Reiczigel Jenő, Zöldág László

ELTE, Természettudományi Kar¹

SZIE, Állatorvostudományi Kar²

Állattenyésztési Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet, Állattenyésztési és Genetikai Osztály²

MULTIPLEX STR VIZSGÁLÓRENDSZER FEJLESZTÉSE MACSKAJAJTÁK GENETIKAI POLIMORFIZMUSÁNAK TESZTELÉSÉHEZ

Baksay Sandra egy. hallg.¹, Zenke Petra PhD hallg.², Pádár Zsolt PhD², Zöldág László MTA doktora²

Az igazságügyi genetikán belül a nem emberi eredetű anyagmaradványok azonosításával (*animal forensics*) az Állattenyésztési Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet Állattenyésztési és Genetikai Osztálya több éve foglalkozik. Ennek keretében tervezzük a Magyarországon mindeddig alkalmazásra nem került macska (*Felis catus*) mikroszatellita markerek polimorfizmusának vizsgálatát, melynek eredményei – várhatóan a kutyafajtákhoz hasonlóan – tenyésztési (alomellenőrzési), kriminalisztikai, populáció genetikai szempontból egyaránt hasznosíthatók lehetnek.

A munka első fázisában 24 potenciálisan polimorf markert választottunk ki. A lokuszokra olyan PCR-primereket terveztünk, hogy a felsokszorozott szakaszok hossza a kétszáz bázispárt lehetőség szerint ne haladja meg. Ily módon biztosíthatjuk a kiindulási DNS-hez felhasználható biológiai szövettípusok sokféleségét és a vizsgálatokat változó minőségű eseti mintákra (nyál, szőrszál, stb.) is ki tudjuk terjeszteni. A fluoreszcens jelölés és detektálás lehetőségét felhasználva ún. *multiplex* formában több lokusz egyidejű analizését kívánjuk megvalósítani.

A munka későbbi fázisaiban az ismert allélekből alléllétrát készítünk. az alléllétrák segítségével a populációs felméréseket néhány fajta vizsgálatára terjesztjük ki. a felmérések alapján a lokuszok polimorfizmusa, az allél-gyakoriságok, a genetikai diverzitás megállapíthatók, a fajták és a populációk összehasonlíthatók.

Multiplex STR kit for testing for genetic polymorphisms of domestic cat breeds

Baksay Sandra, Pádár Zsolt, Zenke Petra, Egyed Balázs, Zöldág László

Jelenlegi munkahelyek:

SZIE, ÁOTK, Állattenyésztési és genetikai osztály¹

ELTE, BI, Genetikai tanszék²

[Quintiles Magyarország Kft](#)³

SZIE, Környezetipari Regionális Egyetemi Tudásközpont⁴

[Natur Agro Hungary Kft.](#)⁵

AZ X-KROMOSZÓMÁN ELHELYEZKEDŐ, HIPERIZMOLTSÁGRA HATÓ MODIFIKÁTOR INTERVALLUMOK TÉRKÉPEZÉSE COMPACT EGÉREN

Veress Gyula¹, Pinke Orsolya³, Bakos Katalin², Kovács Balázs, Ph.D.⁴, Varga László, Ph.D.⁵

Egy korábban végrehajtott F2 keresztezés genetikai analízise során kimutattuk, hogy a Compact egér hiperizmoltságát egy mutáns főgén: a miosztatin, valamint további, az 1, 3, 5, 7, 11, 16 és X kromoszómán elhelyezkedő modifikátor gének együttesen határozzák meg.

A duplán-izmolt szarvasmarha fajták legtöbbszörében ugyancsak a miosztatin mutációjára vezethető vissza a fenotípus kialakulása, továbbá - például a fehér-kék belga fajta esetében - a modifikátor hatás is jelentős. Mindezzért a modifikátorok felderítése, vizsgálata és a mutációk azonosítása mezőgazdasági szempontból is fontos lehet.

Az egéren végzett genetikai térképezés, egyik legnagyobb felbontási erővel bíró keresztezési elrendezése a több-generációs AIL (Advanced Intercross Lines), éppen ezért a további térképezési munkánkhoz létrehoztuk a Compact-AIL-t. Vizsgálatainkat a legerősebb és legkiterjedtebb modifikátor hatást mutató X kromoszómán kezdtük meg.

Az első F2 keresztezés rekombinációs eseményeinek detektálásához mindössze 9 mikroszatellit marker vizsgálata is elegendő volt, azonban az F2 elrendezés csak egy nagyobb kromoszóma intervallum meghatározásra volt alkalmas, amely a legerősebb modifikátor hatást a Chr X közepén mutatta ki.

A térképezést a Compact-AIL elrendezés 11. generációjában hajtottuk végre. A felhalmozódott rekombinációs eseményeknek köszönhetően a kromoszóma hosszában egyenletesen elhelyezett 31 mikroszatellit marker genotípezálása során, sokkal pontosabb modifikátor intervallum beszűkítést értünk el. Az F2-ben tapasztalt kiterjedt, esélyes intervallummal szemben, a Compact-AIL vizsgálatok ennek az intervallumnak a két oldalán (proximális és disztális) határoztak meg egy-egy esélyes intervallumot (XA és XB). A beszűkítés eredményeként az X kromoszómán detektált modifikátor hatás ezzel a két, már kezelhető számú gént tartalmazó intervallummal mutatott szoros összefüggést.

Mapping hypermuscularity modifier intervals on compact mouse X-chromosome
Veress Gyula, Pinke Orsolya, Bakos Katalin, Kovács Balázs, Varga László

KUTYA EREDETŰ DEGRADÁLT ANYAGMARADVÁNYOK GENOTÍPUS MEGHATÁROZÁSA SAJÁT FEJLESZTÉSŰ MIKROSZATELLITA MINIPLEXEKSEL

Zenke Petra¹ PhD hallg., Pádár Zsolt² PhD, Egyed Balázs³ PhD hallg., Zöldág László¹ MTA doktora

Számos esetben a kutyáktól származó vizsgálati minták – pl. elpusztult nemző- illetve szülő állatok szövettani mintái, bűncselekmények helyszínén fellelt kihullott szőrszalag és/vagy környezeti hatások által degradált, kis mennyiségű anyagmaradványok – a jelenleg használt vizsgálati markerekkel csak részben ill. egyáltalán nem értékelhető genetikai profilt eredményeznek. A károsodott DNS vizsgálata során az analitikai jelerősség jelentősen csökkenhet, különösen a nagyobb méretű PCR termékek multiplex felsokszorozása esetén (preferenciális amplifikálódás). Ez a jelenség a kb. 300 bázispárt meghaladó mérettartományban standard genotipizáló „kit”-ek használatakor is sokszor megfigyelhető. Vizsgálatunk ezért olyan újabb polimorf mikroszatellitákra irányult, melyek mérete a felsokszorosításuk után sem haladja meg a 200 bázispárnyi hosszúságot. A rövidebb ampliconok a töredezett DNS-ből nagyobb valószínűséggel mutathatók ki, ami a sikeres vizsgálatok arányát jelentős mértékben megnövelheti.

Vizsgálatunk során 5 mikroszatellita marker (PEZ19, PEZ16, REN124, WILMS-TF, FH2584) - melyek hossza az eredeti primerek újratervezésével nem haladja meg a 200 bázispárt -, valamint 2 eredendően rövid (PEZ21, vWF.X) marker polimorfizmusát mértük fel 76 fajtába tartozó 116 genetikailag egymástól független kutyán. A PCR technikával felsokszorozott fluoreszcensen jelölt termékeket kapilláris elektroforézissel választottuk el, illetve detektáltuk a méretüket. Az allélgyakorisági adatok alapján statisztikai analízist végeztünk, meghatározva az egyes lokuszok heterozigotizációját (H_{exp} , H_{obs}), a megkülönböztetési erélyt (PD), az apasági kizárás erélyét (PE) és a polimorfizmus információs tartalmát (PIC). Adott allélek szekvencia analízisével meghatároztuk a struktúrájukat és a repetíciós szám alapján megalkottuk a nemzetközi összehasonlításra is alkalmas allélnevezésként. A szekvenálással igazolt méretű allélekből alléllétrákat állítottunk elő, melyek segítségével és a Genotyper 2.5.2 szoftver használatával lehetővé vált az allélek félautomata kiértékelése (genotipizálása).

A vizsgált 7 STR lokuszt kiegészítettük a már korábban leírt PEZ1, PEZ3, PEZ5, FH2054 markerrel, valamint az SRY lokusszal és az összesen 12 markert 2 miniplex reakcióba állítottuk össze. Kis mennyiségű DNS mintán teszteltük és érzékenyítettük a két rendszert, melynek eredményeként azok alkalmassá váltak akár 0,1 ng tartalmú, degradált DNS minta genetikai profiljának meghatározására. A két miniplex rendszer gyakorlati alkalmazhatóságát bűnügyi helyszínről biztosított szőrmintán teszteltük.

STR multiplexes for genotyping low amount of highly degraded Canine DNA

Zenke Petra, Pádár Zsolt, Egyed Balázs, Zöldág László

Szent István Egyetem ÁOTK
Állathigiéniai, Állomány-egészségtani és
Állatorvosi Etológiai Tanszék¹
Nagyállatklinika, Üllő, Dóra-major²
MTA – Budapesti Corvinus Egyetem
„Alkalmazkodás a klímaváltozáshoz” Kutaócsoport³
Magánállatorvos, Martonvásár⁴

Állathigiénia

A MAGZATBUROK-VISSZAMARADÁS ELŐFORDULÁSÁNAK ÁLLOMÁNY- EGÉSZSÉGÜGYI VONATKOZÁSAI TEJHASZNÚ TEHENEKBEN

Könyves László¹, Szenci Ottó² DSc, Jurkovich Viktor¹ PhD, Solymosi Norbert³,
Tegzes Lászlóné¹, Gyulay Gyula⁴, Brydl Endre¹ CSc

Vizsgálatainkkal arra kerestünk választ, hogy a tejhasznú tehének energiamérlegét és sav-bázis anyagcseréjét jellemző paraméterek alkalmazhatók-e a magzataburok-visszamaradás (MBV) kockázatának előjelzésére. Elemeztük több tényező kapcsolatát a MBV kialakulásával, tanulmányoztuk az involúciós szövödmények anyagcsere állapottal, szaporodással és a tejtermeléssel fennálló összefüggéseit.

Az értékelt 105 tehén adatai alapján a prepartum (prep.) <14 napban a plazma NEFA-koncentráció pozitív (OR 102,1; P<0,05), a vizelet nettó sav-bázis ürítés- (NSBÜ) koncentráció negatív (OR 0,99; P<0,05) összefüggést mutatott a MBV esélyével. A plazma NEFA- és a vizelet NSBÜ-koncentráció prep. negatív korrelációt mutatott ($r=-0,24$; P<0,05). A $\geq 2+$ -es prepartum ketonuria esetén nőtt a MBV kialakulásának esélye (OR:Inf.; P<0,05). A MBV esélyét nem befolyásolta a laktáció száma, a borjú ivara- és vitalitása valamint a manuális ellési segélynyújtás.

A MBV előzménnyel nőtt a puerperális metritis (PM) kialakulásának esélye (OR:27,3; P<0,001). A MBV önmagában nem befolyásolta jelentősen a tehének metabolikus státuszát, a sárgatest megjelenésének időpontját, az első mesterséges termékenyítésig (MT) eltelt idő hosszát és eredményét, az elléstől a termékenyülésig eltelt időt, a vemhesüléshez szükséges MT számát és az újravemhesülés esélyét. A MBV nem befolyásolta szignifikánsan a késedelmes involúció, valamint a morfológiailag inaktív petefészkek és a cisztás petefészkek rendellenességei kialakulását sem. A MBV vizsgálatunkban nem volt kimutatható hatással a tejtermelésre és a tejösszetételre.

A feltárt összefüggések ismerete a tejhasznú tehének elléskörüli alkalmazkodási zavaraihoz eredő egészségi-, szaporodási- és termelési kockázatok előjelzéséhez, nyomon követéséhez, és a megelőzés módszereinek fejlesztéséhez nyújt segítséget.

Tanszéki téma

TÖGYGYULLADÁST OKOZÓ BAKTÉRIUMOK ELTERJEDTSÉGE MAGYARORSZÁGI TEJHASZNÚ TEHENÉSZETEK BEN

Kovács Péter¹, Szita Géza² CSc, Könyves László¹, Jurkovich Viktor¹ PhD,
Brydl Endre¹ CSc, habil

Bevezetés: 2008. májusától kezdve 8 magyarországi illetve szlovákiai tejhasznú tehenészeti telepen vizsgáltuk a tejhasznú tehenek tögygyulladását okozó baktériumok faj szerinti megoszlását.

Anyag és módszer: A vizsgálatok során kiválogattuk az utolsó befejés eredményei alapján azokat az állatokat, melyek szomatikus sejtszáma 400.000/ml fölött volt, és tőlük a fejés előtti tögyelőkészítése után aseptikus módon tejmintát vettünk azokból a tögynegyedekből melyek a California Mastitis Test vizsgálat során súlyos pozitív (2 v. 3 kereszt) reakciót mutattak. A minták feldolgozása és az azonosítás a SZIE-ÁOTK Állathigiéniai, Állomány-egészségtani és Állatorvosi Etológiai Tanszék mikrobiológiai laboratóriumában történt.

Eredmények: A vizsgálatok során összesen 1369 tejmintát dolgoztunk fel. A tenyésztések eredményei az alábbiak szerint alakultak. 427 esetben (31,19%) a mintákból semmilyen kórokozót nem tudtunk kimutatni, melyet okozhat a már gyógyult fertőzések után még pár hétig magas szomatikus sejtszám, illetve az is, hogy a *Staphylococcus aureus* sporadikusan ürül a tejjel. 283 esetben (20,67%) vegyes mikroflóra volt mintában, mely valószínűleg a mintavétel során történt szennyeződés eredménye hiszen tögygyulladást a legritkább esetben okoz egyszerre egy kórokozónál több. 196 mintából (14,32%) mutattunk ki *Staphylococcus aureus*-t, ezzel ez lett a legnagyobb számban előforduló kórokozó azzal a megjegyzéssel, hogy a pozitív minták közül 179 összesen 3 telepről származik, melyek súlyosan *Staphylococcus aureus* fertőzöttek. 168 mintában (12,27%) *Streptococcus uberis*-t tenyésztettünk ki. Ez a környezeti kórokozó minden telepen kimutatható volt a tejmintákban, és a vizsgált telepek közül 4 esetében azonosítottuk ezeket, mint a telepen előforduló fő tögybetegéneket. 87 mintában (6,36%) fordultak elő koaguláz negatív *Staphylococcus*-ok. Egy telepen ez volt a leggyakrabban előforduló kórokozó de szinte minden vizsgált állományban előfordult ezzel fertőződött állat. 65 mintában (4,75%) Gram negatív kórokozók voltak jelen. Minden telepen előfordultak, de sehol sem voltak a fő felelősei a tögyegészségügyi problémáknak. Sarjadzó gombák 47 mintában (3,43%) fordultak elő. Egy esetben volt számuk kiugróan magas (16), ott ismételt mintavétellel sikerült is a telep tögyegészségügyi problémáiban betöltött szerepét bizonyítani. Egyéb *Streptococcus*-ok 21 mintában (1,53%) voltak. 18 mintában *Enterococcus casseliflavus*-ként azonosítottuk a kórokozót, ezen minták mindegyike egy telepről származik, a többi telepen ezen baktérium tögyegészségügyi szerepét nem sikerült bizonyítani. 17 mintában (1,24%) *Streptococcus agalactiae* volt. Ezen fertőző kórokozó visszaszorulását mi sem bizonyítja jobban, mint az, hogy minden minta ugyanarról a telepről származott. 15 mintában (1,1%) aerob sporás baktériumok voltak. 11 mintában (0,8%) volt *Escherichia coli*, 8 mintában (0,58%) *Micrococcus*-ok, 6 mintában (0,44%) Klebsiellák.

Összefoglalás: Ezen eredmények ismeretébe jól látszik, hogy a fertőző kórokozók közül messze a *Staphylococcus aureus* a legelterjedtebb, míg a *Streptococcus agalactiae* teljesen visszaszorult. A környezeti patogének közül a *Streptococcus uberis* dominál.

Tanszéki téma

A KERTI KAKUKKFŰ (THYMUS VULGARIS L.) BRACHYSPIRA HYODYSENTERIAE ELLENES HATÁSÁNAK IN VITRO VIZSGÁLATA

Jakab László¹ PhD, Kutasi József² PhD

Az utóbbi évtizedekben világszerte növekvő érdeklődés mutatkozik a természetes – főként növényi eredetű – anyagoknak a gyógyászatban, az élelmiszer-, tartósító- és a kozmetikai iparban történő felhasználása iránt.

A *Thymus vulgaris* L. (kerti kakukkfű) a Lamiales (árvacsalán-virágúak) rendjébe, a Lamiaceae (ajakosok) családjába tartozik. Hatóanyaga főleg illóolaj, amelyet 1–2,5%-ban tartalmaz. Az illóolaj fő és egyben leghatékonyabb komponensei a timol, amely 20–60%-ban, és a karvakrol, amely mintegy 25%-ban fordulhat elő.

Egyes vizsgálatok szerint a kakukkfű olaja a Gram-pozitív mikroorganizmusok szaporodását teljesen meggátolta vér jelenlétében is. A *Pseudomonas* törzsekre gyengébb, a többi vizsgált Gram - negatív mikroorganizmus, illetve bizonyos gombák szaporodására erős gátló hatást fejtett ki.

Nem található adat ugyanakkor a kakukkfű *Brachyspira*-ellenes hatásáról. Ezért vizsgáltuk a kakukkfű herba vizes extraktumának a sertésdizentéria kórokozójára (*Brachyspira hyodysenteriae*) gyakorolt hatását *in vitro* körülmények között.

Az *in vitro* vizsgálatokhoz előállítottuk a drog hideg vizes (25 °C) kivonatát.

Vizsgálatainkat egy, a sertésdizentéria klinikai tüneteit mutató hízósertésből izolált *Brachyspira hyodysenteriae* törzsön (B/06) kezdtük, majd további 5 különböző, a SZIE-ÁOTK, Járványtani Tanszékének törzsgyűjteményéből származó *Brachyspira hyodysenteriae* törzset is vizsgáltunk agardiffúziós módszerrel.

Eredményeink szerint a kakukkfű vizes kivonatai koncentrációtól függően, de jelentős mértékben gátolták a *Brachyspira hyodysenteriae* élettevékenységét az agardiffúziós próbák során.

A kerti kakukkfű vizes kivonatának a *brachyspirák* elleni hatékonyságát további, elsősorban gyakorlati körülmények között végzett vizsgálatokkal szükséges ellenőrizni, mivel a hatás *in vivo* és *in vitro* körülmények között eltérő lehet.

Dr. BATA ZRt kutatási téma

SzIE ÁOTK Állathigiéniai, Állomány-egészségtani
és Állatorvosi Etológiai Tanszék¹
Állattenyésztési és Takarmányozási Kutatóintézet²
Dr. Bata Zrt³
SzIE ÁOTK Biomatematikai és Számítástechnikai Tanszék⁴

TREHALÓZ TERMELŐ ÉLESZTŐ HATÁSA A BENDŐFERMENTÁCIÓRA JUHOKBAN

Jurkovich Viktor¹, PhD, Fébel Hedvig², PhD, Kutasi József³, PhD, Harnos Andrea⁴, PhD,
Kovács Péter¹, Könyves László¹, Brydl Endre¹, az ao. tud. kandidátusa

Kérdőzök és azon belül tejhasznú tehenek takarmányának *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) élő élesztőkultúrával történő kiegészítése széles körben elterjedt. A Sc hatása in vitro és in vivo körülmények között azonban sok esetben különböző, és az egyes kísérleti eredmények is gyakran egymásnak ellentmondóak. A különböző vizsgálati eredmények háttérében az állhat, hogy a kísérletekben alkalmazott élesztő készítményeket különböző dózisban, eltérő takarmányozás mellett alkalmazták. Az is bebizonyosodott, hogy a különböző élesztő kultúrák eltérő hatást gyakorolnak a bendőfermentációra. Könnyen elképzelhető, hogy a különböző élő élesztő készítmények eltérő túlélőképessége is oka lehet az eltérő eredményeknek.

Korábbi vizsgálataink megmutatták, hogy a megnövelt trehalóz termelés miatt a *Saccharomyces cerevisiae* NCAIM 1286 törzs in vitro túlélőképessége javult.

Vizsgálatunk célja a trehalóz termelő élesztőtenyészetek felhasználásával előállított élő élesztő készítmény (Live Sacc Dairy, LSDairy) bendőfermentációra gyakorolt hatásának megállapítása volt.

Anyag és módszer: Három db bendőfiszulázott merinó ürűvel önkontrollos rendezésben végeztük a vizsgálatot. Az állatokat egyedi ketrecekben helyeztük el. A kísérlet során tejelő tehenek takarmányozását modelleztük, ezért az állatok kétféle, nagytejű teheneknél szokásos fejadaghoz hasonló takarmányozásban részesültek. Az egyik fejadag rostban szegényebb, abrakban (főleg árpa) gazdagabb volt (high energy diet, HE), a másik abrakban kissé szegényebb, rostban gazdagabb volt (high fibre diet, HF). Az alábbi kezeléseket alkalmaztuk mindkét takarmányozás esetében.

LSDairy = ebben a kezelésben az állatok trehalózt termelő élesztőt kaptak 2,5 g adagban a napi takarmányhoz keverve; LS = ebben a kezelésben az állatok trehalózt nem termelő élesztőt kaptak 2,5 g adagban a napi takarmányhoz keverve; CO = kontroll, ebben a fázisban az állatok nem kaptak élesztő kiegészítést. Bendőfolyadék mintákat vettünk a reggeli etetés után 3 órával, a mintákból meghatároztuk a pH-t és az illó zsírsavak (TVFA) koncentrációját valamint az ecetsav, propionsav és vajsav moláris arányát. In sacco vizsgálatokat végeztünk a takarmányok lebonthatóságának mérésére. A keményítő (kukorica és árpa dara) és az NDF (lucerna pellet) lebonthatóságát vizsgáltuk.

Fontosabb eredmények: A LSDairy élesztő esetében magasabb volt a bendőfolyadék pH értéke, de csak a HE takarmány etetésekor. A TVFA koncentráció mindkét takarmányozás esetén szignifikánsan magasabb volt a LSDairy élesztő etetésekor. Az árpa keményítő lebonthatósága magasabb volt a HE takarmány etetésekor a LSDairy élesztő esetében, de nem változott a HF takarmány etetésekor. Az NDF lebonthatósága mindkét takarmány esetében a LSDairy élesztő etetésekor szignifikánsan jobb volt.

Következtetések: Eredményeink megmutatták, hogy jelentős különbségek lehetnek az élesztőkészítmények bendőfermentációra gyakorolt hatásában attól függően, hogy milyen az alkalmazott takarmányozás (szubsztrát), illetve hogy milyen az élesztő bendőbeli túlélőképessége.

A vizsgálatot a Nemzeti Kutatási és Technológiai Hivatal támogatásával végeztük (szerz. sz.: OMF-1213/2004).

SZUBKLINIKAI ANYAGFORGALMI ZAVAROK ELŐFORDULÁSA TEJHASZNÚ TEHENEK BEN MAGYARORSZÁGON 1996-2006 KÖZÖTTI IDŐSZAKBAN

Brydl Endre CsC, Könyves László, Jurkovich Viktor PhD, Tirián Attila, Tegzes Lászlóné

Hazánk szarvasmarha-tenyésztésében az elmúlt évtizedben jelentős fejlődés következett be, amely eredményeképpen számos telepen a laktációs tejtermelés meghaladja a 10000 litert.

A genetikai képesség növekedésével arányosan nőtt az állatok biológiai igénye a termelés környezeti feltételeivel, elsősorban a *takarmányminőséggel* és a *takarmányozással* szemben. A takarmányozás-stratégiai hibák, a hibás, gyenge minőségű takarmányok etetése gyakran *szubklinikai*, vagy *klinikai tünetekben* is megnyilvánuló *anyagforgalmi betegségek* kialakulását idézi elő.

Az anyagforgalmi zavarok, az anyagcsere-betegségek többnyire nem hirtelen, hanem rövidebb hosszabb átmeneti időszak után jelentkeznek klinikai tünetekben. Sok esetben (és ez a gyakoribb) hosszabb időn keresztül rejtve, ún. *szubklinikai állapotban* maradnak és okoznak gazdasági kárt. A rejtett, *szubklinikai állapot* teremt lehetőséget *laboratóriumi vizsgálatokkal történő korai felismerésüknek*. Ily módon a nagy tejtermelésű tehenészetekben az anyagforgalmi betegségek korai felismerését, és a takarmányozás megbízható ellenőrzését szolgáló vizsgálati rendszerek alkalmazása jelentős segítséget nyújt az állatok egészségi állapotának védelméhez, valamint a magas színvonalú, gazdaságos tejtermeléshez.

Az elmúlt tíz esztendőben mintegy száz tejhasznú tehenészetben 45000 tehenre kiterjedően végeztünk anyagforgalmi vizsgálatokat. A biológiai mintákat a szaporodásbiológiai és laktációs állapot alapján különböző élettani szakaszba tartozó állatcsoportokból *szűrőpróbaszerűen* választott *klínikailag egészséges* állatokból vettük a reggeli etetés utáni 3-5. órában.

A mintavételre kijelölt csoportok, valamint a mintázott állatszám a következő volt:

- Az ellés előtt 1-2 héttel lévő előkészítő tehenek (n=4931);
- Az ellés után 1-7 nappal lévő tehenek (n=4239);
- Az ellés után 8-30 nappal lévő tehenek (n=6001);
- Az ellés után 31-90 nappal lévő tehenek (n=5767).

A tíz év alatt összesen 20938 állat vér- és vizeletmintájának laboratóriumi vizsgálatát végeztük el. A laboratóriumi vizsgálatok a hematológiai állapotra, a szubklinikai zsírmobilizációs betegség és a ketosis megállapítására, a fehérje-, a karotin-, a Ca-, a P- a Mg-, a Na- és a K-, a Cu-, a Zn- és a Se-ellátottságra, valamint a sav-bázis anyagcserére erjedtek ki.

A vizsgálatok eredményeiből megállapítható volt, hogy a különféle, a *termelést* és az *egészségi állapotot* leginkább befolyásoló szubklinikai anyagforgalmi zavarok közül az *energiaellátás egyensúlyának*, a *sav-bázis anyagcserének* és a *fehérjeellátottságnak* a zavara számottevő előfordulási gyakoriságú az ellés körüli időszakban, valamint az ellés után 8-30 nappal, a termelésbe lendülés és az ellés után 31-90 nappal, a laktációs csúcstermelés időszakában.

Tanszéki téma

ÁLLATHIGIÉНИЯ

Kaposvári Egyetem - ÁTK, Élettani és Állathigiéniai Tanszék¹

A FUMONIZIN B₁ HATÁSA BORDETELLA BRONCHISEPTICA ÉS PASTEURELLA MULTOCIDA KÓROKOZÓKKAL FERTŐZÖTT SERTÉSEKBEN

Pósa Roland¹, Donkó Tamás², Bogner Péter², Kovács Melinda¹, Repa Imre², Magyar Tibor³

A modern sertéstartás fontos egészségügyi problémáját jelentő légzőszervi megbetegedések háttérében gyakran több kórokozó együttes jelenléte áll, melyek egymással és különféle hajlamosító tényezőkkel együttműködve alakítják ki a kórképet. A számos környezeti hajlamosító tényező közül az ún. sertés légzőszervi betegség komplex kialakulásának és kórfejlődésének szempontjából kevésbé tanulmányozott csoportot képeznek a mikotoxinok. Jelen vizsgálatainkban a jellemzően tüdőödémát okozó fumonizin B₁ (FB₁) hatását vizsgáltuk *Bordetella bronchiseptica* (Bb) és toxintermelő *Pasteurella multocida* (Pm) kórokozókkal fertőzött állatok tüdejében.

kísérletünkbe 28 db, 3 napos, nőivarú malacot állítottunk be. a korai választás után a malacokat fertőtlenített, izolált termekben, mesterséges módon neveltük fel. a 16. napig tejpor-keverő automata berendezés segítségével adagolt tejpótló tápszerrel, a 17. naptól a kísérlet végéig szilárd takarmánnyal tápláltuk őket. két külön teremben, négy csoportot alakítottunk ki. i. csoport: nem fertőzött - fb₁ toxinnal nem kezelt - kontroll csoport, ii. csoport: nem fertőzött - fb₁ toxinnal etetett, iii. csoport: csak fertőzött (bb és pm együttesen) és iv. csoport: fertőzött (bb és pm együttesen) - fb₁ toxinnal is etetett állatok. a iii. és iv. csoportokat a kísérlet 4. napján bb-val (km22 törzs), a kísérlet 16. napján pedig pm-val (lfb3 törzs) fertőztük. a ii. és iv. csoport a 16. naptól a kísérlet végéig 10 ppm fb₁-toxint tartalmazó takarmányt fogyasztott. a ct vizsgálatokat a kísérlet 4., 16., 25. és 39. napján végeztük el. a kísérlet végén (40. nap) az állatokat bódítás után elvéreztettük és a szakma szabályai szerint felboncoltuk, a tüdőelváltozásokat feljegyeztük és kórszöveti mintákat készítettünk.

A CT felvételek elemzésekor a Bb fertőzés után, már a kísérlet 16. napján a III. csoportból 3, a IV. csoportból pedig 5 állatnál találtunk elváltozásokat a tüdőben. A tüdőgyulladásra utaló jelek a kísérlet 25. napján, a Pm fertőzés és FB₁ toxin fogyasztása után 9 nappal sokkal markánsabbá váltak. Ugyanezen csoportokban egy-egy állatnál csak a Pm fertőzést követően jelentek meg elváltozások. Másrészt a Bb fertőzés után egy-egy állatnál olyan enyhefokú tüdőelváltozást figyeltünk meg, amely a kísérlet végére már sem a CT felvételeken, sem a boncolás során nem volt látható.

A Bb fertőzés önmagában képes volt tüdőelváltozást előidézni a fiatal malacokban. A Pm fertőzés és az FB₁ toxin fogyasztása súlyosbította ezen elváltozásokat. A mortalitás, az észlelt tüdőelváltozások, valamint ezek kiterjedése is egyaránt a IV. csoportban volt a legmagasabb. Következtetésként elmondható, hogy a Bb és Pm kettős fertőzés és a FB₁ toxin fogyasztása együttesen növeli a sertésben kialakuló tüdőgyulladás esélyét, valamint súlyosbítja az elváltozások kiterjedését és jellegét.