

# MAGYAR ÁLLATORVOSOK LAPJA

Hungarian Veterinary Journal  
Vol. 145. No. 1. – Budapest, January 2023.  
Established by Prof. B. Nádaskay, 1878

*Idült gyomormegterhelés és gyomortágulat lóban*

## LÓ

Idült gyomormegterhelés és -tágulat lovakban: 5 klinikai eset bemutatása

## BAROMFI

A H9N2 altípusú madárinfluenza-vírus növekvő jelentősége a világban

## ÁLLATHIGIÉNYIA

Álomkezelési módszerek a nagyüzemi állattartási gyakorlatban

## ÁLLATTENYÉSZTÉS

A kecskeméti sárgafejű juh összetett filogenetikai hátterének és haplotípus-diverzitásának feltárása az mtDNS kontrollrégiója alapján

## BESZÁMOLÓK

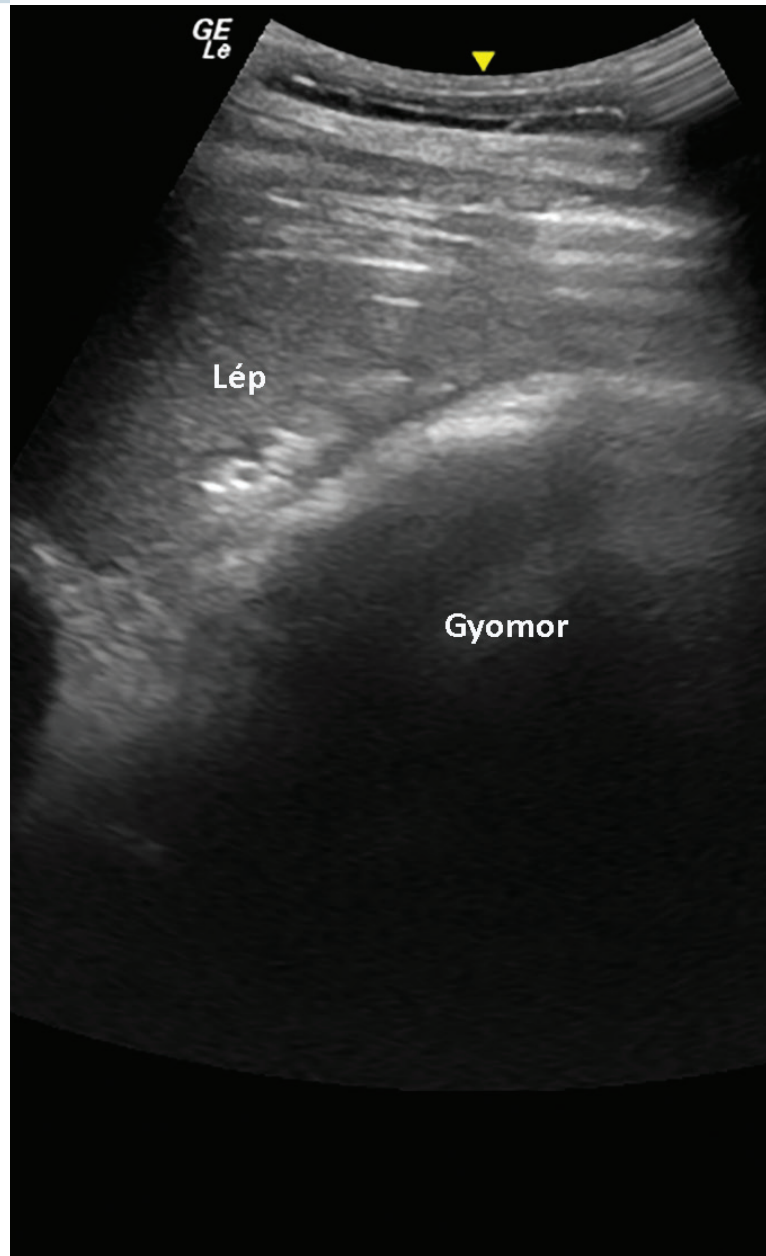
XXXI. Buiatrikus Világkongresszus Madrid, Spanyolország, 2022. szeptember 4–8.

XXI. Közép-Európai Buiatrikus Kongresszus Stare Jablonki, Lengyelország, 2022. május 19–22.

„MASETA Ősz 2022” címmel megtartott sertésegészségügyi szakmai konferencia –2022. november 3.

## KÖNYVISMERTETÉS

Solti László: „A házi emlősállatok szaprodása” című egyetemi tan- és szakkönyv





**Hirdetési felületek már 60 000 Ft-tól**

Többszöri megjelenés esetén további engedményeket biztosítunk

# Hirdessen Ön is a Magyar Állatorvosok Lapja c. tudományos-szakmai folyóiratban!

Most kedvező áron tesszük közzé hirdetését!

Felület	Méret (mm)	Nettó ár (Ft)					
1/1	200 X 285	130 000					
1/2	200 X 142	110 000					
1/3	200 X 95	75 000					
1/4	200 X 70	60 000					
B2, B3, B4	200 X 285	155 000					
PR	-	100 000					



Bővebb információért keresse kollégáinkat a lenti elérhetőségek bármelyikén:  
 Postacím: Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft.  
 1223 Budapest, Park u. 2.  
 Telefon: 06-1/362-8100  
 E-mail: info@agrarlapok.hu

## LÓ / EQUINE

3. Kőrös B., Mikó P., Stirminszki R., Kocsis F., Biksi I., Kelemen Zs., Földvári-Nagy Cs., Bakos Z.: Idült gyomormegterhelés és gyomortágulat lovakban: 5 klinikai eset bemutatása  
B. Kőrös, P. Mikó, R. Stirminszki, F. Kocsis, I. Biksi, Zs. Kelemen, Cs. Földvári-Nagy, Z. Bakos: The incidence of chronic gastric impaction and dilatation in horses: five clinical case reports

## BAROMFI / POULTRY

19. Bóna M., Tatár-Kis T., Mándoki M., Farsang A., Kiss I.: A H9N2 altípusú madárinfluenza-vírus növekvő jelentősége a világban  
Irodalmi összefoglaló  
M. Bóna, T. Tatár-Kis, M. Mándoki, A. Farsang, I. Kiss: Increasing impact of H9N2 avian influenza virus in the world  
Literature review

## ÁLLATHIGIÉNYIA / ANIMAL HYGIENE

47. Kovács L., Bánáti L., Könyves L.: Alomkezelési módszerek a nagyüzemi állattartási gyakorlatban  
Irodalmi összefoglaló  
L. Kovács, L. Bánáti, L. Könyves: Litter management techniques in large-scale livestock farming  
Literature review

## ÁLLATTENYÉSZTÉS / ANIMAL BREEDING

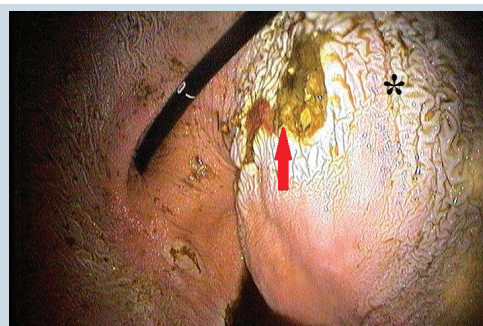
55. Gáspárdy A., Tully E., Harmat L., Szabó L., Hegedűs L., Maróti-Agóts Á., Zenke P.: A kecskeméti sárgafejű juh összetett filogenetikai hátterének és haplotípus-diverzitásának feltárása az mtDNS kontrollrégiója alapján  
A. Gáspárdy, E. Tully, L. Harmat, L. Szabó, L. Hegedűs, Á. Maróti-Agóts, P. Zenke: Exploring the complex phylogenetic background and haplotype diversity of the Yellow-faced sheep of Kecskemét based on the mtDNA control region

## BESZÁMOLÓK

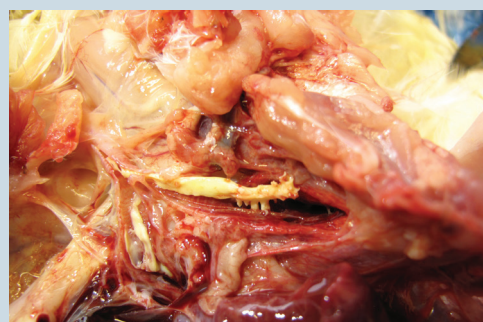
16. Beszámoló a XXXI. Buiatrikus Világkongresszusról Madrid, Spanyolország, 2022. szeptember 4–8.
18. Beszámoló a XXI. Közép-Európai Buiatrikus Kongresszusról Stare Jablonki, Lengyelország, 2022. május 19–22.
40. Beszámoló a „MASETA Ősz 2022” címmel megtartott sertéségeszségügyi szakmai konferenciáról – 2022. november 3.

## KÖNYVISMERTETÉS

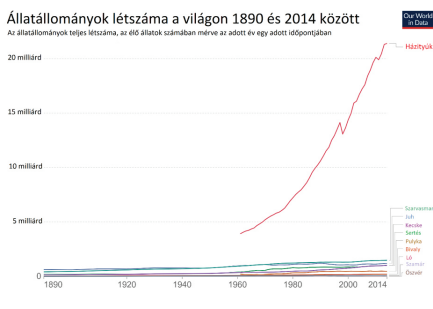
- Solti László (szerkesztő és szerző): „A házi emlősállatok szaprodása” című egyetemi tan- és szakkönyv



8. Gyomorfekély lóban



31. Súlyos H9N2-fertőzés csirkében



49. Állatállományok létszámának változása



57. Kecskeméti sárgafejű kos

A folyóiratot indexeli és referálja/The journal is indexed and abstracted by: CAB Abstracts (CABI), Science Citation Index Expanded, Zoological Record, BIOSIS previews (Thomson Reuters), Scopus (Elsevier).  
Tartalom/Contents: Current Contents – Agriculture, Biology & Environmental Sciences (Thomson Reuters)

Ingyenes mutatószám kérhető a főszerkesztőtől/Free sample copies are available from the editor-in-chief: H-1078 Budapest, István utca 2. Hungary  
Megrendelhető a fenti címen a szerkesztőségtől/  
Subscription orders to the Editorial Office (address above)

\*\*\* Internet address  
(English contents pages, subscription price, etc.)  
<http://www.univet.hu/mal>



### Holló Ferenc külföldi szerkesztőtársai körében

„...boldog és büszke vagyok arra, hogy minden tölem telhető megtettem, hogy az elődeink által kijelölt utat járjam, és szinte rögeszmémé, szenvedélyemmé, egyben hobbimmá vált a szerkesztés. Így a továbbképzés, önképzés rendszerének aktív részese lehettem.” – szól hozzánk HOLLÓ FERENC (1923–1997) kéziratban maradt beszédében, amelyet aranydiplomája átvételekor mondott volna. Negyedszázada, 1997. december 4-én hunyt el, egy nappal az ünnepség előtt.

1949-ben KOTLÁN SÁNDOR, a legkiválóbb mester mellett kezdett a *Magyar Állatorvosok Lapja* szerkesztőjeként dolgozni, amit – 1961-től főszerkesztőként – haláláig folytatott. Egy szerkesztőségnek mindig van egy szerzőkből, hírvivőkből, érdeklődőkből kialakuló holdudvara. Egy szakfolyóirat esetén ez a holdudvar jószerevével az egész szakmára kiterjed. Ennek a szakmai-információs-baráti hálózatnak a közepén pedig a szerkesztő áll, aki mindenkit ismer, mindenhol jelen van, és akinek az ajtaja mindenki előtt nyitva áll.

HOLLÓ FERENC igaz, humanista, barátságos ember volt. Tökéletesen látta el feladatát. Az emberi kapcsolatok építése mellett, széleskörű általános műveltség és szakmai tájékozottság jellemezte. Figyelte a nemzetközi trendeket, nyelvtudása révén rövid hírekben, összefoglalókban tudósított ezekről, és aktívan kereste a hazai eredményeket is, amelyek megírására ösztönözte kollégáit. Elismert volt stílusérzéke, és sokat tett a magyar állatorvosi szaknyelv műveléséért, többek között az *Állatorvosi értelmező szótár* kiadásával, amit GALLYAS CSABÁVAL szerkesztett.

Működése idején a *Magyar Állatorvosok Lapja* magyar nyelvű folyóiratként bekerült a nemzetközileg jegyzett, impaktfaktoros periodikák közé. Tagja volt az állatorvosfolyóirat-szerkesztők nemzetközi grémiumának is. Képünk 1987. május 25-én a hazai állatorvosképzés 200 éves évfordulójának megünneplésére érkezett külföldi szerkesztőtársak körében mutatja HOLLÓ doktort (jobbról a második). A *Der Praktische Tierarzt* főszerkesztője, dr. HORST HAGENLOCHER, aki a ravatal melletti búcsúztatójában HOLLÓ FERENC emberi kvalitásait méltatta, utalt arra, hogy II. világháborús szenvedései dacára előítéletek nélkül vett részt a német-magyar állatorvosi együttműködés szervezésében: „Megragadta a kinyújtott kezét azzal a tudattal, hogy a jövő a népek és az emberek barátságáé és nem a közömbösségé és az ellenségeskedésé.” Emlékezzünk ezzel a gondolattal a 100 éve született HOLLÓ FERENCRE.

Orbán Éva

### FŐSZERKESZTŐ / EDITOR-IN-CHIEF

Dr. BALKÁ Gyula

### SZERKESZTŐBIZOTTSÁG / EDITORIAL BOARD

Dr. Abonyi Tamás  
 Dr. Balka Gyula (elnök), Dr. Bándy Pál  
 Dr. Bíró Ferenc, Dr. Bodó Gábor  
 Dr. Búza László, Dr. Dunay Miklós Pál  
 Dr. Farkas Róbert, Dr. Fekete Sándor György  
 Dr. Fodor László, Dr. Gál János  
 Dr. Gálfi Péter, Dr. Gönczi Gábor  
 Dr. Jakab Csaba, Dr. Jerzsele Ákos  
 Dr. Korzenszky Emőd, Dr. Laczay Péter  
 Dr. Magyar Tibor, Dr. Manczur Ferenc  
 Dr. Molnár Viktor, Dr. Nagy Béla  
 Dr. Nemes Imre, Dr. Németh Tibor  
 Dr. Ózsvári László, †Dr. Sályi Gábor  
 Dr. Seregi János, Dr. Solti László  
 Dr. Sótonyi Péter, Dr. Szieberth István  
 Dr. Tóth Balázs, †Dr. Tuboly Tamás  
 Dr. Varga János, †Dr. Vetési Ferenc  
 Dr. Visnyei László, Dr. Vörös Károly

### SZERKESZTŐSÉGI TITKÁR

Tóth Zsuzsanna

### SZERKESZTŐSÉG / EDITORIAL OFFICE

H-1078 Budapest, István u. 2. Hungary  
 Levélcím: 1400 Budapest 7. Pf. 2.  
 Telefon/fax: (36-1) 341-3023  
 Internet: <http://www.univet.hu/mal>  
 E-mail: [mal@univet.hu](mailto:mal@univet.hu)

### KIADÓ / PUBLISHER

Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft.  
 H-1223 Budapest, Park u. 2.  
 Telefon: (36-1) 362-8130  
 Telefax: (36-1) 362-8104  
 Internet: [www.agrarlapok.hu](http://www.agrarlapok.hu)  
 E-mail: [info@agrarlapok.hu](mailto:info@agrarlapok.hu)  
 Felelős kiadó: Bozzay Péter ügyvezető

### HIRDETÉSEK FELVÉTELE

Telefon: (36-70) 232-4231, (36-1) 362-8130  
 Telefax: (36-1) 470-0410  
 E-mail: [info@agrarlapok.hu](mailto:info@agrarlapok.hu)

Minden jog fenntartva. A lapból értesítéseket átvenni csak a Magyar Állatorvosok Lapjára való hivatkozással lehet. A hirdetések és egyéb reklámkiadványok tartalmáért a kiadó felelősséget nem vállal.

### LAPTERV

made by zwoelf – [www.zwoelf.hu](http://www.zwoelf.hu)

### TERVEZŐSZERKESZTŐ

Markovics Réka

### NYOMÁS

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

INDEX: 25531  
 HU ISSN 0025-004X

### LAPTULAJDONOS



### KIADÓ



The incidence of chronic gastric impaction and dilatation in horses: five clinical case reports

B. Kőrös<sup>1</sup>

P. Mikó<sup>1</sup>

R. Stirminszki<sup>1</sup>

F. Kocsis<sup>1</sup>

I. Biksi<sup>2</sup>

Zs. Kelemen<sup>1\*</sup>

Cs. Földvári-Nagy<sup>1‡</sup>

Z. Bakos<sup>1</sup>

# Idült gyomormegterhelés és gyomortágulat lovakban: 5 klinikai eset bemutatása

Kőrös Bianka<sup>1</sup>, Mikó Péter<sup>1</sup>, Stirminszki Réka<sup>1</sup>, Kocsis Flóra<sup>1</sup>, Biksi Imre<sup>2</sup>, Kelemen Zsófia<sup>1\*</sup>, Földvári-Nagy Csaba<sup>1‡</sup>, Bakos Zoltán<sup>1</sup>

1. Állatorvostudományi Egyetem, Lógyógyászati Tanszék és Klinika, 2225 Üllő, Dóra-major

e-mail: koris.bianka@univet.hu

2. Állatorvostudományi Egyetem, Haszonállat-diagnosztikai Központ, 2225 Üllő, Dóra-major

\* Jelenlegi munkahely: Bécsi Állatorvosi Egyetem, Ló és Társállatok Tanszék, Egyetemi Lóklinika, Lósebészet Részleg, Bécs, Ausztria

‡ Jelenlegi munkahely: magánállatorvos

## ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők ebben a tanulmányban irodalmi áttekintést követően öt, idült gyomormegterheléssel és gyomortágulattal diagnosztizált ló kórlefolyását mutatják be, amelyeket az üllői Lógyógyászati Tanszék és Klinikán kezeltek 2019 és 2021 között. A lovak változatos tüneteket mutattak: enyhe vagy hevesebb kólikás nyugtalanságot, idült testtömegvesztést, étvágytalanságot, regurgitációt, hasmenést. A diagnózisra a kórelőzmény, a fizikális vizsgálat és a kiegészítő diagnosztikai vizsgálatok alapján következtettek. Míg rectalis vizsgálattal két esetben volt tapintható a megnagyobbodott, tartalommal teli gyomor, addig ultrahangvizsgálat során minden lóban diagnosztizálható volt a gyomor megnagyobbodása. Gasztroszkópos vizsgálattal három egyedben sikerült megerősíteni a diagnózist. A leírt öt esetből hosszabb távon két ló maradt életben, de egy éven belül ezek is végleges elaltatásra kerültek.

## SUMMARY

**Background:** Chronic gastric impaction and dilatation (CGID) in horses is a rare and poorly described disease. It is characterised by excessive accumulation of dehydrated ingesta in the stomach that does not clear after an appropriate fasting period. It can be identified as a primary or secondary condition, and because of the non-specific signs it can develop during months or years. The diagnosis is challenging, and the post-mortem and histopathological examinations also often fail to provide an explanation.

**Objectives:** The aim of the current study was to review the published data and describe the clinical findings, treatment and outcome of horses diagnosed with CGID. The horses were treated at the Department and Clinic of Equine Medicine, University of Veterinary Medicine Budapest, between 2019 and 2021.

**Materials and Methods:** In this three-year long period five horses were diagnosed with chronic gastric impaction and dilatation by the data derived from the history, physical examination, rectal palpation, abdominal ultrasonography, and gastroscopy. All horses were treated conservatively with parenteral and enteral fluid therapy, as well as gastric lavage repeated several times.

**Results and Discussion:** The horses were showing mild colic signs or anorexia, but regurgitation and decreased body condition also occurred. In two cases, the impacted stomach could be palpated rectally, in three cases the diagnosis was confirmed by gastroscopy, but the dilated stomach was visible on the left side of the abdomen during ultrasonography in all cases. Two horses were euthanised due to the grave prognosis, three were discharged from the hospital, but all of them died within a year. Necropsy was done in two cases.

LÓ

Az idült gyomormegterhelés és -tágulat (chronic gastric impaction and dilatation, CGID) lovakban egy ritka és kevésbé definiált kórkép, amely a gyomorban folyamatosan felhalmozódó dehidrált takarmány miatt alakul ki, ami koplaltatás ellenére sem ürül. A koplaltatási idő tekintetében a szakirodalomban eltérő adatok találhatók (12–24 óra) [1–5]. Az elváltozás hosszú idő, rendszerint hónapok, vagy akár évek alatt alakul ki. Ezt a gyomor folyamatos adaptációja teszi lehetővé [5–6]. Az újabb kutatások során a gyomorfallal hypertrophiáját, a gyomor üregének kitágulását, valamint idült nyálkahártyafekélyek kialakulását tapasztalták, amelyek mind az elváltozás krónikus jellegét bizonyítják [3, 7]. Ezzel szemben HUTYRA és MAREK korábbi leírásaiban a gyomorfallal folyamatos adaptációja során nem észleltek hypertrophiát [7].

**Az idült gyomormegterhelést és -tágulatot a gyomorban felhalmozódó, koplaltatásra sem ürülő takarmány okozza**

A gyomorban felhalmozódott takarmány összömege 35–122 kg között is mozoghat, ennek ellenére a lovak legtöbbször csak későn és ritkán mutatnak tüneteket [6]. Egyes tanulmányok szerint idősebb lovakban gyakrabban alakul ki a kórkép [5], míg más kutatások hidegvérű és fríz fajtájú lovak predispozícióját állapították meg [7–9]. A prognózis a legtöbb esetben kedvezőtlen [7, 10].

Egy egészséges ló gyomrának fiziológiás befogadó képessége 8–15 liter között változik. Mivel regurgitáció a cardia erős záróizmai miatt ritkán alakul ki, a gyomor hamar eléri maximális kapacitását. Ha a gyomor telítődése lassan, hosszú idő alatt alakul ki, a szerv adaptálódik és kialakulhat az idült gyomormegterhelés és gyomortágulat kórképe. Amennyiben a telítődés gyorsan jön létre – legyen az reflux vagy hirtelen, nagy mennyiségben felvett takarmány miatt –, az a gyomor fatális megrepedéséhez vezethet [5].

Az akut és a krónikus forma a tünetek alapján ritkán különíthető el, ugyanis a lovak sok esetben csak akkor mutatnak tüneteket, mikor a gyomorfallal integritása már sérült, esetleg megszűnt [3]. Azonban krónikus esetekben a gyomortágulat továbbra is fennmarad, annak ellenére, hogy a kiváltó ok megszűnik és a gyomortartalom eltávolításra kerül [4], ill. *post mortem* vizsgálatok során a gyomorfallalban igazolhatóvá válik az izom hypertrophiája és hyperplasiája, valamint fibrosis jelenléte [3].

A kórfejlődés szempontjából elsődleges és másodlagos gyomormegterhelést különböztethetünk meg [1–5]. Az *elsődleges gyomormegterhelés* spontán alakul ki és nincs kapcsolatban más betegségekkel vagy korábbi sérülésekkel. Ebben az esetben szükséges minden egyéb kórkép kizárása, mely a tranzitsebességet lassítja, akár diagnosztikai laparoscopia vagy laparotomia, ill. kórbonctani vizsgálat segítségével [3].

Ezen elsődleges kórforma kialakulásához vezethet a túlzott mértékű, gyors takarmányfelvétel, főleg, ha a takarmány a gyomorban megduzzad vagy fermentálódik (pl.: cukorrépa- vagy szénapellet) [4]. Ritkább esetekben beidegzési zavar állhat a háttérben, mely a gyomor ürülését és tartalmának fiziológiás keveredését befolyásolja [5]. Predisponáló tényezők között szerepelnek a fogászati problémák, a rossz minőségű vagy magas rosttartalmú, olykor emészthetetlen takarmány felvétele, az alomszalma elfogyasztása és a nem megfelelő vízfelvétel is [1, 3, 5].

A *másodlagos kórforma* kialakulását a bélrendszer bármely szakaszán létrejött zavar okozhatja, mivel lovakban a legtöbb bélelváltozás képes befolyásolni a motilitást [1]. Létrejöhethet vékonybélileust követően a visszaáramló reflux hatására, májproblémák okozta hyperammonaemia miatt [5], gyomorfekély következtében, vagy akár veleszületett pylorusstenosis által is [1, 2, 7, 11]. Emellett a levegőnyelés is hajlamosítja a gyomor atóniájára [5] és tágulására [6]. Továbbá érdemes megjegyezni, hogy egyes kólikás betegeknek, ha a takarmányozást túl korán kezdik el, késleltetett gyomorürülés alakulhat ki a motilitás zavara miatt [6].

A tünetek igen változatosak, sokszor jellegtelenek, de a gyomor teltségétől függően változhatnak, így egyes esetekben az akut gyomormegterhelés tüneteivel is hasonlíthatnak [7]. Tapasztaltak többek között kellemetlen szagú böfögést, fogcsi-

**Az elsődleges gyomormegterhelés spontán alakul ki és nincs kapcsolatban más betegségekkel vagy korábbi sérülésekkel**

**A másodlagos kórforma kialakulását a bélrendszer bármely szakaszán létrejött zavar okozhatja**

**A tünetek igen változatosak, sokszor jellegtelenek, és a gyomor teltségétől függően változhatnak**

**Az orr-nyelőcső szonda levezetése olykor nehézkes, gyomortartalom ritkán ürül spontán módon**

**A diagnózis felállításához legtöbbször ultrahangvizsgálat és/vagy gasztroszópia szükséges**

korgatást, nyálzást, súlyvesztést, teljesítménycsökkenést, takarmányozást követő enyhe kólikás tüneteket [5], vagy akár hirtelen kialakuló erőteljes kólikás nyugtalanságot is [1, 3]. Továbbá visszatérő enyhe hasi diszkomfort jelei, dysphagia, csökkent bélsármennyiség, láz, letargia, izomremegés, adipsia, gyenge szőrzetminőség, tachypnoe és leukopenia is szerepelhet a tünetek között [1]. Olykor a mellkas bal oldala domborúbbnak tűnhet a jobb oldalhoz képest [5, 7], vagy a hasüreg ventralis kiteltsége, akár hasalji ödéma is megfigyelhető [7].

A kórelőzmény alapján már felvetődhet a gyomormegterhelés gyanúja, amennyiben a ló mostanában hozzáférhetett rossz minőségű, magas rosttartalmú takarmányhoz, cukorrépapellethez, vagy az amerikai kontinensen gyakorta előforduló datolyaszilvához, továbbá, ha hosszabb ideje fennálló, változatos tüneteket mutat, főleg, ha azok étvágytalansággal társulnak [2].

A fizikális vizsgálat során kóros elváltozás legtöbbször nem tapasztalható, de olykor a lovak letargikusak lehetnek, pulzusuk megemelkedett, a bélhangok intenzitása pedig csökkent mértékű lehet, valamint az orrnyílásokból takarmánnyal kevert váladék ürülhet [5].

Amennyiben az orr-nyelőcső szonda levezetése nehézkes, vagy rosszul emésztett takarmányt találunk a gyomorban, mindenképpen érdemes felvetni a gyomormegterhelés lehetőségét. A szondát levezetve tartalom spontán módon ritkán ürül [5].

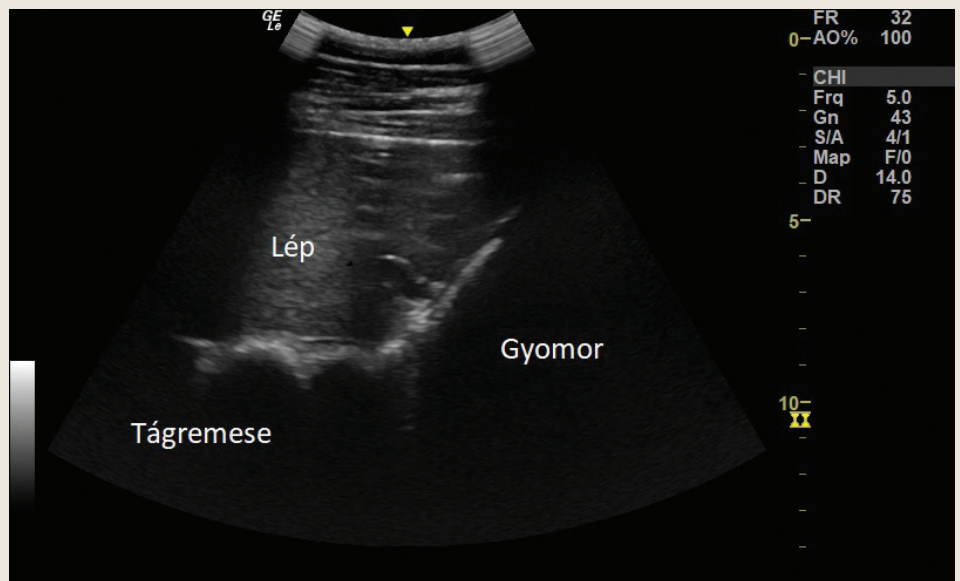
Amennyiben a gyomortartalom meghaladja a 30–35 litert, a gyomor rectalis vizsgálat során is tapinthatóvá válhat [7]. Ebben az esetben legtöbbször egy tömött tapintatú masszával telt konvex, lekerekedett képlet tapintható a hasüreg bal oldalán. Ilyenkor a lép caudomedialis elmozdulása is megfigyelhető [2, 7].

A diagnózis felállításához legtöbbször kiegészítő diagnosztikai eszközök használatával jutunk el. A transzcutan abdominalis ultrahangvizsgálat egy noninvaszív, egyszerű és gyors diagnosztikai módszer, amely elvégzéséhez 3,5 MHz frekvenciájú konvex ultrahangfej használata ajánlatos. Egészséges lóban a gyomor fala a hasüreg bal oldalán képezhető le, egy echodús, félhold alakú, részlegesen kettőzött vonalakkal álló képletként, amely a léptől medialisan, a tüdőtől ventralisan helyeződik (1. ábra). Akusztikus ablaka a 8–9. és 12–13. (egy-egy leírásokban 15.) bordaköz között található meg, de a gyomornak normál esetben nem szabadna több, mint 5 bordaközt lefednie [5, 6, 12]. A gyomortartalom a folyadék kivételével nem vizualizálható. Gyomorürülési zavar esetén, gáz és szilárd tartalom jelenlétekor az echodús faltól medialisan akusztikus árnyékot látunk, továbbá megfigyelhető a gyomorfallal dorsocaudalis eltolódása, valamint annak kevésbé ívelt alakja a gyomor átmérőjének megnagyobbodása miatt [7].

**1. ÁBRA.** Transabdominalis ultrahangfelvétel egészséges lovon, a bal oldalon a 11. bordaköz magasságában

A sima felszínű gyomor a léptől medialisan, annak hilusa mellett található. A gyomor mellett megfigyelhető a tágremesefekvet is

**FIGURE 1.** Transabdominal ultrasound examination on a healthy horse in the 11th intercostal space. The stomach is medial to the spleen, next to the hilus. Its surface is smooth in contrast with the large colon



Gasztroszkópos vizsgálat során egészséges lovakban is találkozhatunk a gyomor üregét kitöltő dehidrált képlettel [2]. Egy tanulmány alapján csak abban az esetben mondható ki a krónikus gyomormegterhelés diagnózisa, amennyiben 16 óra koplaltatást követően is olyan mennyiségű gyomortartalom van jelen, amely a margo plicatus megjelenítését zavarja [1].

Az eddig említett diagnosztikai eszközök mellett lehetőség van kontrasztos röntgenfelvételek elvégzésére, műanyag (pl.: poliszitirén) gömbök tranzitidejének megmérésére, radiodenz jelzőanyagok követésére,  $^{13}\text{C}$ -oktánsav kilégzési mennyiségének mérésére vagy nukleáris szcintigráfia elvégzésére a gyomorürülés sebességének meghatározásához. Ez utóbbi vizsgálat alapján, becslések szerint 12 órára tehető a gyomor teljes kiürülése egészséges lóban [11]. Ugyanakkor számos esetben diagnosztikai laparotomia vagy kórbonctani vizsgálat nélkül nem jutunk definitív diagnózishoz [1].

A kezelés során elsődleges szempont a gyomortartalom eltávolítása és a gyomorrepedés megelőzése. Ehhez a gyomor óvatos, ismételt mosása és dekompresziója szükséges orr-nyelőcső szondán keresztül, folyamatos koplaltatás mellett [5, 13].

Az enteralis folyadékterápia hatékonynak bizonyult a gyomorban összeállt takarmány fellazításában gyomormegterhelés esetében, csakúgy, mint tágremese-obstipáció konzervatív kezelése során. Orr-nyelőcső szondán keresztül akár 2 óránként adhatunk csapvíz és különböző sók ( $\text{NaCl}$ ,  $\text{KCl}$ ,  $\text{MgSO}_4$ ) elegyét tartalmazó folyadékot, amelyet parenteralis infúziós terápiával és intravénásan adott nem-szteroid gyulladáscsökkentőkkel egészíthetünk ki. Ugyanakkor fontos megjegyezni, hogy teljes gastrointestinalis obstrukció esetén az enteralis terápia kontraindikált [1]. Az ásványi olajok (pl.: paraffinolaj) hatásosságát gyomormegterhelés esetén eddig nem sikerült bizonyítani [1, 4], ahogy a rectalis folyadékterápia hatásosságáról sem található még szakirodalmi leírás lovakban.

A humán gyógyászatból átvett diétás kóla üdítőitallal végzett enteralis terápia több esetben is sikeresnek bizonyult a gyomorban kialakult fitobezoár feloldása során [4, 9, 14]. A dózist a humán adatok alapján következtették ki, de jóval nagyobb mennyiségben adagolt üdítővel a sikeres kezelés esélye növelhető [4]. A kóla eredményességét savasító hatásának tulajdonítják, valamint feltételezhető a szén-dioxid penetrációja az összeállt tartalomba, ami elősegíti a rostbontást [14]. Mellékhatásként előfordulhat patairha-gyulladás, esetleg koffein-túladagolás, de ezek esélye elhanyagolható, és eddig még nem számoltak be ilyen jellegű komplikációkról [4].

Prokinetikumok alkalmazása csak enyhe esetekben, ill. a gyomor kiürítését követően ajánlott, hogy elkerüljük a gyomor megrepedését. Ezek a készítmények segítik a takarmány továbbítását a bélrendszeren keresztül, koordinált motilitás létrehozásával [7].

Több kutatás is azt bizonyítja, hogy a gyomor egyszeri kiürítése krónikus esetekben nem hoz hosszú távú eredményt, mivel az ismételt kialakulás gyakori. Ezért megfontolandó szájon át adható, metoklopramid hatóanyagú készítmény hosszú távú alkalmazása, akár a kórházi kezelést követően is, mivel ilyen esetekben a klinikai javulás egyértelmű volt, annak ellenére, hogy a gyomor nagysága ultrahangvizsgálat során nem változott jelentősen [7].

Amennyiben a konzervatív terápia nem bizonyul sikeresnek, többféle, de ritkán alkalmazott sebészi megoldás is létezik. Kevésbé invazív módszer, ha altatásban, medián laparotomia elvégzését követően a gyomor masszálása közben orr-nyelőcső szondán át végzett gyomormosással segítjük a gyomortartalom távozását [2].

A gastrotomia előnye, hogy lehetővé teszi a gyomor teljes kiürítését, akár nagyobb mennyiségű tartalom esetén is, és hozzájárul a pylorustájék teljes körű vizsgálatához. Hátránya, hogy mivel a gyomor nehezen elérhető, a kiürítés során nagy a hasüreg kontaminációjának kockázata és a következményes peritonitis kialakulásának esélye [2, 13].

**A kezelés során elsődleges szempont a gyomortartalom eltávolítása és a gyomorrepedés megelőzése folyamatos koplaltatás mellett**

**Prokinetikumok alkalmazása csak enyhe esetekben, ill. a gyomor kiürítését követően ajánlott**

**Végső esetben sebészi beavatkozás is szükséges lehet**



**Az utókezelés során nagy gondot kell fordítani a megfelelő takarmányozásra**

Az utókezelés során nagy gondot kell fordítani a megfelelő takarmányozásra. Elsődleges szempont a takarmányfelvétel idejének növelése, amelyet naponta több alkalomra elosztott, kisebb mennyiségű takarmányadagokkal, valamint széna-háló alkalmazásával érhetünk el. Amennyiben lehet, ajánlott a szálas takarmányt fűvel helyettesíteni, ill. legelőre engedni a lovat [7]. Ennél még jobb megoldás lehet, ha teljes értékű lótapot etetünk az állattal [személyes közlés: DR. TÓTH BALÁZS]. Alomanyagnak lehetőleg ne szalmát használjunk. Ajánlott a takarmány keményítőtartalmának csökkentése, hogy elkerüljük a fermentációt a gyomorban, ezért mérsékelt mennyiségű, nagy zsírtartalmú (8–10%) takarmány etetése indokolt lehet. Fontos, hogy megfelelő idő teljen el az etetés és a ló mozgatása között. Emellett a megfelelő mennyiségű és minőségű ivóvíz biztosítása sem elhanyagolható tényező. A vízfelvétel növelhető kézmeleg vízzel való vagy vödörös itatással, továbbá konyhasó-kiegészítéssel is (30–40 g/500 kg/nap) [7].

## 1. ESET

2019 januárjában egy 15 éves magyar sportló herélt érkezett az Állatorvostudományi Egyetem Lógyógyászati Tanszék és Klinikájára (LTK) belgyógyászati kivizsgálás céljából. A tulajdonosok pár hónapja enyhe, visszatérő kólikás tüneteket, étvágytalanságot tapasztaltak a lónál.

Érkezésekor a ló jó kondícióban volt (6/9), fizikális vizsgálattal kóros elváltozást nem tapasztaltunk. A hasúri ultrahangvizsgálat során közepes mennyiségben megszorodott hasúri folyadékot láttunk, valamint a hasüreg bal oldalán a gyomor egészen a 17. bordaközig követhető volt. A hasüreg próbacsapolását elvégezve, gyors cseppekben ürülő szalmasárga, áttetsző hasúri folyadékot nyertünk, amelynek vizsgált paraméterei (fehérvérsejtszám, összfehérje- és laktátkoncentráció) az élettani alapértékeken belül voltak. Rectalis vizsgálat során kórjelző értékű elváltozást nem tapasztaltunk. Gasztroszkópos vizsgálatot 12 óra koplaltatás után végeztünk, azonban akkor a takarmány a gyomrot a cardia magasságáig kitöltötte, és csak 4 napon át tartó, rendszeres gyomormosást és koplaltatást követően vált vizsgálhatóvá. A gyomor extrém módon kitágult volt, a nyelőcsői hámon hyperkeratosis és elszórtan, kisebb kiterjedésű fekélyek voltak láthatók (II/IV fokozat), a nyálkahártya megvastagodott és agytekervényszerű rajzolatot mutatott. A pylorus nem volt vizsgálható. Ekkor a gyomor térfogata ultrahangvizsgálattal a 16. bordaközig terjedt.

A ló 9 napot töltött a klinikán. Ez idő alatt több alkalommal mutatott kólikás tüneteket, amelyek butilszkopolamin-bromid és metamizol-nátrium (0,2 és 25 mg/ttkg iv., Buscopan Compositum inj., Boehringer Ingelheim, Németország), valamint flunixin-meglumin (1,1 mg/ttkg iv. BID, Meganyl inj., Syva, Spanyolország) hatóanyagú gyógyszerek beadását követően enyhültek. Orr-nyelőcső szondán keresztül több alkalommal részesítettük víz és poliionos sók keverékéből álló (összetétele adagonként: 26,35 g NaCl, 1,85 g KCl, 18,9 g NaHCO<sub>3</sub>; 280 mOsmol/l) enterális terápiában. A gyomor teljes kiürülését követően pelletált, áztatott táppal kezdtük meg a takarmányozását, valamint naponta egyszer ezomeprazol (2 mg/ttkg po. SID, Esomeprazol Sandoz tabl., Sandoz Hungária, Magyarország) hatóanyagú protonpumpagátló készítménnyel kezeltük, amelyet a hazatérést követően a tulajdonos további 1 hónapig folytatott.

A ló 4 hónappal később heves kólikás nyugtalanság miatt visszatért a klinikára. Gyomrából ekkor is jelentős mennyiségű, bűzös takarmány ürült a több órán át tartó gyomormosás során. A lónál tágremese-helyzetváltozást diagnosztizáltunk, amely konzervatív terápia hatására nem javult. A tulajdonos a sürgősségi kólikaműtétet nem vállalta, így a csillapíthatatlan fájdalmak miatt a ló végleges elaltatásra került. A ló visszaérkezéséig történő takarmányozásáról információ nem állt rendelkezésünkre a kézirat megírásakor.

**Egy 15 éves magyar sportló herélt visszatérő kólikás tüneteket és étvágytalanság jeleit mutatta**

**A jelentősen kitágult gyomrot fokozatosan kiürítették enterális folyadékpótlás mellett**

## 2. ESET

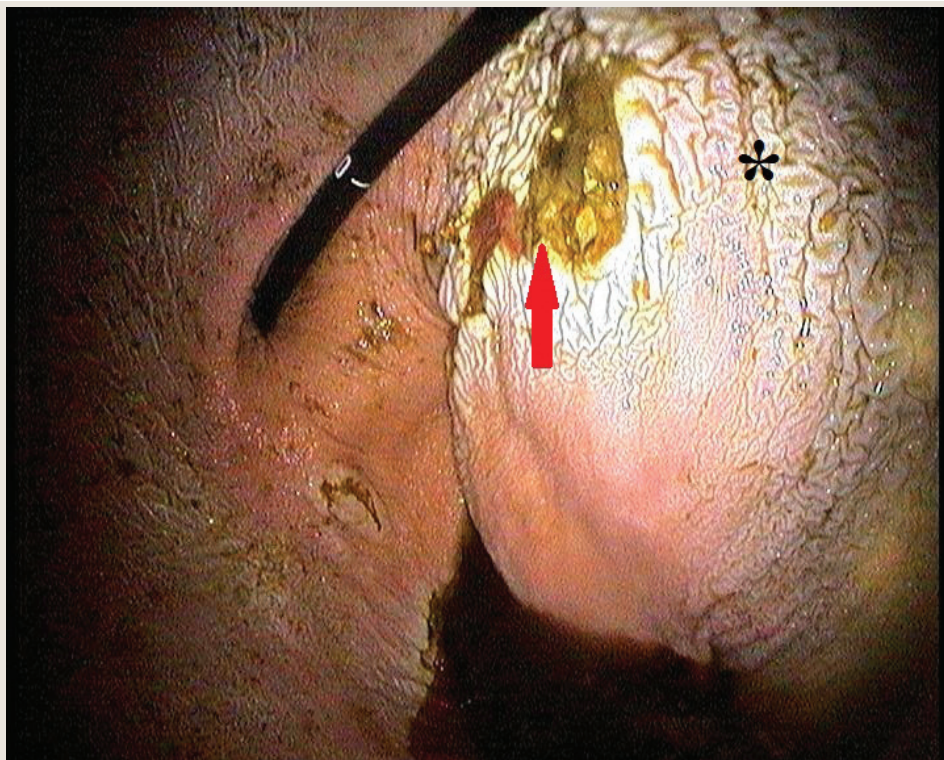
2019 áprilisában egy 10 éves magyar sportló kanca érkezett a klinikára, amelyet a beküldő állatorvos 3 napja hasmenés miatt enrofloxacin és flunixin-meglumin hatóanyagú készítményekkel kezelt, azonban a tünetek nem enyhültek, így a lovat a klinikára utalta.

Beérkezéskor a kanca nyugodt, érdeklődő volt, tápláltsági állapota megfelelő volt (4/9). Fizikális vizsgálat során az enyhén kipirult ajaknyálkahártyától és a csökkent bélmotilitástól eltekintve kóros elváltozást nem tapasztaltunk. Rectalis vizsgálat során kóros elváltozás nem volt tapintható. A hasüreg ultrahangvizsgálatával renyhén mozgó vékonybélkacsokat figyeltünk meg. A gyomor a hasüreg bal oldalán a 15. bordaközéig volt leképezhető. Hasúri próbacsapolás alkalmával kissé megszaporodott, világossárga, tiszta hasúri folyadékot nyertünk, amely transsudátumnak bizonyult. Az orr-nyelőcső szondát levezetve, azon keresztül gyomortartalom nem ürült, azonban az ezt követő gyomormosást több órán át folytattuk, amíg a folyadék megfelelően feltisztult. A gyomormosást követően kb. 6 órával a ló kólikás tüneteket mutatott, pulzusa megemelkedett (60/perc). Rectalisan kóros elváltozás nem volt tapintható, a hasúri ultrahangvizsgálat továbbra is renyhén mozgó vékonybélkacsokat igazolt. Gasztroszkópiát végeztünk, amelynek során a gyomor nagygörbülete mentén, a nyelőcsői hámon számos mély fekély volt látható (IV/IV. fokozat). A gyomor nyelőcsői szakaszán a hámréteg erősen megvastagodott, agytekervényszerű rajzolatot mutatott. Ezek a redők a gyomor levegővel való felfújása során sem simulnak ki. A pylorus a gyomor méretéhez képest aránytalanul kicsi, de átjárható volt. Az első alkalommal végzett gasztroszkópia során a gyomor kiscgörbületét kívülről egy bélszakasz benyomta, másnapra azonban ez az elváltozás megszűnt (2. ábra).

**Egy 10 éves magyar sportló kanca esetében a gyomortágulat mellett számos, mély nyelőcsői fekélyt figyeltek meg**

**2. ÁBRA.** A gasztroszkópos felvételen megfigyelhető a gyomor üregének deformációja, a nyelőcsői hámon mély, helyenként takarmánnyal fedett fekélyek láthatók (↑), továbbá a ki nem simuló nyálkahártyaredők (agytekervényszerű rajzolat\*) is leképezhetők (2. eset)

**FIGURE 2.** During gastroscopy, the deformity of the lumen was obvious, moreover deep ulcers covered with ingesta (↑) and profound folds (\*) could be seen on the squamous mucosa (Case 2)



A vizsgálatokat követően a ló még 24 órán keresztül koplalt, ezért iv. folyadékterápiában részesült (1%-os glükózinfúzió iv., 2 ml/ttkg/óra), amelyet metoklopramid hatóanyagú prokinetikus készítménnyel (0,04 mg/ttkg/óra iv., Cerucal inj., Teva Gyógyszergyár, Magyarország) egészítettünk ki, valamint megkezdtük az ezomeprazol adagolását (2 mg/ttkg po. SID) a gyomorfekély kezelése érdekében. A ló szívverésszáma a kezelés hatására normalizálódott és ezután folyamatosan javult az állapota, kólikás tünetet nem mutatott, ezért másnap fokozatosan megkezdtük takarmányozását áztatott szénapellettel, amelyet később a gyártó által javasolt adagolási útmutató szerint folytattunk. A ló 2 nap elteltével hagyta el a klinikát.

Tíz nappal később a ló ismét kólikás tüneteket mutatott, ezért újra a klinikára szállították. A fizikális vizsgálatot elvégezve enyhén emelkedett pulzusszám volt tapasztalható (52/perc), valamint csökkent intenzitású bélhangok voltak hallhatók mind a négy kvadránsban. Rectalis vizsgálat során a rectumban kevés, lágy bélsár volt, valamint a lép-vese szalag feszült, és a lép nem volt tapintható a hasfal mellett. Hasúri ultrahangvizsgálatot végezve bal oldalon a gyomor a 16. bordaközig volt leképezhető, a lép egészen ventralisan helyezkedett el és részben a hasüreg jobb oldalára tolódott át. Az érzéskor elvégzett gasztroszkópos vizsgálat során a szálas takarmányból összeállt gyomortartalom egészen a cardia magasságáig ért, lehetetlenné téve a vizsgálatot.

Gyomorszondázáskor tartalom nem ürült, ugyanakkor a gyomormosást több napon keresztül, naponta több alkalommal kellett elvégezni a gyomor teljes kiürítése céljából. Ez idő alatt iv. folyadékterápiában részesítettük a lovat (1%-os glükózinfúzió iv., 2 ml/ttkg/óra), amelyet kalcium-, magnézium- és foszfor- (0,02 ml/ttkg/óra iv., Tetanusan 50% inf., Bela-Pharm GmbH&Co.KG, Németország), valamint aminosav-kiegészítéssel (0,02 ml/ttkg/óra iv., Aminoven 10% inf., Fresenius Kabi Austria GmbH, Ausztria) láttunk el. Takarmányozását a gyomor teljes kiürülését követően fokozatosan kezdtük meg, kizárólag áztatott szénapellettel. Az infúziós terápiát a szakaszolt etetés megkezdését követően a vér triglicerid-szintjének függvényében folytattuk. A ló 20 nap elteltével hagyta el a klinikát, viszont kb. 1 hónappal később, ismételt kólikás tünetek miatt a tartási helyén véglegesen elaltatták.

### 3. ESET

2021 augusztusában egy 24 éves herélt magyar sportló érkezett a klinikára enyhe fokú hasi diszkomfort jeleivel, belgyógyászati kivizsgálás céljából. A beérkezés reggelén a ló enyhe kólikás tüneteket mutatott, valamint lágyabb trágyát ürített. A tulajdonos elmondása szerint a lónak több éve volt nehezített vizeletürítése munkavégzés során, valamint az utóbbi egy hónapban jelentős mértékben vesztett kondíciójából.

Beérkezéskor a ló nyugodt volt, kólikás tünetet nem mutatott. Tápláltsági állapota gyenge (3/9) volt, klinikai paraméterei a fiziológiás tartományban helyezkedtek el. A has alakja nem változott, viszont bélhangok mind a négy kvadránsban csökkent intenzitással voltak hallhatók. Rectalis vizsgálat során egy sima felszínű, benyomható tartalommal telt képletet tapintottunk a hasüreg bal oldalán a lép mellett. A lép caudomedialis, a bal vese enyhén ventralis irányban tolódott el. Hasúri ultrahangvizsgálat során a gyomor caudalis határa a 16. bordaközben volt. Rectalis ultrahangvizsgálat során a sima felszínű képlet megegyezett a transzabdominalisan megjelenített gyomor képével. A veséken makroszkópos elváltozás nem volt látható. Az orr-nyelőcső szondát levezetve tartalom nem ürült, viszont gyomormosás során nagy mennyiségű takarmány távozott. A gyomormosását aznap, valamint másnap is többször megismételtük, egészen addig, míg a leengedett tartalom fel nem tisztult. Hasúri próbacsapolás alkalmával kissé megsaporodott, sötétsárga, kissé zavaros folyadékot nyertünk. Citológiai

vizsgálat alapján régebb óta fennálló pangásos gyülem vált igazolhatóvá, amely másodlagos, nem-szeptikus gyulladás következményeként alakulhatott ki. A minta fehérvérsejtszáma 1,1 G/l volt, biokémiai vizsgálat során kóros elváltozást nem tapasztaltunk. Gasztroszkópos vizsgálatot az eszköz meghibásodása miatt nem állt módunkban elvégezni. Vizeletvizsgálattal elváltozást nem tapasztaltunk, a mért paraméterek az élettani tartományon belül voltak. A hematológiai és a biokémiai vizsgálatok kóros elváltozást szintén nem mutattak.

A ló a klinikán iv. flunixin-meglumint (1,1 mg/ttkg BID) kapott, valamint iv. folyadékterápiában részesítettük 1%-os glükóz oldattal (2 ml/ttkg/óra). A gyomor teljes kiürítését követően 2 óránként im. metoklopramidot (0,02 mg/ttkg) adtunk neki. Klinikai tartózkodása harmadik napján szakaszolt etetésébe kezdtünk, azonban aznap estére a ló kólikás nyugtalanságot mutatott. Orr-nyelőcső szondán keresztül 25 l spontán ürülő gyomortartalom volt leengedhető. Újabb gyomormosást követően iv. cseppinfúzió formájában folytattuk a metoklopramid adagolását (0,04 mg/ttkg/óra), valamint a gyomortartalmat orr-nyelőcső szondán keresztül rendszeresen leengedtük. A jelentős mennyiségű refluxra való tekintettel a lovat intenzív iv. folyadékterápiában részesítettük Ringer-laktát infúzióval (2 ml/ttkg/óra) és 1%-os glükózoldattal (2 ml/ttkg/óra). A kezelés hatására a ló állapota javulni kezdett, a leengedhető gyomortartalom mennyisége jelentősen csökkent, míg további egy nap elteltével több nem ürült. Szakaszolt etetését áztatott szénappalal ismételtelen megkezdttük. Ekkor az iv. adott metoklopramidot im. formára váltottuk (0,02 mg/ttkg). Az iv. folyadékterápiát további egy napig folytattuk. Ezt követően nem tapasztaltunk kólikás tüneteket, a ló formált bélsarat ürített és 10 nap elteltével elhagyta a klinikát. Információink szerint a ló kb. fél évvel később pusztult el súlyos fokú kólikás panaszok következtében.

#### 4. ESET

2021 októberében egy 19 éves sportló kanca érkezett a klinikára kólikás tünetek miatt. A tulajdonos elmondása szerint a ló kb. másfél hónapja sokat veszített a kondíciójából, de kólikás tüneteket eddig nem tapasztaltak nála.

A ló érkezéskor kedvetlen, kissé apatikus állapotban volt, kondíciója gyenge (3/9), szőrzete durva, fénytelen volt. Fizikális vizsgálat során emelkedett pulzusszámot (56/perc) és testhőmérsékletet (38,3 °C) tapasztaltunk, egyéb klinikai alapértékei a fiziológiás tartományban voltak. A has alakja kitélt, a hasfal pedig enyhén feszes volt. A hasüreg felett hallgatózva bélhangok egyik kvadránsban sem voltak hallhatóak. Rectalis vizsgálat során a rectumban pár, az átlagosnál szárazabb bélsárgolyót találtunk. A húgyhólyag jelentősen kitélt volt, amely a hasüreg áttapinthatóságát korlátozta. A hólyag alatt nehezen benyomható tartalommal telt tárgremesefekvet volt tapintható, valamint tömöttebb tapintatú bélsárgolyókat tartalmazó szűkremese-szakaszok voltak érezhetőek a hasüreg caudalis részében. Vizeletürítést követően az ismételt rectalis vizsgálat hasonló eredményre vezetett.

Ultrahangvizsgálattal megszaporodott mennyiségű hasúri folyadék volt látható, valamint ventralisan néhány paralitikus vékonybélkacsot képeztünk le, de fontos megjegyezni, hogy a vizsgálatot megelőzően a ló Buscopan-injekciót kapott. A gyomor a hasüreg bal oldalán a 15. bordaköz magasságáig volt kitélt, benne folyadék volt látható. Gyomorszondázás során 10 liter bűzös, barna színű, takarmánnyal kevert tartalom ürült spontán. Ezt követően gyomormosás történt kb. 80 liter vízzel, de jelentős mennyiségű szilárd tartalom nem távozott. Hasúri próbacsapolás alkalmával kifejezetten megszaporodott, halvány narancssárga, enyhén opálos hasúri folyadék volt nyerhető, melynek biokémiai paraméterei és sejtszáma a fiziológiás tartományon belül helyezkedtek el. A hematológiai és biokémiai vizsgálatok kóros elváltozást nem mutattak.

**Egy 19 éves sportló kanca kólikás tünetei a kezelés ellenére is súlyosbodtak, majd végleges elaltatásra került**

**A patológiai vizsgálattal gyomorában 32 kg száraz, összeállt, szálas takarmányt, ill. mélyre terjedő fekélyeket találtak**

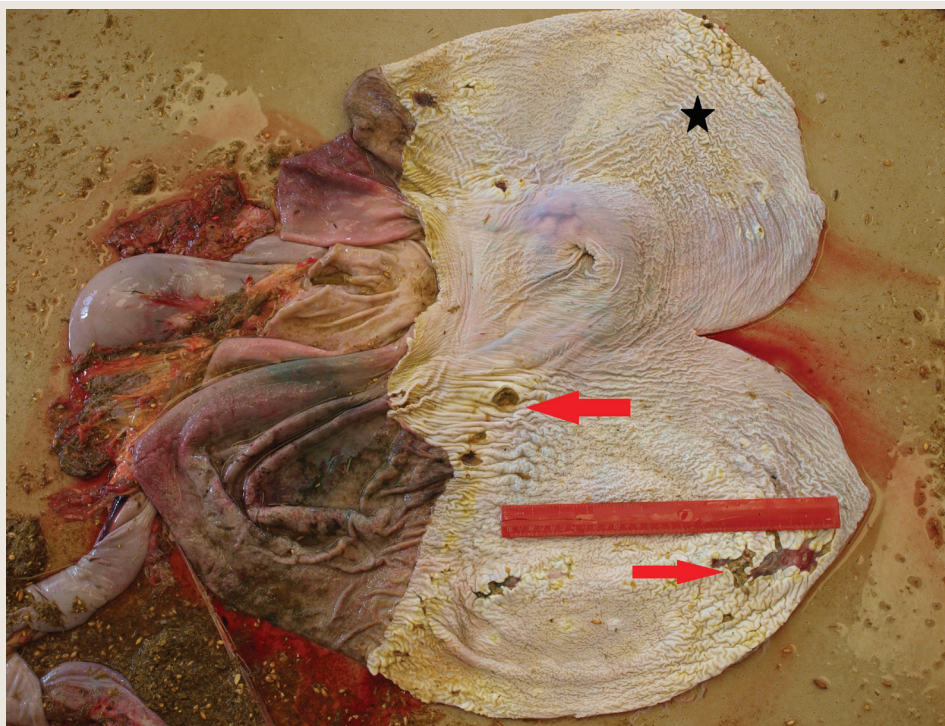
A ló a klinikán butilszkopolamin-bromid és metamizol-nátrium (0,2 és 25 mg/ttkg iv., Buscopan Compositum inj.) valamint flunixin-meglumin (1,1 mg/ttkg iv., Meganyl inj.) tartalmú készítményeket kapott, továbbá orr-nyelőcső szondán keresztül laxatívumokat, keserűsöt ( $MgSO_4$ , 1 g/ttkg) és paraffinolajat (4 ml/ttkg) adtunk neki. Ezen kívül Ringer-laktát infúzióval (2 ml/ttkg/óra) iv. folyadékterápiában részesítettük a kancát és im. 3 óránként metoklopramid hatóanyagú (0,02 mg/ttkg) prokinetikummal kezeltük.

A kezelés megkezdését követően pár órával a ló heves kólikás tüneteket mutatott. Szondán keresztül tartalom nem volt leengedhető. A prokinetikus szer adagolását azonnal megszüntettük, valamint a heves kólikás tünetekre való tekintettel további fájdalomcsillapítókkal, fenilbutazonnal (4 mg/ttkg iv., Phenylarthritis inj, Vetoquinol, Franciaország) és butorfanollal (0,04 mg/ttkg, im., Nalgosed inj, Bioveta a.s., Csehország) kezeltük a lovat, de a tünetek egyre súlyosabbá váltak, míg végül a ló elfekvő állapotba került. A tulajdonos nem vállalta a sürgősségi kólikaműtétet, ezért a beleegyezésével a ló végleges elaltatásra került.

A patológiai vizsgálat során a gyomor jelentős kiteltségét lehetett megfigyelni, benne kb. 32 kg tömegű, összeállt, száraz, legfőképpen szálas takarmányból felépülő tartalommal. A gyomor kiürítését és megtisztítását követően láthatóvá vált a nyelőcsői hám redőzöttsége, valamint ezen a területen több, mélyre terjedő fekély is feltűnt (IV/IV fokozat) (3. ábra). A tágremese ventralis fekvetében és medencei görbületében közepes fokú obstipációt diagnosztizáltak.

**3. ÁBRA.** A kiterített gyomor üregén fellelhető az agytekervényszerű rajzolat (\*), amely el nem simítható ráncokat vet. A nyelőcsői hámon számos mély fekély (↑) is látható (IV/IV fokozat). A mérőeszköz szemlélteti a gyomor valódi méretét (4. eset)

**FIGURE 3.** On the prepared stomach mucosa permanent uneven folds (\*) can be seen. On the squamous mucosa several deep ulcers (↑) can be detected (Grade IV/IV). The measuring instrument demonstrates the real size of the stomach (case 4)



## 5. ESET

**Egy hat hónapos sportló kanca csikó nyelőcső-eltömődés tüneteivel érkezett a klinikára**

Hat hónapos sportló kanca csikó érkezett a klinikára 2021 decemberében nyelőcső-eltömődésre jellemző tünetekkel. A tulajdonos elmondása szerint a csikó az utóbbi 3 napban nehezen nyelt, olykor regurgitált, ill. két napja nem látták trágyát üríteni. A csikót már két alkalommal féreghajtották különböző hatóanyagú készítményekkel (fenbendazol, ivermektin).

A csikó a beérkezéskor élénk volt, bár tápláltsági állapota életkorához képest gyengének tűnt, továbbá orrníllásaiban takarmány volt látható. Fizikális vizsgálá-

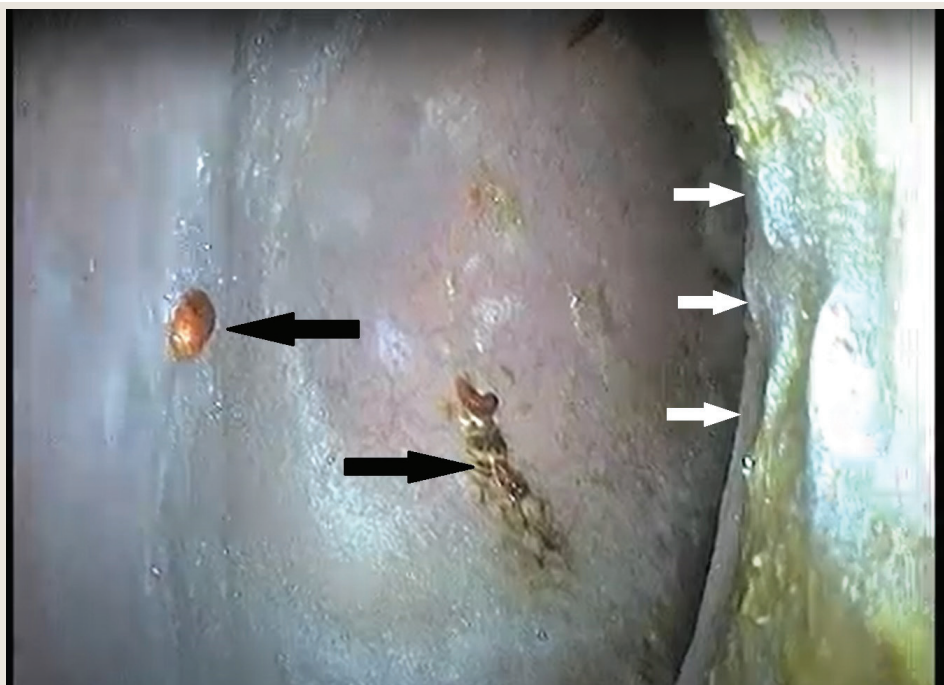
lat során egyéb kóros elváltozást nem tapasztaltunk. Rectalis vizsgálat során a szűkremesében pár darab, tömött tapintatú, száraz bélsárgolyót éreztünk. A lép caudomedialis irányban eltolódott, előtte nehezen benyomható tartalommal telve a gyomor is elérhető volt. A vizsgálat során a gyomorba levezetett orr-nyelőcső szonda szintén tapinthatóvá vált annak üregében.

Endoszkópos vizsgálat során az orrjáratok, a garat, valamint a légcső takarmánnyal szennyezettek voltak. A nyelőcső átjárhatónak bizonyult, nyálkahártyáján erózió nem volt látható, ugyanakkor motilitása jelentős mértékben csökkent mértékű volt. A gyomorban a cardia magasságáig összeállt takarmányt találtunk, amely jelentős mértékben eltakarta a margo plicatust, valamint lehetetlenné tette a pylorustájék vizsgálatát. A nyelőcsői rész vizsgálható területén számos *Gasterophilus* lárva volt jelen, továbbá a fedőhám hyperkeratotikus jelleget öltött (4. ábra). Ultrahangvizsgálat során a gyomor egészen a 16. bordaközéig volt lekövesíthető, mellette a lép caudalis irányban eltolódva helyezkedett el. Közepes mértékben megszorodott szabad hasúri folyadékgyülem és néhány paralitikus vékonybélkacs látszódott a ventralis és inguinalis tájékon. A vakbélben híg tartalom ábrázolódt. A tüdő felszínét vizsgálva azon elszórta, leginkább a cranioventralis régióban üstököcsöva műtermékek voltak megfigyelhetők. Hasúri próbacsapolást végezve gyors cseppekben ürülő, vörhenyes, átlátszatlan folyadékot nyertünk, amelynek fehérvérsejtszáma (344 G/l) és összfehérjeszintje (5 g/dl) jelentősen megemelkedett volt. Ezen értékek súlyos hashártyagyulladásra utalnak. Az orr-nyelőcső szondát levezetve tartalom nem ürült. Gyomormosást végeztünk, azonban több tíz liter folyadék felhasználását követően sem sikerült értékelhető mennyiségű gyomortartalmat eltávolítani. Parazitológiai vizsgálatot végeztünk a csikó bélsarából, ami jelentős mértékű parazita fertőzöttséget igazolt (>500 pete/g *Strongylida*-típusú pete).

**A hasúri tartalom vizsgálata súlyos hashártyagyulladásra utalt**

**4. ÁBRA.** A kitágult gyomor az összeállt takarmánnyal (fehér nyilak), valamint *Gasterophilus* lárvákkal (fekete nyilak) (5. eset)

**FIGURE 4.** The dilated stomach with impacted ingesta (white arrows) and *Gasterophilus* larvae (black arrows) on the stomach wall (Case 5)



A csikó iv. folyadékterápiában részesült (1%-os glükóz inf., 2 ml/ttkg/óra), amit kalciummal és magnéziummal (0,02 ml/ttkg/óra iv., Tetanusan 50% inf.), valamint aminosavval (0,02 ml/ttkg/óra iv., Aminoven 10% inf.) egészítettünk ki. Továbbá széles spektrumú antibiotikumterápiát kezdtünk amoxicillin-klavulánsav (8,75 mg/ttkg im. SID, Synulox RTU 140/35 mg/ml szuszpenziós inj. A.U.V, Haupt Pharma

Latina S.r.l., Olaszország), gentamicin (6,6 mg/ttkg iv. SID, Genta-100 inj., Interchemie werken "De Adelaar" BV, Hollandia) és metronidazol (35 mg/ttkg per rectum, BID, metronidazolium por) antibiotikumok kombinációjával. A kezelés részeként flunixin-meglumin hatóanyagú készítményt adtunk a csikónak (1,1 mg/ttkg iv. BID). Klinikai tartózkodása alatt az állat koplalt, gyomormosását naponta több alkalommal is elvégeztük, alkalmanként diétás kóla üdítőitallal próbáltuk oldani az összeállt takarmányt, de a kontroll gasztroszkópos felvételek alapján a takarmány mennyisége számottevően nem csökkent. Prokinetikumot az erősen kitelt gyomor miatt nem alkalmaztunk.

**A kezelés ellenére állapota romlott, majd véglegesen elaltatták**

Hat nap elteltével a csikó apatikussá vált, majd leizzadt, tachycardia, arrhythmia és magas láz (>40 °C) jelentkezett nála. Az orr-nyelőcső szondát levezetve spon-tán kb. 25 liter vörösbarna tartalom ürült. Hasúri ultrahangvizsgálatot végezve jelentős mennyiségű (kb. 5–7 cm), zavaros, echodús szemcséket tartalmazó hasúri folyadék volt látható. Abdominocentesist végezve barnás színű, kellemetlen szagú folyadékot nyertünk a hasüregből. A kilátástalan körjóslatra való tekintettel, a tulajdonos beleegyezésével a csikót véglegesen elaltattuk.

**A patológiai vizsgálat gyomorpedést és heveny, diffúz hashártyagyulladást igazolt**

A patológiai vizsgálat alkalmával gyenge tápláltsági állapotot, heveny, diffúz hashártyagyulladást, a gyomor nagygörbülete mentén életben keletkezett részleges, ill. ugyanitt több, kisebb területen teljes gyomorpedést állapítottunk meg. Egy helyen a folytonossági hiányt a gyomor üregébe jutott csepleszrészlet tamponálta. A margo plicatus mellett multiplex fekélyképződést lehetett megfigyelni.

## MEGVITATÁS

Esetismertetéseink az üllői Lógyógyászati Tanszék és Klinikára érkezett, krónikus gyomormegterhelésben és -tágulatban szenvedő lovak vizsgálati leleteit mutatják be. A lovak krónikus gyomormegterhelése ritka elváltozás. Egyes leírásokban a kólikás esetek 1,4%-ában sikerült diagnosztizálni [3]. A mi esetünkben 2019 és 2021 között 815 kólikás ló érkezett a klinikára, amelyekből 5 esetben diagnosztizáltunk krónikus gyomormegterhelést. Ez a kólikás betegek 0,6%-át jelenti, amely megfelel az irodalmi adatoknak [5]. A lovak kora alapján elmondható, hogy az idősebb, ill. középkorú egyedek voltak többségben, ami megfelel az irodalmi leírásoknak [5]. A lovak átlagéletkora 13,7 év volt. Fajták tekintetében kizárólag sportlovaknál diagnosztizáltuk ezt a kórképet az utóbbi 3 évben, amely ellentmond más tanulmányok következtetéseiének [7–9]. Feltehetően Magyarországon a sportlovak túlréprezentáltak más fajtákhoz képest, és ez okozhatta többségüket a vizsgálatunkban. A nemek tekintetében 3 kancánál és 2 herélnél alakult ki a gyomortágulat krónikus formája, a szakirodalmi adatok nem számolnak be a megoszlásról a nemeket illetően.

**A kórkép leginkább közép- és időskorú egyedekben jelentkezik**

A tünetek igen változatosak voltak. Öt lóból háromnál tapasztaltunk gyengébb kondíciót, kólikás tünetekről pedig 4 esetben számoltak be a tulajdonosok. Egy esetben jelentkeztek nyelőcső-eltömődésre utaló elváltozások, nehezített nyelés, regurgitáció és étvágytalanság, továbbá csökkent mértékű bélsárürítés. Ezek a tünetek megegyeznek a szakirodalmi leírásokkal [1, 3, 5, 7]. Két esetben lágyabb bélsár és hasmenés jelentkezett, melyre precedens a szakirodalmi forrásokban eddig nem volt.

Egy korábbi tanulmányban orális glükózfelszívódási teszt és rectalis biopszia segítségével sikerült bizonyítani lymphocytás-plasmasejtes gyulladással járó bélbetegség jelenlétét krónikus gyomormegterhelés diagnózisa mellett [1]. Feltehetően a jelenlévő gyulladás miatt a gyomor motilitása csökken, így másodlagosan kialakulhat a krónikus gyomormegterhelés kórképe [15]. A mi esetünkben ilyen vizsgálatok nem történtek, de két esetben a kórelőzményben szereplő hasmenés kapcsolatba hozható a bélgyulladás valamely formájával [16].

**Ultrahangvizsgálattal a kitelt gyomor minden esetben leképezhető volt a hasüreg bal oldalán**

Fizikális vizsgálat során 3 esetben hallottunk csökkent intenzitású bélhangokat, de csak egy esetben észleltünk emelkedett pulzusszámot. Egy állatnál a hasüreg ventralis kiteltsége is látható volt. Az orr-nyelőcső szonda minden esetben levezethető volt, tartalom spontán módon egyetlen esetben ürült a beérkezéskor elvégzett vizsgálatok során. Rectalis vizsgálattal a hasüreg bal oldalán a tartalommal telt gyomor két esetben volt tapintható. Egy esetben a levezetett orr-nyelőcső szonda is érezhető volt. Ez megegyezik a szakirodalmi leírásokkal, miszerint a gyomor rectalis vizsgálat során ritkán válhat tapinthatóvá [1, 5], normál testméretű felnőtt lovakban legalább 30–35 litert meghaladó gyomortartalom esetében lehetséges [7]. Ultrahangvizsgálat során azonban a kitelt gyomor minden esetben leképezhető volt a hasüreg bal oldalán. A szerv ultrahangablaka valamennyi esetben meghaladta az 5 bordaközt, amely a normál gyomor méretének felel meg [5, 6]. Gasztroszkópos vizsgálatot csupán 3 esetben állt módunkban elvégezni a műszer meghibásodása miatt. Két esetben 12–16 órás koplaltatást követően is a margo plicatus magasságáig terjedt a gyomorban található takarmány mennyisége. Egy esetben pedig a több órán át tartó gyomormosást követően ugyan a gyomor kiürült, de a nyelőcsői hám agytekervényszerű rajzolatot mutatott és felszínét fekélyek borították, továbbá a gyomor nagymértékű kitágulását tapasztaltuk. A szakirodalom szerint a tágulás legtöbbször a gyomor testét (corpus ventriculi) érinti, ahol a saccus caecus hypertrophizál és makroszkopikusan kétüregű gyomor benyomását keltheti [5].

**A kezelést minden esetben konzervatív módon kezdték meg, ami 3 esetben volt sikeres**

A kezelést minden esetben konzervatív módon kezdtük meg, ami 3 esetben sikeresnek bizonyult, míg 2 esetben eutanáziára került sor. Továbbá egy esetben a ló ugyan elhagyta a kórházat, de 4 hónappal később heves kólikás tünetek miatt ismét a klinikára szállították. Tágremese-helyzetváltozás miatt sürgősségi kólikaműtetre lett volna szüksége, amit a tulajdonos nem tudott vállalni, ezért az állat végleges elaltatására került sor. McGOVERN és mtsai 7 esetben diagnosztizáltak gyomormegterhelést tágremese-csavarodás okozta kólikás tünetek mellett [15]. Feltételezésük szerint a gyomorban felhalmozódott takarmány miatt csökken a tápanyagok továbbítása a tágremesébe, mely az ott található tápanyagok összetételét is módosíthatja. A változás miatt megemelkedhet a termelt CO<sub>2</sub> mennyisége, mely elősegítheti a tágremese elmozdulását és csavarodását.

Kórbonctani vizsgálat két esetben történt. A vizsgálatok során olyan körjelző makroszkópos elváltozást nem diagnosztizáltunk, amely a krónikus gyomortágulat kialakulását elősegíthette volna. Kórszövettani vizsgálatok nem készültek. A csikó esetében a súlyos fokú peritonitis oka feltehetően nem a lárvavándorlás okán alakult ki, hanem a gyomor falán keletkezett részleges, ill. a cseplesz által tamponált teljes gyomorrepedés következtében. A súlyos fokú állapotromlást nagy valószínűséggel a gyomor falán keletkezett újabb folytonossági hiányon keresztül a hasüregbe jutott gyomortartalom okozhatta. A gyomor falán található fekélyek feltehetően másodlagosan alakultak ki a nyelőcsői hám savnak való krónikus kitettsége miatt [11].

Több tanulmány kórszövettani vizsgálatok alapján a gyomorfal izomrétegének megvastagodásáról számolt be, amelynek okát (hypertrophia vagy hyperplasia) nem sikerült tisztázniuk. Emellett vakuolizációt, fibrosist és focalis myositist diagnosztizáltak az izomrétegben [3]. Ugyanakkor a gyomorfal elvékonyodását is megfigyelték néhány esetben [5].

Összességében elmondható, hogy a lovak krónikus gyomormegterhelése és -tágulata egy ritka kórkép, amelynek diagnózisa nem minden esetben állítható fel egyszerűen. Továbbá a legtöbb esetben a kórbonctani és kórszövettani vizsgálatok sem szolgálnak kielégítő magyarázattal. A kórképet mindenképpen fel kell vennünk a differenciáldiagnózisok közé, amennyiben visszatérő kólikás tünetekről, étvágytalanságról, regurgitációról, kondícióromlásról és a hasüreg kiteltségéről számolnak be a tulajdonosok. Emellett a rectalis és ultrahangvizsgálat, de leg-

**Visszatérő kólikás tünetek, étvágytalanság, regurgitáció, kondícióromlás és a hasüreg kiteltsége esetén gondolni kell a bemutatott kórképre is**



inkább a gasztroszkópia szolgálhat kórjelző értékkel. A korai felismerés mindenképpen fontos, mivel krónikus esetekben mind a konzervatív kezelési módszerek, mind a sebészi megoldások limitáltak és nem sok sikerrel kecsegtetnek. A hosszú távú prognózis rossz. Amennyiben a korai stádiumban a késleltetett gyomorürülés felismerésre kerül, az esélyek növelhetők, de jelenleg a gyomorürülés vizsgálatára kevés lehetőség van.

## KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A szerzők köszönetet mondanak az Állatorvostudományi Egyetem, Lógyógyászati Tanszék és Klinikájának, amelynek beteganyagából a kézirat létrejött, továbbá a tanszék munkatársainak, akik a betegek kezelését végezték.

## IRODALOM

- Vainio K, Sykes BW, Blikslager AT (2011) Primary gastric impaction in horses: A retrospective study of 20 cases (2005–2008). *Equine Vet Educ* 23:186–190 <https://doi.org/10.1111/j.2042-3292.2010.00153.x>
- Freeman DE (2011) Gastric impaction. *Equine Vet Educ* 23:174–176 <https://doi.org/10.1111/j.2042-3292.2010.00206.x>
- Bird AR, Knowles EJ, Sherlock CE, Pearson GR, Mair TS (2012) The clinical and pathological features of gastric impaction in twelve horses. *Equine Vet J* 44(Suppl. 43):105–110 <https://doi.org/10.1111/j.2042-3306.2012.00674.x>
- Winter JC, Schmitz RR, Gehlen H (2012) Treatment of primary gastric impaction. *Pferdeheilkunde* 28:437–439
- Klier J, Blutke A, Emrich D, Beckmann J, Wittschorek J, Medina-Torres CE (2017) Chronic gastric impaction and dilatation in horses: Clinical signs, diagnosis, treatment options and pathologic findings – A case series. *Pferdeheilkunde* 33:438–446 <https://doi.org/10.21836/PEM20170503>
- May A, Venner M, Cavicchioli E, Gehlen H (2012) Diagnostic and treatment of equine stomach diseases. *Pferdeheilkunde* 28:388–405
- Bäuerlein V, Vervuert I, Venner M (2019) Chronic gastric dilatation in horses: diagnosis, treatment and feeding management – A survey of 20 clinical cases. *Pferdeheilkunde* 35:129–137 <https://doi.org/10.21836/PEM20190205>
- Winfield LS, Dechant JE (2015) Primary gastric rupture in 47 horses (1995–2011). *Can Vet J* 56:953–958 PMID: 26345205; PMCID: PMC4535512.
- Hagedoorn S, Witt P, Kranenburg LC, van den Boom R (2021) The use of cola for the treatment of gastric impactions in horses. *Equine Vet Educ* 33:38
- Deniau V, Vitte-Rossignol A, Ouachee-Fle E (2021) Atypical chronic gastric impaction in adult horses. *Equine Vet Educ* 33:33–34
- Hewetson M, McGuire CJ (2021) Equine squamous gastric disease and delayed gastric emptying – the chicken or the egg? *Equine Vet Educ* <https://doi.org/10.1111/eve.13597>
- Reef VB (1998) *Adult Abdominal Ultrasonography In: Equine diagnostic ultrasound*, W.B. Saunders Company, Philadelphia
- Parker RA, Barr ED, Dixon PM (2011) Treatment of equine gastric impaction by gastrotomy. *Equine Vet Educ* 23:169–173 <https://doi.org/10.1111/j.2042-3292.2010.00165.x>
- Rodriguez Hurtado I, Stewart A, Pellegrini-Masini A (2007) Successful treatment for a gastric persimmon bezoar in a pony using nasogastric lavage with a carbonated cola soft drink. *Equine Vet Educ* 19:571–574 <https://doi.org/10.2746/095777307X215052>
- McGovern KF, Suthers JM, James FM, O'Meara BJ, Parker RA, Foote AK, Bladon BM (2015) Gastric impaction associated with displacement and volvulus of the large colon in seven mature horses. *Equine Vet Educ* 27:453–459 <https://doi.org/10.1111/eve.12396>
- Kalck KA (2009) Inflammatory bowel disease in horses. *Vet Clin North Am Equine Pract* 25:303–315 <https://doi.org/10.1016/j.cveq.2009.04.008>

Közlésre érk.: 2022. dec. 5.

## Beszámoló a XXXI. Buiatrikus Világkongresszusról Madrid, Spanyolország, 2022. szeptember 4–8.

Többszöri halasztás után végül is ez év szeptemberében Madridban került sor a XXXI. Buiatrikus Világkongresszus megszervezésére. A Világkongresszuson 74 országból 1911 külföldi és 1186 hazai szakember vett részt. Hazánkat 15 kollégánk képviselte. A következő témakörökben hangzottak el előadások: Állategészségügy, Belgyógyászat és toxikológia, Immunológia és vakcinák, Bivalyak és tevéfélék, Kiskérődzők, Szaporodásbiológia, Tőgyegészségügy, Sántaság, Genetika és állattenyésztés, Oktatás és továbbképzés, Takarmányozási és anyagcsere-betegségek, Fertőző betegségek, Szarvasmarhajólét, Hízó telepek, Diagnosztikai képalkotás, Fenntartható szarvasmarha-termelő rendszerek, Sebészet, Biotechnológia, Farmakológia, Epidemiológia, Közegészségügy, Élelmezésbiztonság és Antimikrobiális rezisztencia, valamint Parazitológia.

Az öt napig tartó kongresszuson összesen 599 (köztük 99 vitaindító) előadás hangzott el és 535 poszter lett bemutatva. Ezenkívül 17 workshop (Témakörei: Tej- és húshasznú szaporodásbiológia, Genetika és állattenyésztés, Továbbképzés, Tőgyegészségügy, Diagnosztikai képalkotás, Állattjólét, Takarmányozás és biotechnológia, Biotechnológia, Epidemiológia, Sebészet, Húsmarha állatorvos-gyógyászat, Szarvasmarha kollégium (European College of Bovine Health management) és 5 szponzorált szimpózium lett megtartva.

Újdonság volt, hogy a kongresszus anyagából (vitaindító előadások, előadások és poszterek összefoglalói) készített két proceedings-et csak adathordozón kaptuk meg, így a kongresszus anyaga a kongresszuson részt vevő magyar kollégáktól elkérhető.

Magyar részvétellel a következő előadások/poszterek lettek megtartva/bemutatva:

Mee FJ, Fisher Tenhagen C, Szenci O. Calving management – how to predict and when to assist? Ellési menedzsment – hogyan lehet előre jelezni és mikor kell segélynyújtást végezni. Workshop Abstract: WO5, p. 75.

Szenci O, Mee JF. Importance of predicting the onset of calving to prevent stillbirth on dairy farms. Az ellés elkezdődésének előre jelzési fontossága a halvaszületés megelőzése érdekében tejtermelő gazdaságokban. Workshop Abstract: WO7, pp. 75-76.

Kovács L, Pajor F, Bakony M, Edwards J. Parturum magnesium butyrate supplementation improves the health and performance of dairy cows. A parturum magnézium-butirát kiegészítés javítja a tejelő tehenek egészségi állapotát és termelését. Oral Abstract: AH-14, p. 101.

Bakony M, Jurkovich V, Reiczigel J. Seasonal pattern in the incidence rate of preweaning calf mortality in a large-scale Hungarian dairy herd. A választás előtti borjúel hullás szezonális előfordulása egy nagyüzemi magyar tehenészetben. Oral Abstract: CW-12, p. 133.

Dobos A, Gyuranecz M, Kreizinger Z, Kovacs A. Prevalence of *Coxiella burnetii* in Central and Eastern European dairy herds. *Coxiella burnetii* előfordulása közép-kelet-európai tejelő szarvasmarha állományokban Oral Abstract: ID-50, p. 242.





Gisbert P, Szalai T, De Foucauld J, Orszagh G. Efficacy of a vaccine to control coxiellosis in goats 1 year after primo-vaccination: assessment of the duration of immunity. A vakcina hatékonyságának ellenőrzése a kecskék coxiellosisának leküzdésére 1 évvel a primo-vakcináció után: az immunitás időtartamának értékelése Oral Abstract IV-35, pp. 287-288.

Bajcsy AC, Kürtös G, Zámbó L, Tibold J, Élő I, Mádl I, Szenci O. Uterine contractility patterns of early puerperal hypocalcaemic dairy cows without and with fetal membrane retention. Méhösszehúzódnások alakulása korai puerperalis időszakban előforduló hipokalcémiás és magzatburok-visszamaradásos, valamint -visszamaradás nélküli tejelő tehenek esetén. Oral Abstract: RD-27, pp. 374-375.

Ivanyos D, Monostori A, Németh C, Fodor I, Ózsvári L. The impact of herd size and milking technology on milk production in dairy cattle units. Az állomány méretének és a fejési technológia hatása a tejtermelésre tejelő szarvasmarha-állományokban. Oral Abstract: UH-40, p. 437.

Vincze B. Ultrasonographic measurements evaluating fetal wellbeing in late term Holstein-Friesian cows. A magzat jóllétének értékelése ultrahangos vizsgálattal az ellés előtt álló Holstein-fríz tehenek esetében Poster Abstract: DI-P06, pp. 70-71.

Vass-Bognár B, Fornyoos K, Jurkovich V. Measuring environmental faecal samples on dairy farms infected with paratuberculosis. Környezetből származó bélsárminták vizsgálata paratuberkulózissal fertőzött tehenészetekben. Poster Abstract: ID-P43, p. 136.

Szelényi Z, Balogh OG, Lopez-Gatius F, Garcia-Isperto I, Krikó E, Szenci O, Gábor Gy. Is twin pregnancy, calving and pregnancy loss predictable by serum pregnancy specific protein B concentration (PSPB) 28-35 days after AI in dairy cows? Előre jelezhető-e az iker-veghesség, az ellési és a veghességi veszteségek a szérum veghességi-specifikus fehérje B koncentráció meghatározása segítségével 28-35 nappal a MT után tejelő teheneknél? Poster Abstract: RD-P11, pp. 268-269.

A világgkongresszus alatt került sor a világszövetség egyes vezetőségi tagjainak megválasztására: Elnök: ARCANGELO GENTILE (Olaszország), főtitkár PETER HEIMBERG (Németország), pénztárnok: DAVID H. BLACK (Egyesült Királyság), tagok THOMAS WITTEK (Ausztria), RAPHAEL GUTTAO (Franciaország), J. VICENTE GONZALES MARTIN (Spanyolország), PRZEMYSŁAW SOBIECH (Lengyelország), DANIEL ZELEDON DONZO (Costa Rica), LUIS PABLO HERVE CLAUDE (Chile), RICARDO SPACAGNA JORDAO (Brazília), OCTAVIO CAMPUZANO (Mexikó), TAKESHI OSAWA (Japán), INHYUNG LEE (Korea), Bo HAN (Kína) és NORMAN BRUCE WILLIAMSON (Új-Zéland).

A XXXII. Buiatrikus Világgkongresszust 2024. május 20-24 között Cancun-ban (Mexikó) fogják megrendezni. Amint több információnk lesz, hírlevelünkben küldünk értesítést.

**Dr. Szenci Ottó**

## Beszámoló a XXI. Közép-Európai Buiatrikus Kongresszusról Stare Jablonki, Lengyelország, 2022. május 19–22.

A Közép-Európai Buiatrikus Kongresszuson 23 országból 165 külföldi és 81 hazai szakember vett részt a következő témakörökben tartott előadásokon: Tőgyegészségügy, Sebészet és sántaság, Újvilági tevéfélék, Kiskérődzők, Állományegészségügy, Állatjólét, Fertőző betegségek, Szülészet és szaporodásbiológia.

A résztvevők országokénti megoszlását a következő táblázat mutatja be:

Ország	Résztvevők száma
Ausztria	43
Bulgária	5
Csehország	9
Észak-Írország	1
Franciaország	1
Hollandia	1
Horvátország	3
Írország	1
Kazahsztán	4
Lengyelország	81
Litvánia	10
Magyarország	11
Nagy-Britannia	4
Németország	20
Norvégia	3
Olaszország	6
Románia	12
Spanyolország	5
Svájc	1
Szlovákia	2
Szlovénia	19
Ukrajna	1
Törökország	3
<b>Összes résztvevő</b>	<b>246</b>

A két napig tartó kongresszuson összesen 26 (köztük 9 keynote) előadás hangzott el és 44 poszter lett bemutatva. Magyarországot meghívott előadóként DR. KOVÁCS PÉTER (KOVACS P., SMULSKI S. "Prevention is not vaccination only - example of environmental mastitis management") és DR. SZENCI OTTÓ ("Importance of using different precision livestock farming

devices to decrease the negative effects of reproductive disorders in dairy cattle") képviselte. A harmadik magyar előadás DOBOS ATTILA (DOBOS A., FODOR I. "Prevalence and description of a novel sequence type of *Coxiella burnetii* in placentas from cattle in Hungary and Slovakia") pozitív COVID tesztje miatt sajnos elmaradt.

Az előadások és poszterek összefoglalói a kongresszusi proceedings-ben (Proceedings of the XXI. Middle European Buiatric Congress, Stare Jablonki, Lengyelország) jelentek meg. A Közép-Európai Buiatrikus Kongresszusok történetében először a proceedings nem nyomtatásban, hanem adathordozó segítségével került átadásra.



A kongresszus alatti kulturális programot a nyitófogadás, a tábortúzzal kísért kerti fogadás, valamint a gála vacsora tette emlékezetessé.

A XXII. Közép-Európai Buiatrikus Kongresszus Stara Zagora-ban (Bulgária) 2023. május 31 és június 3 között kerül megrendezésre, amelyről a következő hírlevelünkben részletes ismertetőt fogunk beszámolni.

Aki rendszeresen szeretné megkapni a Magyar Buiatrikus Társaság hírlevelét, legyen szíves a honlapunkon feliratkozni: [www.mbuiatrikus.org](http://www.mbuiatrikus.org).

**Dr. Szenci Ottó**

**Increasing impact  
of H9N2 avian influenza  
virus in the world**

Literature review

M. Bóna<sup>1</sup>  
T. Tatár-Kis<sup>2</sup>  
M. Mándoki<sup>3\*</sup>  
A. Farsang<sup>2</sup>  
I. Kiss<sup>2</sup>

1. Állathigiéniai, Állomány-  
egészségtani Tanszék és Mobilklinika,  
Állatorvostudományi Egyetem,  
H-1078 Budapest, István u. 2.

\*e-mail: [mandoki.mira@univet.hu](mailto:mandoki.mira@univet.hu)

2. Ceva-Phylaxia  
Oltóanyagtermelő Zrt.,  
Budapest

3. Állatorvostudományi Egyetem  
Patológiai Tanszék,  
Budapest

# A H9N2 altípusú madárinfluenza-vírus növekvő jelentősége a világban Irodalmi összefoglaló

**Bóna Márta<sup>1</sup>, Tatár-Kis Tímea<sup>2</sup>, Mándoki Míra<sup>3\*</sup>, Farsang Attila<sup>2</sup>,  
Kiss István<sup>2</sup>**

## ÖSSZEFOGLALÁS

A H9N2 altípusú influenzavírus növekvő elterjedtsége, gazdasági, járványtani, humán-egészségügyi jelentősége miatt a szerzők irodalmi adatok alapján összefoglalják, rendszerezik az altípussal kapcsolatos aktuális ismereteket. Napjainkban a madárinfluenza-vírusok közül a H9N2 altípusúak a legelterjedtebbek a baromfifajokban. Bár korábban a vadmadárvonulások, valamint az élőállatpiacok voltak a fertőződés forrásai, az elmúlt évtizedekben a már baromfihoz adaptálódott vírusok egyre nagyobb földrajzi területen váltak endémiássá és egészítették ki a legjelentősebb baromfi légzőszervi kórokozók körét. A H9N2 altípusú vírusok kivétel nélkül alacsony patogenitásúak, ugyanakkor egyéb kórokozókkal társfertőzésben, baromfiban már súlyos megbetegedéseket eredményeznek. A H9N2 vírusok zoonotikus szempontból kis kockázatot jelentenek, ugyanakkor számos más, már jelentős arányú elhalálózást okozó madárinfluenza-vírus belső génjeit a H9N2 vírus adta.

## SUMMARY

The low pathogenic avian influenza (LPAI) H9N2 subtype is the most widespread avian influenza virus globally nowadays. Major wild bird migration routes and live-bird markets at certain regions certainly contributed to the successful spread of this subtype. Since the '90s, the virus has become endemic in poultry and there is an increase in the number of countries being constantly affected through the horizontal spread among the poultry farms. As LPAI H9N2 is not a notifiable disease the knowledge on the distribution and prevalence of the disease in domestic and wild bird populations remains limited in European countries. While H9N2 LPAI is not recognised to cause significant animal health concerns in European countries thanks to high sanitary standards, cases are sporadically reported. It causes serious animal health problems and associated economic losses in other regions such as Middle East, Northern Africa and Asia due to less advanced biosecurity, husbandry and sanitary systems and a combination of infectious diseases and climatic conditions that are enhancing the pathogenicity of H9N2 field strains. Beyond the damages H9N2 causes to poultry industry it presents a zoonotic threat, not only itself, but by providing the so-called internal genes to other subtypes, e.g., H5N1 and H7N9 AIVs, which caused lethal infection in humans. It is also known that H9N2 provide internal genes for other subtypes of AIV, notably intersubtype reassortants between H9 and H5. Co-circulation of H5N1 and H9N2 viruses in poultry farms and live bird markets increases the risk of human exposure, raising concerns for potential emergence of new influenza A pandemic viruses. Despite the fact, that infections caused by LPAI H9N2 are not notifiable but, considering the zoonotic potential, significant economic losses, and propensity for reassortment, surely there is a need for increased vigilance and a regular monitoring of the situation. In this review paper the authors would like to summarise the present knowledge on LPAI H9N2.

**BAROMFI**

Az elmúlt években a magas pathogenitású madárinfluenza-vírus (highly pathogenic avian influenza virus, HPAIV) rendszeres jelenléte nehéz helyzetbe sodorta a világot, így Magyarország baromfiágazatát is. Egyre többet tudunk a magas pathogenitású madárinfluenza-vírusokról, a kiterjedt monitorozások és molekuláris epidemiológiai vizsgálatok révén egyre jobban megismerjük, hogyan terjednek kontinensről kontinensre, hogyan váltanak gazdafajt, hogyan erősödik a megbetegítő képességük, hogyan terjednek vadmadárról baromfira. A vadmadarakban nagy genetikai változatosságot mutató alacsony pathogenitású influenzavírusok (low pathogenic avian influenza virus, LPAIV) között zajló génátrendeződés jelentősen hozzájárult a baromfiállományokban felbukkanó vírusok sokféleségéhez. Korábban a vadmadarak által behurcolt madárinfluenza-vírusok (H5 és H7) az alacsony pathogenitású vírusokból mutáció révén váltak magas pathogenitású vírusokká baromfiban. Éppen ezért az alacsony pathogenitású madárinfluenza-vírusok is a tudomány középpontjába kerültek az elmúlt 20 évben. Megismerésükkel egy lépéssel talán a magas pathogenitású madárinfluenza-vírusok előtt járhatunk a védekezésben, megelőzésben.

**Az alacsony pathogenitású H9N2 altípus tünetmentes, de akár elhullással járó fertőzést is okozhat**

**A H9N2-fertőzések baromfiban az esetek többségében társfertőzésként fordulnak elő**

**Az influenzavírusok negatív polaritású, egyszálú, 8 szegmensből álló RNS-genommal rendelkező burkos vírusok**

Megbetegítő képessége alapján a H9N2 altípus az alacsony pathogenitású AIV-k közé tartozik, így a vírussal történő fertőződés lehet tünetmentes, de enyhe klinikai tünetekkel vagy akár elhullással is végződhet a megfertőződött baromfi esetében. A H9N2 azért figyelemre méltó altípus, mert jól példázza, hogy anélkül is kialakulhat az emberre átvihető vírus, hogy egy közvetítő emlős fajban, mint pl. a sertés, „megfordulna”. Az AIV-fertőzés által okozott humán megbetegedések kisebb részében ugyan, de kimutatható a H9N2 altípus is, jellemzően enyhe légúti tünetekkel jellemezhető esetekben. Az altípus zoonotikus jelentőségét növeli, hogy a halálos kimenetelű humán fertőzéseket előidéző AIV-k esetében (akár H5N1/H5N6, akár H7N9 altípusról legyen szó), az ún. belső gének legalább részben a H9N2 AIV-ből származnak.

A H9N2-fertőzések baromfiban az esetek többségében nem önállóan, hanem egyéb légúti, vagy immunuszuppresszív hatású kórokozókkal (pl. csirkék fertőző bronchitisének vírusával, metapneumovírusokkal, mycoplasmákkal, *Ornithobacterium rhinotracheale*-val) társfertőzésben okoznak klinikai tünetekben is megnyilvánuló megbetegedéseket, elhullást, ill. jelentős gazdasági károkat. Figyelemre méltó, hogy a H9N2 altípus pathogenitása fokozható bakteriális staphylokináz jelenlétében, amelyet bizonyos, a baromfitelepeken gyakran előforduló *Staphylococcus* sp. baktériumok termelnek [1].

Az endemikussá vált, magas pathogenitású H5 AIV vírusokkal gyakorlatilag egy időben váltak endemikussá a H9N2 vírusok baromfiban Kínában, azonban jelentősen eltérő utat jártak be azóta, köszönhetően alacsony pathogenitásuknak és az eltérő monitorozási, járványvédelmi intézkedéseknek. Amíg a HPAIV H5 kártétele nagyon is valós fenyegetettség Európában, addig az LPAIV H9 mint egy sporadikusan felbukkanó, nem jelentős, vadmadárhoz adaptált kórokozó mutatkozott idáig. Ugyanakkor, a 20 éve még nagyon távoli, ázsiai, csirkéhez adaptálódott vírusok mára meghódították a Közel-Keletet és Észak-Afrikát is, ezzel elérhető közelségbe hozva egy potenciális új, baromfi légzőszervi kórokozót.

## A VÍRUSRÓL

Az influenzavírusok az *Orthomyxoviridae* családba tartoznak, negatív polaritású egyszálú RNS-genommal rendelkező burkos vírusok. A nukleoprotein (NP) és a mátrix (M1) belső fehérjék antigénszerkezete alapján A, B, C és D típusba sorolhatók. A madárinfluenza-vírusok az A típusba tartoznak. A vírusgenom 8 szegmensből áll: a PA, PB1 és PB2 fehérjék a nukleoproteinnel (NP) együtt az ún. ribonukleoprotein-komplexet alkotják. A PB1-ről további két, kisebb fehérje is átíródik, a PB1-F2

**Az alacsony pathogenitású madárinfluenza-vírusok mutáció révén magas pathogenitásúakká válhatnak**

és az N40. A kapszid belsejében található továbbá nem strukturális fehérjék (NS1 és NS2, utóbbit nuclear export proteinnek [NEP] is nevezik). A kapszid kialakításában a mátrix 1 és 2 fehérjék vesznek részt (M1 és M2, utóbbi egy ionsatorna a kapszid belseje és a burok külső felszíne között). A burokba ágyazva található az influenzavírusok altípusba sorolásának alapját képező két felszíni glikoprotein, a hemagglutinin (HA) és a neuraminidáz (NA).

Jelenleg 18 HA és 11 NA altípus ismert, amelyekből madarakban 16 HA (1–16) és 9 NA (1–9) altípus fordul elő, míg a többi altípust (H17N10 és H18N11) denevérekben írták le [2].

A hemagglutinin (HA) felelős a vírusnak a sejtek szialsavreceptoraihoz való kapcsolódásáért és a gazdasejtmembránnal való összeolvadásért. A hemagglutinin ellen neutralizáló ellenanyagok termelődnek a szervezetben, így a HA fontos szerepet játszik az immunitásban, a klinikai tünetek elleni természetes, vagy vakcinás védelemben. A neuraminidáz (NA) egy receptorbontó enzim (szialidáz), amely az utódvírusok szialsavról való levágása útján elősegíti azok leválását a gazdasejtről, ezáltal a kórokozó szervezeten belüli terjedését [3, 4].

Az influenzavírusnak a fertőzés előtt aktiválásra van szüksége. A vírusaktiválás a HA proteolitikus hasítását jelenti: a HAO prekurzorfehérje HA1-re és HA2-re hasad, ami a vírus sejtbe jutásához szükséges. Az influenzavírusok között eltérés mutatkozik a hasítóhely aminosav-szekvenciájában, ami befolyásolja a hasításra alkalmas proteázok körét, ezen keresztül a vírus szervtropizmusát. Így a vírus virulenciájának fontos meghatározója a HA hasítási helye [5–8]. A HA hasítására alkalmas proteázok előfordulása az alacsony pathogenitású AIV esetén az ember és a madarak felső légúti, valamint bélrendszerére korlátozza az influenzafertőzést [9]. Ezzel szemben a magas pathogenitású madárinfluenza-vírusok esetén testszerte jelen vannak a hasításra alkalmas proteázok, ezáltal a generalizálódó fertőződés súlyos megbetegedések, elhullások okozója. Jelen ismereteink szerint a HPAIV-k kizárólag a H5 és H7 altípusú vírusok közül kerülnek ki. A magas pathogenitású vírusok hemagglutininjében minden esetben polibázikus hasítási helyet találunk. Ez a molekuláris marker jól használható a H5 és H7 vírusokon belül a magas virulenciájú pathotípus azonosítására. Ezzel szemben a H9N2 esetén mono-, di- vagy tribázikus hasítási hely található. Ellentétben a H5 és H7 vírusokkal, a H9 esetén csupán a hasítási hely polibázikussá történő megváltozása nem elegendő a magas pathogenitású fenotípus kialakításához. A HA hasítási hely megváltozásán túl az összes többi szegmens H5N1-eredetű szegmensre cserélése vezetett a HP vírus kialakulásához kísérletes körülmények között [10]. Mindez jelzi, hogy a többi szegmensben levő virulenciamarkerek jelenléte is szükséges a vírus pathogenitásának jelentős megváltozásához.

Miután a vírus a gazdasejt felszínéhez kötődik, receptormediált endocitózis révén internalizálódik és az endoszómális kompartmentbe kerül [11]. Az endoszómális érés során a pH az endoszómális lumenben csökken, ami a HA-t konformációs változásokra készíti [12]. A HA2-ben lévő fúziós peptid közreműködésével az endoszómális és a vírusemembrán összeolvad, ami pórusképződés útján lehetővé teszi, hogy a vírus ribonukleoproteinek (vRNP-k) kiszabaduljanak a citoplazmába.

Mint a legtöbb RNS-vírusnak, az influenzavírusoknak is jelentős a mutációs rátájuk a virális polimeráz működésének sajátosságaiból kifolyólag, ezáltal számottevő és folyamatos változatosságot biztosítva a vírusoknak (*genetikai sodródás*). A vírus evolúcióját szintén meghatározó másik mechanizmus a reasszortáció (*genetikai átrendeződés*), amelynek során az azonos gazdasejtet fertőző különböző vírusok génszegmensei kicserélődnek, ami újfajta genetikai összetételhez vezet. Ez a jelenség rendre nyomon követhető volt az eddigi pandémiás vírusok kialakulásakor [13].

A H9N2 (elsősorban a G1 genotípusú, lásd később) belső génjei megtalálhatóak pl. a H5N1, H5N6, H7N9 és H10N8 altípusú zoonotikus vírusokban is.

**A sejtbe jutásért felelős hemagglutinin proteolitikus hasítás révén aktiválódik, ami nagyban befolyásolja a szervtropizmust és a virulenciát**

**A többi szegmensben levő virulenciamarkerek jelenléte is szükséges a vírus pathogenitásának jelentős megváltozásához**

**A vírus gyors evolúcióját a gyors mutációs ráta és a génszegmensek átrendeződése biztosítja**

A reasszortációs folyamatokban a H9N2 nem csupán szegmensdonorként vesz részt, hanem recipiensként is. Így számos kínai H9N2-törzs tartalmaz szegmenseket H5N1 vírusokból, továbbá a Pakisztánban és Bangladesben izolált újabb járványtörzsek HPAIV H5N1- és HPAIV H7N3-eredetű szegmenseket is tartalmaznak [14].

A vírust meglehetősen jól feltérképezték molekuláris markerek szempontjából, beleértve a receptorkötődést, vírusstabilitást, a HA-n lévő HA-aktiválás markereit, továbbá a polimerázgénekben (PB2, PB1 és PA) lévő emlősadaptációs markereket [15].

## TÖRTÉNETI ÁTTEKINTÉS, ELŐFORDULÁS, JÁRVÁNYTAN

**H9N2 altípusú madárinfluenza-vírusokat pulykákban izoláltak először az USA-ban, 1966-ban**

H9N2 altípusú madárinfluenza-vírusokat pulykákban izoláltak először az Egyesült Államokban, 1966-ban [13]. Azóta az USA-ban sporadikusan fordult csak elő (főképpen vadmadarak által fertőzött pulykában), 2001 óta baromfiban nem is detektálták, ugyanakkor különösen tengerparti madarak felmérő vizsgálatainak során rendszeresen kimutatható ez az altípus [16].

**A vírus idővel csirkéhez is adaptálódott, majd Kínából haladva elért a Közel-Keletre, majd Észak-Afrikába**

Euráziában a legkorábbi feljegyzések 1975–85 közötti időszakban írják le a vírust klinikailag egészséges házi kacsákban, Hong Kongban. A korai vírusok genetikai vizsgálata többszöri behurcolásra utal vízimadarakból kacsáállományokba. Lényeges változás következett be a vírus járványtanában a '90-es évek során. 1994–97 között több esetben is kimutatták a H9N2-fertőződést Kína Guangdong tartományában, csirkében, majd a '90-es évek végére a csirkéhez adaptálódott vírus az élőállatpiacok közreműködésével Kína csaknem összes tartományába áterjedt [17]. A 2000-es éveket a H9N2 altípus egyre növekvő elterjedése jellemezte, amelynek során a vírus fokozatosan haladt nyugat felé, elérve a Közel-Keletet, majd Észak-Afrikát. A 2010-es években nemcsak, hogy elérte Afrika nyugati partvidékét, de elkezdett dél felé terjedni, szub-szaharai országokban (pl. Nigéria, Kenya) is megjelent, (1. ábra) [16, 18]. A folyamatosan bővülő ismeretek lehetővé teszik az eurázsiai altípus előretörésében szerepet játszó mechanizmusok megismerését [13, 19].

Az elmúlt alig 2 évtized alatt, nem csupán a panzootikus genetikai vonal robbanásszerű terjedése volt jellemző, de az endémiássá vált területeken is zajlott a vírus mikroevolúciója. Ez korábbi genetikai csoportok eltűnését, újabbak megjelenését, diverzifikációját és egyre erősödő baromfihoz való adaptálódást hozott, azaz a kifejezetten baromfihoz adaptálódott csoportokban kifejezett légzőszervi fertőzési utat [14], fokozott vírusürítést és csirkében növekvő pathogenitást, továbbá akár a víziszárnyasok fertőzésére való képesség elvesztését találjuk [20].

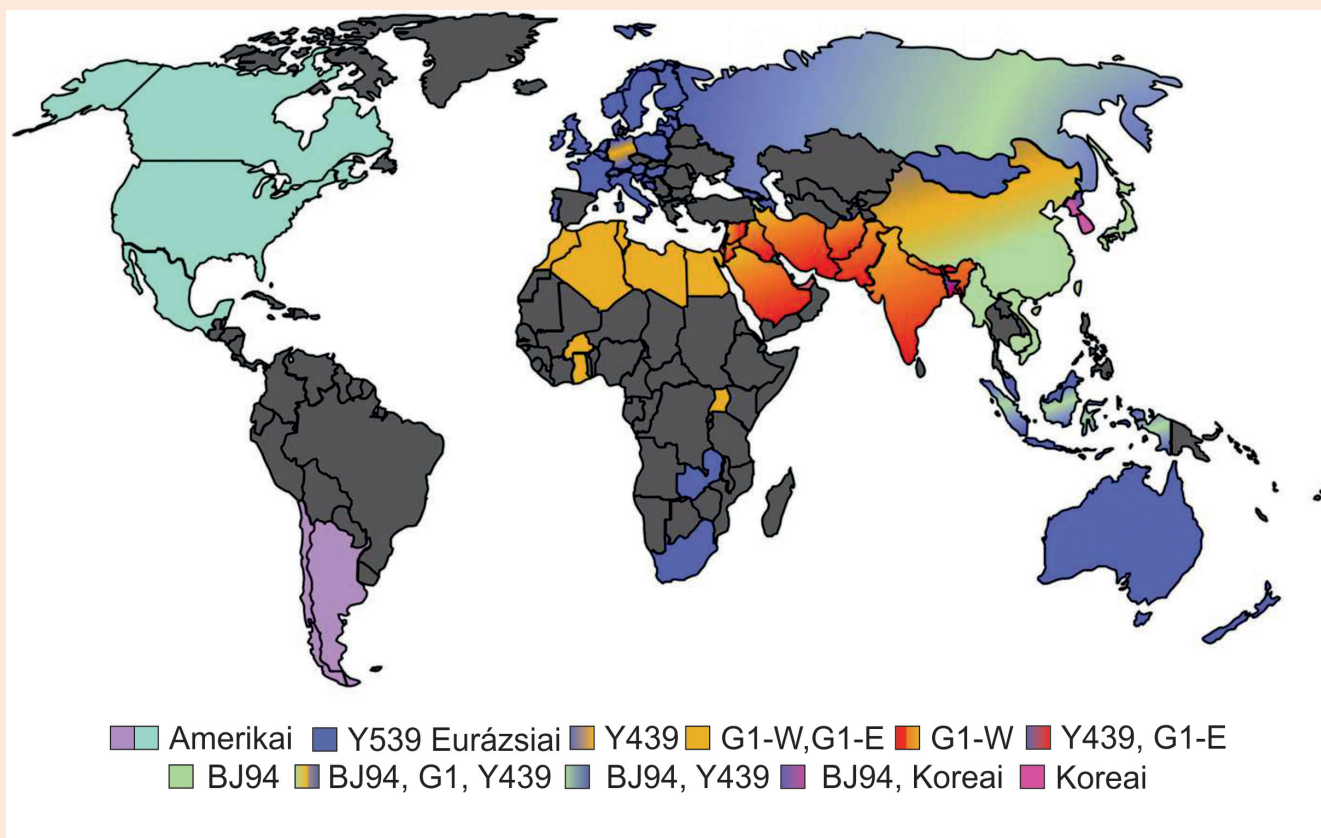
Pu és mtsai 68 genotípust különítettek el a Kínában 1994–2013 között detektált vírusok sokszínűségének és a genetikai változatok evolúciójának bemutatására (G01–G68) 2015-ben [20]. A Kínában először 2007-ben kimutatott G57 variáns fokozott fertőzőképességet mutatott csirkékben, majd egyre inkább elterjedt házi baromfiban, vízi szárnyasokban, sőt, sertésekben is, kiszorítva egyéb variánsokat [20].

**A Kínában legelterjedtebb G57-es variánst 2014-ben Hong Kongban már humán fertőzésből is izolálták**

2014-ben Hongkongban már humán fertőzésből is izolálták [14]. Mára a G57 a legelterjedtebb H9N2 AIV-genotípus Kínában, köszönhetően a különféle környezeti tényezőkhöz való hatékony adaptációs képességének [21]. Nem meglepő, hogy az először szintén Kínában leírt H7N9 AIV összes belső génje a G57 H9N2 genotípustól származott.

Ugyancsak alaposan tanulmányozták a közel-keleti és észak-afrikai vírusok genetikai változatosságát, a genetikai csoportok megjelenésének és eltűnésének dinamizmusát. Így Irán, Izrael és Egyiptom esetében is azt tapasztalták, hogy rendszeresen olyan újabb genotípusok jelennek meg kiszorítva a régieket, amelyek jobb adaptáltságuk, eltérő antigenitásuk révén evolúciós előnyhöz jutnak [22, 23].





**1. ÁBRA.** H9 altípusú influenza A vírusok elterjedtsége a világban különböző genetikai ágak (lineage)/ alágak (sublineage) szerint, beleértve a vadmadár és a baromfi vírusokat is (hozzávetőleges világtérkép a 2020-ig elérhető jelentések alapján)  
A H9N2-altípus a természetben a leggyakrabban előforduló kombináció közöttük. A sötétszürke a világ azon területeinek felel meg, ahol a H9 influenzavírusok jelenléte vagy cirkulációja ismeretlen [17]. Megjegyzés: a BJ94 csoport a széles körben Y280-nak nevezett alág alternatív megnevezése, az Y439 megnevezés a vadmadár genetikai csoportra utal (a szerzők)

**FIGURE 1.** World map and approximate lineage/sublineage circulation in which H9 subtype influenza A viruses have been reported (approximate world map based on reports available until 2020.)

The H9N2 subtype combination is the most commonly found in the nature. Dark gray corresponds to areas of the world where the presence or circulation of H9 AIVs is unknown [17]. Note: The BJ94 group is an alternative name for the sublineage widely known as Y280, the name Y439 refers to the wild bird genetic group (by the authors)

**A madárinfluenza-vírusok rezervoárjai a vad vízimadarak, amelyek vonulása nagyban befolyásolja a terjedésüket**

Miután a H9 madárinfluenza-vírusok hemagglutininjük alapján egy szerotípusba tartoznak, jelentős szerológiai keresztreakcióra képesek egymás között. Ugyanakkor a nagyfokú genetikai változatosság szerológiai változatosságot is eredményez, ami a vakcinázás hatékonyságára befolyással lehet [22].

A madárinfluenza-vírusok rezervoárjai a vad vízimadarak. Így elsődlegesen a madárvonulások biztosítják az AIV-k hosszú távú terjedését, így azok megjelenését a háztáji gazdaságokban, egymástól akár nagymértékben elkülönülő földrajzi régiókban is [13, 24]. Ez így igaz a H9N2 altípus esetében is azokon a területeken, ahol megjelenése baromfiban csak sporadikus (Európa, Amerika). Ellenben az endémiás területeken a vírus továbbhurcolásának már nem a vadmadarak és élőállat piacok, hanem sokkal inkább a tipikus baromfi kórokozó vírusokhoz hasonlóan a baromfi szállítás, járművek, ragályfogó tárgyak és emberek mozgása a fő mozgatórugója [16]. A marokkói törzsek elterjedésében is kiemelt szerepe volt az előbbieken felsorolt tényezőknek, továbbá az illegális madárimportnak is (így csempésztett, H9N2-vel fertőzött sólymok is szerepet játszottak a vírus

**A csirkéhez adaptált vírusok vadmadarak révén is terjedhetnek nagyobb távolságokra**

**Jelenleg világszerte a H9N2 a legszélesebb körben elterjedt LPAIV altípus a baromfiban**

**A H9N2 vírusok amerikai és eurázsiai genetikai csoportokat alkotnak**

széthurcolásában) [25]. Az élőállatpiacok az endémiás területeken továbbra is jelentős szerepet játszanak a járványtanban, elsődlegesen, mint a különböző madárinfluenza-vírusok „olvasztótégelyei”.

Ezzel együtt nem szabad figyelmen kívül hagyni a vadmadarak és a házi baromfi között továbbra is fennálló kölcsönös fertőződést. Az endémiás területeken számos vadmadárvonulási útvonal halad keresztül (ld. később). A nem vonuló madarak nagy számban jelen lévő képviselői (galambok, verebek, varjak, íbiszek) folyamatos kontaktust biztosítanak a költöző madarak és a baromfiállományok között. Meg kell továbbá említeni a ragadozó madarak (sólyom, héja) átviteli szerepét is [13, 24]. Amíg Európában eddig pulykában, kacsában a behurcolt, vadmadárhoz adaptált törzsek okoztak ritkán fertőzést [26], addig endemikus területeken több alkalommal mutattak ki már a csirkéhez adaptálódott vírusvonalat vadmadárból [27], ami alapján feltételezhető, hogy a vadmadarak közvetítő szerepe is hozzá fog járulni a csirkéhez adaptált vírusok nagyobb távolságokra történő terjedéséhez.

Jelenleg világszerte a H9N2 a legszélesebb körben elterjedt LPAIV altípus a baromfiban [17]. A vadmadarakon és a házasított madárfajokon túl, sertésekben és emberekben, továbbá lovakban, nyércekben, vadászgöreyekben is kimutatták, de néhány izolátum jól replikálódik kísérletesen fertőzött kutyákban, egerekben, hörcsögökben és patkányokban [24, 28]. Emlősök esetében az eddigi vizsgálatok madaraktól történő rendszeres újra fertőződésre utalnak, egyik fajban sem mutattak ki fajon belüli terjedés útján hatékonyan fenntartott fertőzési láncot [14].

A Közel-Keleten és Dél-Ázsiában egyaránt a H9N2 vírusok együtt cirkulálnak az endémiás HP H5Nx vírusokkal, súlyosbítva a gazdasági károkat és állategészségügyi problémákat, továbbá lehetőséget biztosítva újabb, „különleges” genetikai összetételű reasszortánsok kialakulására [29]. Ezeknek a változásoknak a nyomon követése kiemelt jelentőségű a H9N2 vírusok zoonotikus és pandémiás potenciáljának megítélésében, mivel a HPAI-vírusoktól származó génszegmensek a virulencia növekedését eredményezhetik [10, 13].

Az endemikus területeken a H9 vírusokat zömmel komplex háttérű esetekben írják le. A felmérések és a diagnosztikai esetek kivizsgálásának eredménye alapján a H9N2 AIV-fertőzés általában társfertőzésekkel együtt fordul elő, mint *Mycoplasma gallisepticum*, *Mycoplasma synoviae*, fertőző bronchitis vírusa (infectious bronchitis virus, IBV), baromfipestis vírusa (Newcastle disease virus, NDV), H5N1 és H5N8 HPAIV ill. légúti kórképet okozó baktériumok (*Avibacterium paragallinarum*, *Ornithobacterium rhinotracheale*).

### GENETIKAI SOKSZÍNŰSÉG

A H9N2 AIV evolúciója meglehetősen változatos eredményezett az elmúlt évtizedekben. Néhány változat eltűnt, mások további átalakulásokon mentek át, ill. dominánssá váltak.

Ellentétben a H5 vírusoknál kialakított egységes nevezéktannal a HA alapján történő kládok, alkládok elkülönítésére és egyértelmű azonosítására, a H9 vírusok esetén többféle csoportosítással lehet találkozni az irodalomban, ami megnehezíti a különböző kutatócsoportok által leírt genetikai csoportok beazonosítását. A hemagglutinin-alapú tipizálás esetén leírt főbb csoportokat az **1. táblázatban** foglaljuk össze a könnyebb követhetőség érdekében.

Amiben mindig egyetértés van, az két fő genetikai ág (lineage) elkülönítése: az amerikai és az eurázsiai.

Az eurázsiai ágon belül a hagyományos, leggyakrabban használt nevezéktan prototípus törzsek alapján különít el alágakat (sublineage). A három sublineage a (1) G1-szerű (A/quail/Hong Kong/G1/97 törzs alapján), (2) Y280-szerű (A/duck/Hong Kong/Y280/97 törzs alapján, amely sublineage több publikációban a pár évvel korábbi A/Chicken/Beijing/1/94 törzs alapján BJ94-szerű megnevezéssel jelenik meg), és (3) Y439-szerű/Koreai (A/chicken/Korea/38349-P96323/96 törzsnek megfelelően).

**1. TÁBLÁZAT.** Madárinfluenza H9 vírusok főbb genetikai csoportjai (HA alapú csoportosítás) [14]**TABLE 1.** Main genetic lineages of H9 AIV (typing based on HA sequence) [14]

Fő genetikai ág (lineage)	Genetikai alágak (sublineage)	Kisebb genetikai vonalak	Klád rendszerű megnevezés	Előfordulás (baromfiban endemikus csoportok sötétebb háttérrel)
Eurázsiai	G1	G1-W	h9.4.2	Baromfi Indiától a Közel-Keleten keresztül Észak-Afrika nyugati széléig
		G1-E	h9.4.1	Kisebb jelentőségű baromfi fajok (pl. fűrj), Kelet Ázsia (Kína déli része, Vietnam...)
	Y280 (vagy BJ94)	-	h9.3	Baromfi, Kelet-Ázsia (Kína, Vietnam, Kambodzsza, Indonézia, Malajzia...)
	Y439	Koreai	h9.2.2	Baromfi, Korea
		Y439 vadmadár	h9.2	Vadmadarak, sporadikusan baromfi Teljes Eurázsia
Amerikai	Észak-Amerikai	-	h9.1	Vadmadarak, korábban sporadikus megjelenés baromfiban; Észak- és Közép-Amerika
	Dél-Amerikai	-	h9.1.2	Vadmadarak Dél-Amerika

Az Y439-szerű törzsekben belül gyakran elkülönítik a baromfihoz adaptálódott genetikai csoportot („Koreai”) és a vadmadarakban jelenlévő törzseket („Eurázsiai vadmadár”). Ez a nevezéktan is jelzi, hogy az Y439 sublineage baromfiban csak Koreára korlátozódóan van jelen.

A G1 sublineage a legelterjedtebb, Afrika nyugati partjától a Közel-Keleten keresztül a Távol-Keletig előfordul [14]. Ennek megfelelően ez a csoport mutatja a legnagyobb genetikai változatosságot. Több kutatócsoport csak két ágot különít el ezen belül, amely az izolátumok földrajzi eredete szerint „keleti” (G1 Eastern, G1-E), ill. „nyugati” (G1 Western, G1-W) nevet kapta. A „G1-E” csoport egy viszonylag kis területen, Kelet-Ázsiában fordul elő (Dél-Kína, Vietnam, Kambodzsza, 1. ábra), főképpen kisebb jelentőségű baromfi fajokban, mint pl. fűrjek. Ezzel részben átfedő területen vannak jelen az Y280 csoportba tartozó vírustörzsek csirkében. Ázsia déli részét már a „G1-W” csoport uralja Indiától és Nepáltól kezdődően Nyugat felé haladva. A zóna keleti részén még esetenként előfordul Y280 típus behurcolása, de ezek a vírusok nem maradnak fenn tartósan. A Közel-Kelet, Észak-Afrika esetében a baromfiban rendszeresen, endemikusan detektált H9N2 vírusok minden esetben a G1-W csoporthoz tartoznak.

Gyakori a G1-W csoporton belül további kisebb csoportok elkülönítése, amelyből csupán a Közel-Keletre és Afrikára irányuló kutatások ismertetésében használt „lineage A” és a „lineage B” elkülönítésére térünk ki. Ez is jó példája annak, hogy a szakirodalom mennyire nem következetes a hierarchia különböző szintjén álló csoportok megnevezésében, hiszen itt a sublineage alatti kategóriákról van szó. Az „A” genetikai ág foglalja magába az 1998 és 2016 között a Közel-Keleten, ill. Észak-Afrikában detektált járványtörzseket, továbbá a közelmúltban jelenlévő, széles körben elterjedt (panzootic) H9N2 AIV törzseket is. A „B” genetikai ág a 1998 és 2007 között Szaud-Arábiában, Iránban és Izraelben kimutatott törzsek-ből áll.

Vannak olyan határozónák a genetikai vonalak elterjedési területe között, ahol többféle baromfi eredetű vírus is előfordul

A H9 vírusok között is aktívan zajlanak génkicserélődési folyamatok

Valamennyi, halálos emberi fertőződését okozó madárinfluenza-vírus belső génjei részben vagy teljesen H9N2 altípusú vírusoktól származtak

Bár a nevezéktan nagyon szigorú földrajzi elkülönülést sugall a főbb genetikai csoportok elterjedésében, vannak olyan határozónák a genetikai vonalak elterjedési területe között, ahol többféle baromfi eredetű vírus is előfordul (1. ábra). Az amerikai és eurázsiai H9 két fő lineage esetében sem áll már fenn a teljes földrajzi elkülönülés. Érdeemes figyelemmel lenni az elmúlt években már kétszer is megfigyelt áthurcolásra, majd ebből kialakuló járványra Észak-Amerikában 2014-ben [30], majd 2021 végén [31]. Mindkét esetben a nagy fertőzőképességű H5 2.3.4.4. klád jelent meg Kanadában – 2014-ben a nyugati területeken Alaszka felől, majd 2021-ben keletről az Atlanti-óceán felől-, majd innen terjedt tovább a járvány délre és a kontinens belseje felé. Ugyan H9 járvány még nem alakult ki Amerikában, de tengerparti madarakban már több felmérés során az eurázsiai Y439 vadmadárvonalat detektálták Észak-Amerikában [32, 33], megerősítve a kontinensek közti áthurcolás lehetőségét vadmadarak segítségével a H9 esetén is.

A genetikai módszerek robbanásszerű fejlődése lehetővé teszi, hogy az összes génszegmens alapján is megvalósulhasson nagyszámú madárinfluenza-vírus jellemzése. Ennek megfelelően a genetikai csoportosításban is megjelent az azonos HA típuson belül a különböző reassortánsok elkülönítése. Ezek a vizsgálatok Kínában feltárták, hogy a H9 vírusok között is aktívan zajlanak génkicserélődési folyamatok, amelyek 1996 és 2015 között 23 különböző szegmens konstellációt eredményeztek (A-W). Ezek többsége csak rövid ideig maradt fenn, ugyanakkor közülük 2 (így az első BJ/94 törzsre jellemző „A” változat, és egy 1998-ban megjelent „H” változat) körülbelül 10 évig rendszeresen kimutatható volt, mindaddig, amíg a dominanciát át nem vette a már említett G57 genotípusnak megfelelő „S” változat [34]. Ez is nagyon szép példája annak, hogy csak bizonyos génszegmensek együttállása eredményez megfelelő biológiai rátermettségű vírusokat.

## A H9N2 VÍRUSOK BELSŐ GÉNEKET „KÖLÇSÖNÖZNEK” HUMÁNPATHOGÉN MADÁRINFLUENZA-VÍRUSOKNAK

Az eddig feltárt esetekben minden, az ember halálos kimenetelű fertőződését okozó madárinfluenza-vírus (H5N1, H5N6, H7N9, H10N8) belső génjei részben vagy teljesen H9N2 altípusú vírusoktól származtak (2. ábra) [24].

Az először 2013-ban, Kínában izolált H7N9 AIV törzs belső génjei a G57-es H9N2 törzsből voltak származtathatóak. A H7N9 triplán reassortálódott vírus: a HA és NA gének vándorló madarakból, ill. kacsákból származnak, míg a belső gének csirke H9N2 eredetűek. Ezt követően a reassortáns vírus evolúciója tovább zajlott. Nem csupán mutációk révén változott a vírus, hanem további génátrendeződések következtek be az élőállat piacok közvetítésével. Továbbá, az 5. járványhullám idején egy új mutáns vírus jelent meg, amelyben már a hasítási hely multibázikusává válása révén a korábban alacsony patogenitású vírus magas patogenitásúvá alakult át. A H7N9 vírusnak különböző változatai fertőzték meg sikeresen az embert több hullámban és okoztak nagy számban súlyos, halálos kimenetelű megbetegedést [35].

Ezen túlmenően immár tucatnyi, különféle altípusba tartozó (pl. H5N1, H7N7, H10N8) influenza vírusról derült ki, hogy belső génjeik a G57 H9N2 vírusból származnak [21].

Összefoglalva kiemelendő, hogy minden madárinfluenza-vírus, amely idáig emberben halálos betegséget okozott (H5N1, H5N6, H7N9, H10N8), a belső génszegmenseit részben vagy teljesen a H9N2 vírusoktól szerezte.



figyelték meg [25] (2. táblázat). Teljeskörű áttekintést ad a madár, ill. emlős adaptáltsághoz, ill. fokozott virulenciához köthető jellemző genetikai markerekről S. CARNACCINI és D. PEREZ publikációja [17], melyet részleteiben nem áll módunkban ismertetni ebben az összefoglalóban.

## 2. TÁBLÁZAT. A virulencia és a gazdaszpecifitás molekuláris meghatározói Marokkói H9N2 izolátumokban [25]

TABLE 2. Molecular determinants of virulence and host specificity in Moroccan H9N2 isolates [25]

Vírusfehérje	A virulencia molekuláris meghatározói	A gazdaszpecifitasság molekuláris meghatározói (emlősökhöz való alkalmazkodás markerei)
PB2	147 V, 504 V	318 R, 590 S, 661 T
PB1		13 P
PB1-F2	66 N	82 L
PA	127 V, 550 L, 672 L	100 I, 312 R, 409 N
PA-X		
HA <sup>a</sup>		158 N, 183 H, 226 L, 391 K
NP		372 D
NA		
M1		15 I
M2		16 D
NS1	42 S, 189 D	
NS2	31 M, 56 H	

A bemutatott marokkói törzsek csupán egy kiragadott példaként szerepelnek. Mind az ázsiai, mind a közel-keleti régióban találtak számos olyan H9N2 törzset, amely az emlősökhöz való adaptációt megkönnyítő mutációkat tartalmazott. Így pl. a hongkongi élőállatpiacokról gyűjtött H9N2 AIV törzsek a humán H3N2 vírusokhoz hasonló receptorszpecifitást mutattak [36]. Mivel egy pandémia kialakulásának a „madár→emlős” receptorpreferencia-váltás az egyik előfeltétele, az említett megfigyelés okkal kelt aggodalmat az egészségügyi hatóságokban.

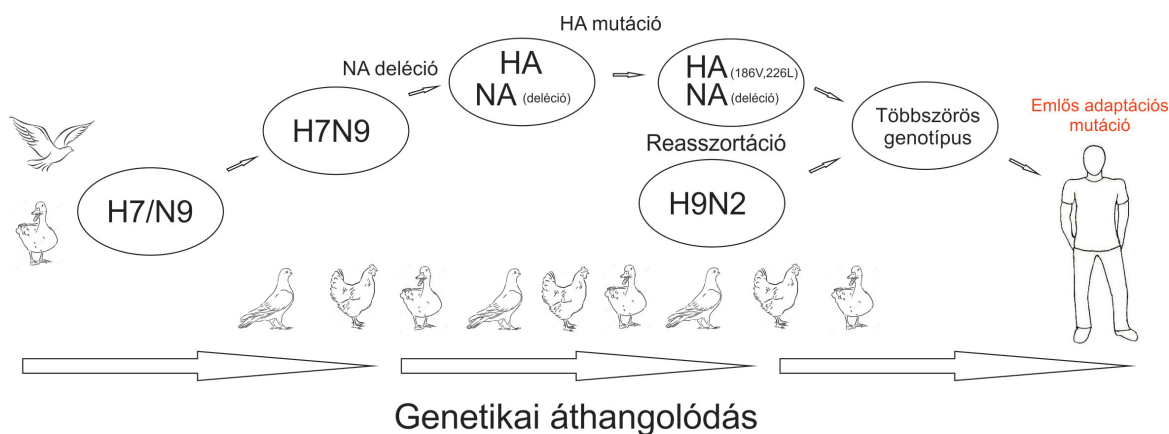
## ZOONOTIKUS JELENTŐSÉGE

Az „A” típusú madárinfluenza-vírusok által okozott emberi fertőzések állandó veszélyt jelentenek, amint azt a H5N1/H5N6, a H7N9, a H9N2 és újabban a H10N3/H10N8 altípusok okozta fertőzések illusztrálják. A H9N2 és egyéb madárinfluenza-vírusok „masszív” jelenléte Kínában és a szomszédos régiókban különösen kedvez a madárról emberre történő átvitelnek, továbbá a madarakban újabbnál újabb reasszortánsok kialakulásának. Így a számos, ebben a régióban fellelhető H9N2 genotípus hozzájárul(t) az új, zoonotikus H7N9, H5N6 és H10N8 vírusok megjelenéséhez (2. ábra, 3. ábra).

Az Európai Élelmiszerbiztonsági Hatóság 2022. júniustól szeptemberig tartó időszakra vonatkozó összefoglalója alapján a H9N2 AIV a leggyakrabban kimutatott, nem bejelentési kötelezettség alá tartozó altípus baromfiban, Ázsiában, Közel-Keleten és Afrikában. Ezek a régiók 2022. szeptember 9-ig endemikusak

1998-tól 2022. szeptember 14-ig világszerte 114 H9N2 vírus által okozott humán fertőzést jelentettek két halálessel

maradtak a H9N2 LPAI fertőzésre. 1998 óta és 2022. szeptember 14-ig világszerte 114 igazoltan H9N2 vírus által okozott humán fertőzést jelentettek, köztük két halálessel. A H9N2 emberi fertőzésekben a 10 év alatti gyerekek voltak érintettek, akiknél enyhe tünetek jelentkeztek. Minden esetben élő vagy leölt baromfi és az ürülékükkel szennyezett környezetet jelentettek [37].



**3. ÁBRA.** Az „A” típusú madárinfluenzák (H7N9) feltételezett genetikai átrendeződési mechanizmusa a fajok közötti átvitel során. A folytonos nyíl a genetikai átrendeződés feltételezett sematikus módját jelzi, magában foglalva az aminosavcsereket és a belső gének reasszortációját a fajok közötti átvitel során. A szimbolikus rajzok a folyamat adott szakaszában szerepet játszó fajokat mutatják [53]

**FIGURE 3.** Supposed genetic tuning mechanism of avian influenza A (H7N9) viruses during interspecies transmission. The arrow indicates the supposed schematic procedure of genetic tuning, including amino acid mutations and internal gene reassortment during interspecies transmission. Symbols indicate the different species involved in the consecutive phases [53]

A madárinfluenza-vírusok emberben legtöbbször önkorlátozó légúti fertőzést okoznak, amely immunhiányos betegekben több szerv elégtelenségét okozva akár halálos kimenetelű is lehet [13]. Elsőként a H5N1 altípus kapcsán tapasztaltak nagyobb számban humán megbetegedéseket: ez idáig 865 megbetegedést regisztrált világszerte a WHO 2003 óta, amiből 456 volt halálos kimenetelű, az esetek halálozási aránya (Case Fatality Rate) 53%. Ezzel ez az altípus vezeti a listát a halálozási arány alapján (3. táblázat). Ugyanakkor érdemes figyelembe venni, hogy 2018-tól kezdődően elemnyező számú, csupán évi 1-2 H5N1 esetet jelentenek. A H7N9 altípushoz köthető megbetegedést 2013-ban írtak le először, majd a legtöbb esetet a 2018-as járványhullámban detektálták. A baromfiállományok széleskörű vakcinázásával a baromfi járványesetek (HP H7N9) és a humán megbetegedések is jelentősen visszaszorultak. A H5N6 alcsoportot először 2014-ben detektálták humán megbetegedés hátterében, az utóbbi időszakban ez az altípus okozza a legtöbb H5Nx humán esetet [38].

A H9N2 vírussal való fertőződés napjainkban is rendszeresen előfordul

A H9N2 vírussal való fertőződés napjainkban is rendszeresen előfordul, kis arányú letalitással járó kórforma jellemzi. Érdekes eltérés a többi altípushoz mérten, hogy a klinikai tünetekkel járó H9 fertőzödések főképpen 8 évnél fiatalabb gyermekekben diagnosztizáltak [17]. A legtöbb esetet eddig Kínából és Hong Kongból jelentették, a többi érintett ország esetén minimális a diagnosztizált H9N2 megbetegedések száma [14]. A rendelkezésre álló humán eredetű H9N2 szekvenciák elemzése azt mutatta, hogy eddig az Y280 vonal volt a felelős a legtöbb emberi megbetegedésért [14]. A vírus növekvő elterjedtsége baromfiban valószínűsíti az egyre gyakrabban előforduló eseteket emberben is.

**3. TÁBLÁZAT.** Madárinfluenza megbetegedések száma és súlyossága az elhalálozási arány alapján rangsorolva a zoonotikus altípusokat a 2022. szeptemberi állapot alapján [37, 38]

**TABLE 3.** Number and severity of avian influenza infections according to zoonotic subtypes based on death rate based on September 2022. status [37, 38]

AIV altípus	Humán megbetegedések száma	Halálos kimenetelű esetek száma (eset-halálozási arány)
H10N8	3	2 (67%)
H5N1	865	456 (53%)
H5N6	81	33 (41%)
H7N9	1568	616 (39%)
H9N2	114	2 (2%)
H3N8	2	0 (0%)
H7N4	1	0 (0%)
H10N3	2	0

**Egyelőre nem bizonyított, hogy a H9N2 képes lenne emberek közötti terjedésre**

A baromfiágazatban dolgozók szerológiai felmérő vizsgálatainak eredményei arra utalnak, hogy a H9N2 vírusokkal való humán fertőzöttség jóval nagyobb arányú, mint amire a bejelentett esetek számából következtetni lehetne [39–41], ugyanakkor figyelembe véve a H9N2 vírusok széles elterjedtségét, ez az altípus egyelőre nem jelent súlyos humán kockázatot a betegség súlyossága alapján. A H9N2-re ennek ellenére úgy tekintünk, mint egy potenciálisan világméretűt okozó madárinfluenza-törzscsoportra, mivel a H9N2 vírus előzetes adaptáció nélkül is képes emlősöket, beleértve embert is megfertőzni [14]. A humán esetekből származó vírusok minden esetben nagyon szoros rokonságot mutatnak az aktuálisan baromfiiban jelenlévő törzsekkel, ami alátámasztja a közvetlen baromfi-ember fertőzési utat. A kockázatelemzés másik szempontja, az emberek közti terjedés képessége. Bár a H9N2 vírustörzs esetén vadászgörényekben leírtak légúti transzmissziót is, ugyanakkor nem bizonyított, hogy a H9N2 vírus képes lenne emberek közötti terjedésre az eddigi megfigyelések szerint [17]. Mindezek alapján a H9N2 vírusok rendszeres monitorozása, emlősadaptáltsági markereinek követése nagy jelentőséggel bír a zoonotikus veszély naprakész megítéléséhez.

## KÓRTANI, KLINIKAI, PATOLÓGIAI VONATKOZÁSOK

Észak-Afrikában, a Közel-Keleten és Ázsiában jelentős gazdasági veszteségekkel járó elhullást és tojástermelés-csökkenést eredményez a H9N2 altípussal való fertőzöttség [13].

**Önálló H9N2-fertőzés csirkében általában enyhe légzőszervi tünetekkel jár**

Súlyosbító másodlagos kórokozók jelenléte nélkül a H9N2-fertőzés csirkében általában enyhe légzőszervi tünetekkel jár, de akár klinikailag tünetmentes is lehet. Enyhe esetben gyenge légzési zörej, enyhe kötőhártya-gyulladás, tüszög-gég, orrfolyás jelentkezik. Ilyenkor legfeljebb enyhén kipirult trachea és enyhén elhomályosult légzsákok láthatók a kórbonctani vizsgálat során.

Társkórokozókkal, kedvezőtlen környezeti tényezők megléte esetén viszont súlyos légzőszervi tünetekkel találkozhatunk. Erre jó példa, hogy 1998-ban a H9N2 vírust Iránban jelentős morbiditással és mortalitással járó fertőzöttség formájában mutatták ki első alkalommal brojlercsirkékben. A bekövetkezett gazdasági károkat minden valószínűség szerint társfertőzések (IBV, *Escherichia coli*, *Ornithobacterium rhinotra-*



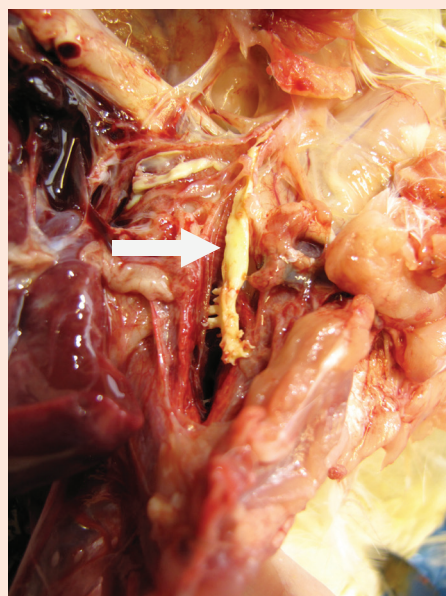
**Társkórokozókkal,  
kedvezőtlen  
környezeti tényezők  
megléte esetén  
súlyos légzőszervi  
megbetegedést okoz**

cheale, *Mycoplasma gallisepticum*) súlyosbították [13]. A klinikai tünetek sinusitisben, arctájéki ödémában, orr- és szemváladékozásban, súlyos légúti rendellenességben nyilvánultak meg. 1998–2002 között a vírus számos telep között cirkulált több, mint 65%-os mortalitással. Kísérleti körülmények között a vírus fürjekben és csirkékben szaporodott enyhe klinikai tünetekkel, de elhullást nem okozott, alátámasztva a társfertőzések és esetleges tartási problémák jelentőségét a kórkép súlyosságának meghatározásában [13, 42]. Nagyszámú járványesetet áttekintve Q1 és mtsai jellemzően 5 és 30% közötti elhullásról számoltak be brojlerekben [41].

Erősebb patogenitású törzsek esetén az állatok kis részében a H9-fertőzés önállóan is képes a súlyos légzőszervi kórkép kialakítására. Súlyos légzőszervi tüneteket mutató állatokban jellegzetes a légcsőbifurkációnál és a főbb bronchusokban a jelentős fibrinkiválás (4. ábra), ami kezdetben nehézlégzést okoz, majd a fibrindugó fulladáshoz vezethet. Ugyancsak jellemző a súlyosan érintett állatokban a közepes-súlyos fibrines légzsákgyulladás, tüdőgyulladás. Vírustörzstől függően hasmenés is jelentkezhet. Nagyüzemi tartásban a víz és a takarmányfogyasztás csökkenése, a testtömeg-gyapodás elmaradása is kísérheti a fertőződést.

**4. ÁBRA.** Kipirult, gyulladt légcső és fibrines törmeléktől elzáródott bronchusok (nyíl)

**FIGURE 4.** Congested trachea with fibrinous casts in both bronchi (arrow)



**A petevezető gyulladása  
jelentős tojástermelés-  
csökkenést okozhat**

A tojástermelés-csökkenést kísérletes körülmények között – a másodlagos kórokozók kizárásával – vizsgálva is igen jelentős, tartós hatást tapasztaltak, amit a petevezető gyulladására vezettek vissza. A heveny szakaszban körülbelül 60% visszaesést, majd az idült szakaszban tartósan, több, mint 10 héten keresztül körülbelül 30% visszaesést tapasztaltak, miközben a tojáshéj minősége szignifikánsan nem változott [43]. Ezzel szemben egy másik törzsszel végzett vizsgálatban a tojáshéj szerkezetének jelentős változásáról és a héj elvékonyodásáról is beszámoltak [41]. Telepi körülmények között tenyész- és tojóállományokban akár 70%-os tojástermelés-csökkenést is leírtak.

A vírus átmeneti immunszuppressziót is előidézhet (mivel thymus- és bursa-sorvadást is okoz), amely más, társ- vagy másodlagos fertőzések fellobbanását okozhatja [44].

**Pulykákban általában  
súlyosabb kórkép  
jelentkezik, mint  
csirkékben**

Pulykákban általában súlyosabb kórkép jelentkezik, mint csirkékben. Kísérletes fertőzés során gubbasztást, az infraorbitális sinusok duzzanatát, tüszögést, orrfolyást, közepes-súlyos kötőhártyagyulladást figyeltek meg. Kórbonctani vizsgálatban az infraorbitális sinusban nyálkás-túros váladékot, légzsákgyulladást, a pancreasban kisebb-nagyobb kiterjedésű vérzéseket találtak, miközben ugyanez a vírustörzs csirkékben nem okozott tüneteket [26].

Számos egyéb madárfaj is fertőzött lehet, jellemzően tünetmentesen, vagy csak enyhe tünetekkel. A vírus endemikussá vált és adaptálódott több, kevésbé jelentős baromfifajhoz is, így fűrjhez, gyöngytyúkhöz, fogolyhoz és fácánhoz, továbbá struccban is megjelent. Érdeemes megjegyezni, hogy a fűrjek, amelyek a H9 vírusok vízimadarakból szárazföldi madarakra történő átvitelének kulcsszereplői, már jelentős arányban rendelkeznek „emlősszerű” receptorokkal (α2,6-kötésű szialsav). A vízimadár-eredetű vírusok fűrjben való passzálódása a gazdaspektrum szélesedéséhez, emlősök fertőzésére való képesség megjelenéséhez vezet [14].

## BAKTERIÁLIS KÖZREMŰKÖDÉSEL FOKOZÓDhat A H9N2 AIV VIRULENCIÁJA

Több proteázról, főként tripszinszerű szerinproteázokról kimutatták, hogy aktíválják az influenza HA-t [45]. Ugyanakkor a HA aktiválásához szükséges proteázok nem korlátozódnak a gazdasejt enzimeire, hanem bakteriális proteázok is részt vehetnek ebben a folyamatban [8, 45].

Dél-Koreában 1996-ban több farmon akár 30%-os elhullással járó megbetegedéseket észleltek, amelyekből következetesen az MS96 jelű H9N2 AIV vírust izolálták. A vírust a tüdőn kívül számos szervben megtalálták, ami a fertőzés generalizálódására utalt. Ugyanakkor a kórkép reprodukálása céljából kísérletesen fertőzött SPF-csirkék kivétel nélkül felépültek a betegség egyébként viszonylag enyhe tüneteiből. A vírus elemzése kimutatta, hogy a HA vágáshely P2 pozíciójában egy Ser → Tyr szubsztitúció volt (vagyis az R-S-S-R vágáshely R-S-Y-R-re módosult), ami a plazminnal történő hasításhoz biztosít megfelelő szubsztrátot. Azt is kiderítették, hogy a *Staphylococcus* fajok (*S. aureus*) által termelt staphylokináz (plazminogén-aktivátor) enzim képes a plazminogén → plazmin átalakulást katalizálni, vagyis staphylococcusok jelenlétében fokozódhat a H9N2 AIV virulenciája. KISHIDA és mtsai kísérletes fertőzésben bizonyították, hogy mind a *S. aureus*, mind a *H. paragarinarum* társfertőzés esetén erősödik a H9N2 vírus replikációja, továbbá a kórkép súlyossága [1]. Ugyanígy jelenséget figyeltek meg a pandémiás H1N1 vírusokkal kapcsolatban is, továbbá azt, hogy a streptokináz is hasonló szerepet tölthet be. Tehát a légzőszervi fertőzésekben nem ritkán együttesen szereplő influenza vírusok és baktériumok jelenléte ebből a szempontból figyelmet érdemel [8].

## A KÖZEL-KELET ÉS ÉSZAK-AFRIKA JELENTŐSÉGE A BAROMFIIPARBAN ÉS A VADMADÁRVONULÁSBAN

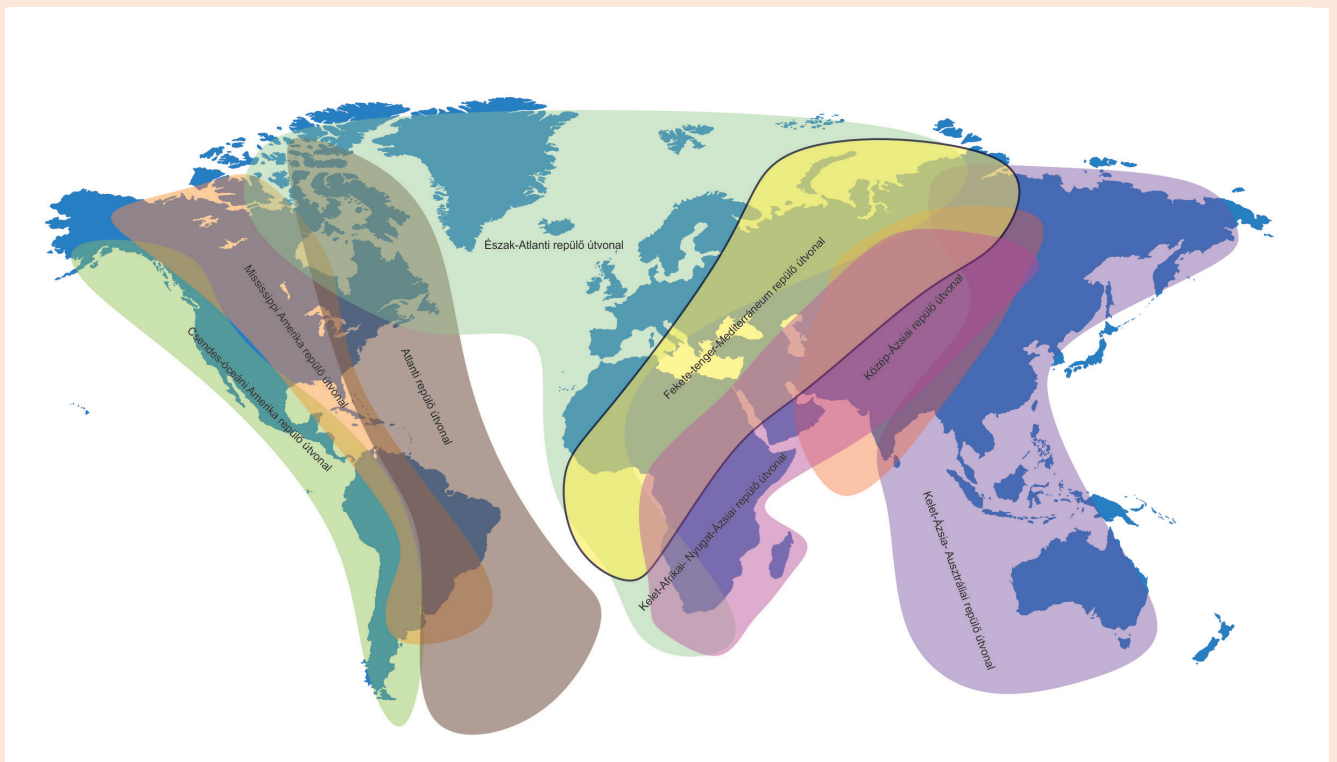
A közel-keleti és észak-afrikai országok 14,4 millió km<sup>2</sup>-en helyezkednek el, a földfelszín 11,1%-át elfoglalva és körülbelül 3–4-szer nagyobb területet tesznek ki, mint az Európai Unió. A régió 2,4 milliárd baromfit állított elő 2014-ben, ami a világ teljes baromfitermelésének 10,4%-a. Az éves átlagos húsfogyasztás 20 év alatt megduplázódott: a 1990-es években 12 kg/főről 2010-ben 24 kg/főre. 2000 óta a baromfitermelés teljes növekedése megközelíti az évi 5%-ot. Irán a legjelentősebb baromfitermelő ország a Közel-Keleten és Észak-Afrikában, világviszonylatban is az első 10 között van. A régióból számos további ország szerepel előkelő helyen a baromfitermelés különböző ágaiban. Izrael, Marokkó, Tunézia, Algéria és Egyiptom a 10–20. közötti helyet foglal el a rangsorban a pulykahústermelésben világszerte. Egyiptom kacsahústermelésben a 9., lúd- és gyöngytyúktermelésben a 5. helyen áll. Szintén a 10 legnagyobb lúd- és gyöngytyúktermelő közé tartozik Irán és Izrael [46]. Egyiptom, Szaúd-Arábia és Jordánia kiemelkedő helyet képviselnek a galamb és más madarak (strucc, fűrj) tenyésztésében. A régió fontos piacot jelent sok ország (USA, Kína, Brazília, Európa) számára a baromfitermékek és takarmányok importja és exportja által [13].

**Egyes *Staphylococcus* fajok által termelt staphylokináz fokozni képes a H9N2 vírusok virulenciáját**

**A közel-keleti és észak-afrikai országok a világ baromfitermelésének jelentős hányadát képezik**

**A Közel-Keleten és Észak-Afrikában elhelyezkedő országok számos vadmadár vonulási útvonal mentén helyezkednek el**

A Közel-Keleten és Észak-Afrikában elhelyezkedő országok számos vadmadár vonulási útvonal mentén helyezkednek el. A hét vadmadár vonulási útvonal közül négy fő útvonal (Közép-Ázsiai, Kelet-Afrika–Nyugat-Ázsiai, Fekete-tenger és Mediterráneumi, valamint az Észak-Atlanti útvonal) átszeli a Közel-Keleti és Észak-Afrikai régiót. Ezek kereszteződnek a Kelet-Ázsiai–Ausztráliai útvonallal, ezzel növelve a különböző madárfajok érintkezésének lehetőségét (5. ábra). Tehát különböző madárfajok milliói repülnek keresztül ezeken az országokon, és használják a lágvidékeket leszállóhelyként. A pihenőhelyek Egyiptom, Jordánia, Izrael, Szaúd-Arábia, Omán, az Egyesült Arab Emírátsok, Irak és Irán területein találhatóak. Emellett az állandó vadmadarak, mint a galamb, gerle, íbisz, verébfélék és hollófélék gyakoriak és széles körben elterjedtek ezekben az országokban, akik képesek a vad és a háztáji madarakkal is kapcsolatba lépni [13].



**5. ÁBRA.** Vadmadarak vonulási útvonalai a világban, valamint a Közel-Keleten és Észak-Afrikában

Az észak-afrikai és közel-keleti országok számos vadmadár vonulási útvonal mentén helyezkednek el, így különböző madárfajok milliói repülnek át ezeken az országokon. A vonuló madarak közé keveredve jelen vannak olyan állandó fajok is (galamb, verébfélék, hollófélék), melyek könnyen képesek háztáji baromfifajokkal kapcsolatba lépni [13]

**FIGURE 5.** Migratory flyways of wild birds in the Middle East and North Africa

Countries in Middle East and North Africa are located along several wild birds' migratory flyways. Thus, millions of different species of birds fly over these countries. Moreover, feral birds like pigeons, doves, ibis, sparrows and crows are frequent and widespread in these countries, which may come in contact with wild and domestic birds [13]

Ezáltal az említett régióban, a nagyszámú baromfiban már endemikusan jelenlevő H9N2 vírusok változatosságának növeléséhez könnyen hozzájárulnak a vadmadarak által behurcolt vírusok és *vice versa*, a tenyésztett állatok fertőzési forrásként jelentkehetnek, majd a már baromfihoz adaptálódott vírustörzsek a vadmadarak közvetítésével távoli területekre juthatnak el.

## VAKCINÁZÁS

Fontos megjegyezni, hogy a rutinszerűen alkalmazott biológiai biztonsági intézkedések nem elegendők a vírus bejutásának megakadályozásához. Miután a H9 LPAIV nem tartozik a bejelentés köteles betegségek közé, nem segítik a betegség megfékezését fokozott odafigyelést megkövetelő hatósági intézkedések. Így a védekezés fontos eszköze a vakcinázás, amely csökkenti az elhullások, a termelési mutatókra gyakorolt negatív hatások és a vírusterjedés mértékét. Dong és mtsai részletes áttekintést adnak a különböző vakcinatípusokról, beleértve a fejlesztési szakaszban levő technológiákat is [47]. Jelen összefoglalóban részletesebben csak a már forgalomban levő, ill. más betegségek esetén baromfiban már széles körben használt technológiákra térünk ki.

A nukleinsav alapú (DNS, mRNS vagy replikon) vakcinák egyelőre nem terjedtek el baromfiban, bár már léteznek törzskönyvezett vakcinák H5 HPAIV esetén.

Az alacsony patogenitású vírusokkal történő fertőződés esetén a lokális immunitás kiemelt jelentőségű, emiatt nem képesek az inaktivált vakcinák teljesen megakadályozni a H9 vírusok szaporodását és terjedését, bár jelentős mértékben csökkentik azt. Így további kutatások folynak olyan vektor alkalmazására, amely erős nyálkahártya-immunitást is ki tud váltani, tömegvakcinázásra alkalmas, és napos korban, maternális ellenanyagok jelenlétében hatékony vakcinázást tesz lehetővé [47].

Az immunizált baromfi hiányos védettsége gyakran szerepel a szakirodalomban. Ilyenkor nagyon gyakran kizárólag a vadvírusok antigénsodródásának eredményeként kialakuló hatékonyságcsökkenést tekintik a kudarc okának. Ahogy már a korábbiakban is utaltunk rá, ezen a szemponton túl számos egyéb tényező az elvárt hatékonyság elmaradásához vezethet, így pl. a rivális vírusos vagy bakteriális fertőzések, a fiatal életkorban maternális ellenanyagok jelenlétében beadott vakcinák szuboptimális működése, kis antigéntartalom/immunogenitású vakcinák. Mindez a rendszeres szerológiai tipizálás és a kontrollált körülmények között végzett keresztvédettség vizsgálatok szükségességére hívja fel a figyelmet.

## MEGVITATÁS

Az elmúlt két évtizedben az alacsony patogenitású H9N2 vírusok endémiás elterjedési területe baromfiban jelentősen megnövekedett, beleértve Észak-Afrikát és a Közel-Keletet. A pandémiás H9N2 vírusok baromfihoz jól adaptálódtak, hatékonyan terjednek. Tekintve, hogy a Magyarországot is érintő vadmadárvonulási útvonalak ezeken a területeken áthaladnak és a vadmadarak visszafertőzésére vannak már példák, legalább a vadmadárvonulási időszakokban javasolt a monitoringprogramba beépíteni az alacsony patogenitású madárinfluenza-vírusokra irányuló mintavételeket. A baromfiállományban enyhe felső légúti tünetek, tojástermelés-csökkenés észlelése vagy tünetmentesség mellett a termelési eredmények elmaradása esetén a differenciáldiagnózisban a H9N2 LPAIV-fertőzésre is gondoljunk!

*A vakcinázás csökkenti az elhullások, a termelési mutatókra gyakorolt negatív hatások és a vírusterjedés mértékét*

*A vadmadárvonulási időszakokban javasolt az LPAI-vírusokra irányuló mintavétel is*

## IRODALOM

1. Kishida N, Sakoda Y, Eto M, Sunaga Y, Kida H (2004) Co-infection of *Staphylococcus aureus* or *Haemophilus paragallinarum* exacerbates H9N2 influenza A virus infection in chickens. *Arch Virol* 149:2095–2104 <https://doi.org/10.1007/s00705-004-0372-1>
2. Verhagen JH, Lexmond P, Vuong O, Schutten M, Guldemeester J, Osterhaus AD, Elbers AR, Slaterus R, Hornman M, Koch G, Fouchier RA (2017) Discordant detection of avian influenza virus subtypes in time and space between poultry and wild birds; Towards improvement of surveillance programs. *PLoS One* 12:e0173470 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0173470>
3. Gao J, Wan H, Li X, Rakic Martinez M, Klenow L, Gao Y, Ye Z, Daniels R (2021) Balancing the influenza neuraminidase and hemagglutinin responses by exchanging the vaccine virus backbone. *PLoS Pathog* 17:e1009171 <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009171>
4. Mitnaul LJ, Matrosovich MN, Castrucci MR, Tuzikov AB, Bovin NV, Kobasa D, Kawaoka Y (2000) Balanced hemagglutinin and neuraminidase activities are critical for efficient replication of influenza A virus. *J Virol* 74:6015–6020 <https://doi.org/10.1128/jvi.74.13.6015-6020.2000>
5. Bosch FX, Garten W, Klenk HD, Rott R (1981) Proteolytic cleavage of influenza virus hemagglutinins: primary structure of the connecting peptide between HA1 and HA2 determines proteolytic cleavability and pathogenicity of Avian influenza viruses. *Virology* 113:725–735 [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(81\)90201-4](https://doi.org/10.1016/0042-6822(81)90201-4)
6. Chen D, Ji X, Harris MA, Feng JQ, Karsenty G, Celeste AJ, Rosen V, Mundy GR, Harris SE (1998) Differential roles for bone morphogenetic protein (BMP) receptor type IB and IA in differentiation and specification of mesenchymal precursor cells to osteoblast and adipocyte lineages. *J Cell Biol* 142:295–305 <https://doi.org/10.1083/jcb.142.1.295>
7. Klenk HD, Rott R, Orlich M, Blodorn J (1975) Activation of influenza A viruses by trypsin treatment. *Virology* 68:426–439 [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(75\)90284-6](https://doi.org/10.1016/0042-6822(75)90284-6)
8. Tse LV, Whittaker GR (2015) Modification of the hemagglutinin cleavage site allows indirect activation of avian influenza virus H9N2 by bacterial staphylokinase. *Virology* 482:1–8 <https://doi.org/10.1016/j.virol.2015.03.023>
9. Garten W, Klenk HD (1999) Understanding influenza virus pathogenicity. *Trends Microbiol* 7:99–100 [https://doi.org/10.1016/s0966-842x\(99\)01460-2](https://doi.org/10.1016/s0966-842x(99)01460-2)
10. Gohrbandt S, Veits J, Breithaupt A, Hundt J, Teifke JP, Stech O, Mettenleiter TC, Stech J (2011) H9 avian influenza reassortant with engineered polybasic cleavage site displays a highly pathogenic phenotype in chicken. *J Gen Virol* 92:1843–1853 <https://doi.org/10.1099/vir.0.031591-0>
11. Skehel JJ, Wiley DC (2000) Receptor binding and membrane fusion in virus entry: the influenza hemagglutinin. *Annu Rev Biochem* 69:531–569 <https://doi.org/10.1146/annurev.biochem.69.1.531>
12. Bullough PA, Hughson FM, Skehel JJ, Wiley DC (1994) Structure of influenza haemagglutinin at the pH of membrane fusion. *Nature* 371:37–43 <https://doi.org/10.1038/371037a0>
13. Nagy A, Mettenleiter TC, Abdelwhab EM (2017) A brief summary of the epidemiology and genetic relatedness of avian influenza H9N2 virus in birds and mammals in the Middle East and North Africa. *Epidemiol Infect* 145:3320–3333 <https://doi.org/10.1017/S0950268817002576>
14. Peacock THP, James J, Sealy JE, Iqbal M, (2019) A Global Perspective on H9N2 Avian Influenza Virus. *Viruses* 11:620 <https://doi.org/10.3390/v11070620>
15. Sun X, Belser JA, Maines TR (2020) Adaptation of H9N2 Influenza Viruses to Mammalian Hosts: A Review of Molecular Markers. *Viruses* 12:541 <https://doi.org/10.3390/v12050541>
16. Arbani O, Ducatez M, Houadfi ME, Fellahi S (2022) Low Pathogenic Avian Influenza: A Permanent Threat to Poultry Farming in Africa. in: Téllez-Isaías GJDL, Martínez-Aguilar PY (Ed.), *Broiler Industry*, IntechOpen, 2022
17. Carnaccini S, Perez DR (2020) H9 Influenza Viruses: An Emerging Challenge. *Cold Spring Harb Perspect Med* 10:a038588. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038588>
18. Lee DH, Swayne DE, Sharma P, Rehmani SF, Wajid A, Suarez DL, Afonso C (2016) H9N2 low pathogenic avian influenza in Pakistan (2012–2015). *Vet Rec Open*. 3:e000171 <https://doi.org/10.1136/vetreco-2016-000171>
19. Butt AM, Siddique S, Idrees M, Tong Y (2010) Avian influenza A (H9N2): computational molecular analysis and phylogenetic characterization of viral surface proteins isolated between 1997 and 2009 from the human population. *Viol J*. 7:319 <https://doi.org/10.1186/1743-422X-7-319>
20. Pu J, Wang S, Yin Y, Zhang G, Carter RA, Wang J, Xu G, Sun H, Wang M, Wen C, Wei Y, Wang D, Zhu B, Lemmon G, Jiao Y, Duan S, Wang Q, Du Q, Sun M, Bao J, Sun Y, Zhao J, Zhang H, Wu G, Liu J, Webster RG (2015) Evolution of the H9N2 influenza genotype that facilitated the genesis of the novel H7N9 virus. *Proc Natl Acad Sci USA* 112:548–553 <https://doi.org/10.1073/pnas.1422456112>
21. Wang J, Jin X, Hu J, Wu Y, Zhang M, Li X, Chen J, Xie S, Liu J, Qi W, Liao M, Jia W (2021) Genetic Evolution Characteristics of Genotype G57 Virus, A Dominant Genotype of H9N2 Avian Influenza Virus. *Front Microbiol* 12:633835 <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.633835>
22. Adel A, Abdelmagid MA, Mohamed AA, Wasberg A, Mosaad Z, Selim K, Shaaban A, Tarek M, Hagag NM, Lundkvist A, Ellstrom P, Naguib MM (2022) Genetic Variations among Different Variants of G1-like Avian Influenza H9N2 Viruses and Their Pathogenicity in Chickens. *Viruses* 14:1030. <https://doi.org/10.3390/v14051030>
23. Fusaro A, Monne I, Salviato A, Valastro V, Schivo A, Amarin NM, Gonzalez C, Ismail MM, Al-Ankari AR, Al-Blowi MH, Khan OA, Maken Ali AS, Hedayati A, Garcia Garcia J, Ziay GM, Shoushtari A, Al Qahtani KN, Capua I, Holmes EC, Cattoli G (2011) Phylogeography and evolutionary history of reassortant H9N2 viruses with potential human health implications. *J Virol* 85:8413–8421. <https://doi.org/10.1128/JVI.00219-11>
24. Wu H, Peng X, Peng X, Cheng L, Lu X, Jin C, Xie T, Yao H, Wu N (2015) Genetic and molecular characterization of H9N2 and H5 avian influenza viruses from live poultry markets in Zhejiang Province, eastern China, *Sci Rep*. 5:17508. <https://doi.org/10.1038/srep17508>
25. El Houadfi M, Fellahi S, Nassik S, Guerin JL, Ducatez MF (2016) First outbreaks and phylogenetic analyses of avian influenza H9N2 viruses isolated from poultry flocks in Morocco. *Viol J* 13:140 <https://doi.org/10.1186/s12985-016-0596-1>
26. Smietanka K, Bocian L, Meissner W, Zietek-Barszcz A, Zolkos K (2016) Assessment of the Potential Distance of Dispersal of High Pathogenicity Avian Influenza Virus by Wild Mallards. *Avian Dis* 60:316–321 <https://doi.org/10.1637/11080-040715-RegR>
27. Larbi I, Ghedira K, Arbi M, Butcher GD, Rego N, Naya H, Tougorti H, Lachhab J, Behi IE, Nsiri J, Ghrum A (2022) Phylogenetic analysis and assessment of the pathogenic potential of the first H9N2 avian influenza viruses isolated from wild birds and Lagoon water in Tunisia. *Virus Res* 322:198929 <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198929>

28. Meng Z, Han R, Hu Y, Yuan Z, Jiang S, Zhang X, Xu J (2014) Possible pandemic threat from new reassortment of influenza A(H7N9) virus in China. *Euro Surveill* 19:20699 <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es2014.19.6.20699>
29. Monne I, Hussein HA, Fusaro A, Valastro V, Hamoud MM, Khalefa RA, Dardir SN, Radwan MI, Capua I, Cattoli G (2013) H9N2 influenza A virus circulates in H5N1 endemically infected poultry population in Egypt. *Influenza Other Respir Viruses* 7:240–243 <https://doi.org/10.1111/ir.12500>
30. Lee DH, Torchetti MK, Winker K, Ip HS, Song CS, Swayne DE (2015) Intercontinental Spread of Asian-Origin H5N8 to North America through Beringia by Migratory Birds. *J Virol* 89:6521–6524 <https://doi.org/10.1128/JVI.00728-15>
31. Caliendo V, Lewis NS, Pohlmann A, Baillie SR, Banyard AC, Beer M, Brown IH, Fouchier RAM, Hansen RDE, Lameris TK, Lang AS, Laurendeau S, Lung O, Robertson G, van der Jeugd H, Alkie TN, Thorup K, van Toor ML, Waldenstrom J, Yason C, Kuiken T, Berhane Y (2022) Transatlantic spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 by wild birds from Europe to North America in 2021. *Sci Rep* 12:11729 <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13447-z>
32. Jackwood MW, Stalknecht DE (2007) Molecular epidemiologic studies on North American H9 avian influenza virus isolates from waterfowl and shorebirds. *Avian Dis* 51:448–450 <https://doi.org/10.1637/7536-032706R.1>
33. Ramey AM, Reeves AB, Sonsthagen SA, TeSlaa JL, Nashold S, Donnelly T, Casler B, Hall JS (2015) Dispersal of H9N2 influenza A viruses between East Asia and North America by wild birds. *Virology* 482:79–83 <https://doi.org/10.1016/j.virol.2015.03.028>
34. Gu M, Xu L, Wang X, Liu X (2017) Current situation of H9N2 subtype avian influenza in China. *Vet Res* 48:49 <https://doi.org/10.1186/s13567-017-0453-2>
35. Liu WJ, Xiao H, Dai L, Liu D, Chen J, Qi X, Bi Y, Shi Y, Gao GF, Liu Y (2021) Avian influenza A (H7N9) virus: from low pathogenic to highly pathogenic. *Front Med* 15:507–527 <https://doi.org/10.1007/s11684-020-0814-5>
36. Matrosovich MN, Krauss S, Webster RG (2001) H9N2 influenza A viruses from poultry in Asia have human virus-like receptor specificity. *Virology* 281:156–162 <https://doi.org/10.1006/viro.2000.0799>
37. Adlhoch CFA, Gonzales JL, Kuiken T, Marangon S, Niqueux É, Staubach C, Terregino C, Aznar I, Chuzhakina K, Muñoz Guajardo I, Baldinelli F (2022) Avian influenza overview June – September 2022, pp 7597
38. WHO, Western Pacific Region Avian Influenza Weekly Update, 2022.
39. Heidari A, Mancin M, Nili H, Pourghanbari GH, Lankarani KB, Leardini S, Cattoli G, Monne I, Piccirillo A (2016) Serological evidence of H9N2 avian influenza virus exposure among poultry workers from Fars province of Iran. *Virology* 13:16 <https://doi.org/10.1186/s12985-016-0472-z>
40. Khan SU, Anderson BD, Heil GL, Liang S, Gray GC (2015) A Systematic Review and Meta-Analysis of the Seroprevalence of Influenza A(H9N2) Infection Among Humans. *J Infect Dis* 212:562–569 <https://doi.org/10.1093/infdis/jiv109>
41. Qi Y, Guo W, Liu C, Li W, Gu Y, Li S, Chen X (2021) Seroprevalence of influenza A (H9N2) virus infection among humans in China: A meta-analysis. *Microb Pathog* 155:104881 <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.104881>
42. Ebrahimi SM, Ziapour S, Tebianian M, Dabaghian M, Mohammadi M (2011) Study of infection with an Iranian field-isolated H9N2 avian influenza virus in vaccinated and unvaccinated Japanese quail. *Avian Dis* 55:195–200 <https://doi.org/10.1637/9538-092110-Reg.1>
43. Bonfante F, Mazzetto E, Zanardello C, Fortin A, Gobbo F, Maniero S, Bigolaro M, Davidson I, Haddas R, Cattoli G, Terregino C (2018) A G1-lineage H9N2 virus with oviduct tropism causes chronic pathological changes in the infundibulum and a long-lasting drop in egg production. *Vet Res* 49:83 <https://doi.org/10.1186/s13567-018-0575-1>
44. Perdue ML, Swayne DE (2005) Public health risk from avian influenza viruses. *Avian Dis* 49:317–327 <https://doi.org/10.1637/7390-060305R.1>
45. Bottcher-Friebertshauer E, Klenk HD, Garten W (2013) Activation of influenza viruses by proteases from host cells and bacteria in the human airway epithelium. *Pathog Dis* 69:87–100 <https://doi.org/10.1111/2049-632X.12053>
46. (FAOSTAT) T.F.a.A.O.C.S.D., 2017.
47. Dong J, Zhou Y, Pu J, Liu L (2022) Status and Challenges for Vaccination against Avian H9N2 Influenza Virus in China. *Life (Basel)* 12:1326 <https://doi.org/10.3390/life12091326>
48. Pan X, Su X, Ding P, Zhao J, Cui H, Yan D, Teng Q, Li X, Beerens N, Zhang H, Liu Q, de Jong MCM, Li Z (2022) Maternal-derived antibodies hinder the antibody response to H9N2 AIV inactivated vaccine in the field. *Animal Diseases* 2:9 <https://doi.org/10.1186/s44149-022-00040-0>
49. Lee DH, Park JK, Lee YN, Song JM, Kang SM, Lee JB, Park SY, Choi IS, Song CS (2011) H9N2 avian influenza virus-like particle vaccine provides protective immunity and a strategy for the differentiation of infected from vaccinated animals. *Vaccine* 29:4003–4007 <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2011.03.067>
50. Palya V, Tatar-Kis T, Mato T, Felföldi B, Kovacs E, Gardin Y (2014) Onset and long-term duration of immunity provided by a single vaccination with a turkey herpesvirus vector ND vaccine in commercial layers. *Vet Immunol Immunopathol* 158:105–115 <https://doi.org/10.1016/j.vetimm.2013.11.008>
51. Hein R, Koopman R, Garcia M, Armour N, Dunn JR, Barbosa T, Martinez (2021) A Review of Poultry Recombinant Vector Vaccines. *Avian Dis* 65:438–452 <https://doi.org/10.1637/0005-2086-65.3.438>
52. Liu L, Wang T, Wang M, Tong Q, Sun Y, Pu J, Sun H, Liu J (2019) Recombinant turkey herpesvirus expressing H9 hemagglutinin providing protection against H9N2 avian influenza. *Virology* 529:7–15 <https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.01.004>
53. Wang D, Yang L, Gao R, Zhang X, Tan Y, Wu A, Zhu W, Zhou J, Zou S, Li X, Sun Y, Zhang Y, Liu Y, Liu T, Xiong Y, Xu J, Chen L, Weng Y, Qi X, Guo J, Li X, Dong J, Huang W, Zhang Y, Dong L, Zhao X, Liu L, Lu J, Lan Y, Wei H, Xin L, Chen Y, Xu C, Chen T, Zhu Y, Jiang T, Feng Z, Yang W, Wang Y, Zhu H, Guan Y, Gao GF, Li D, Han J, Wang S, Wu G, Shu Y (2014) Genetic tuning of the novel avian influenza A(H7N9) virus during interspecies transmission, China, 2013. *Euro Surveill* 19:20836. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es2014.19.25.20836>

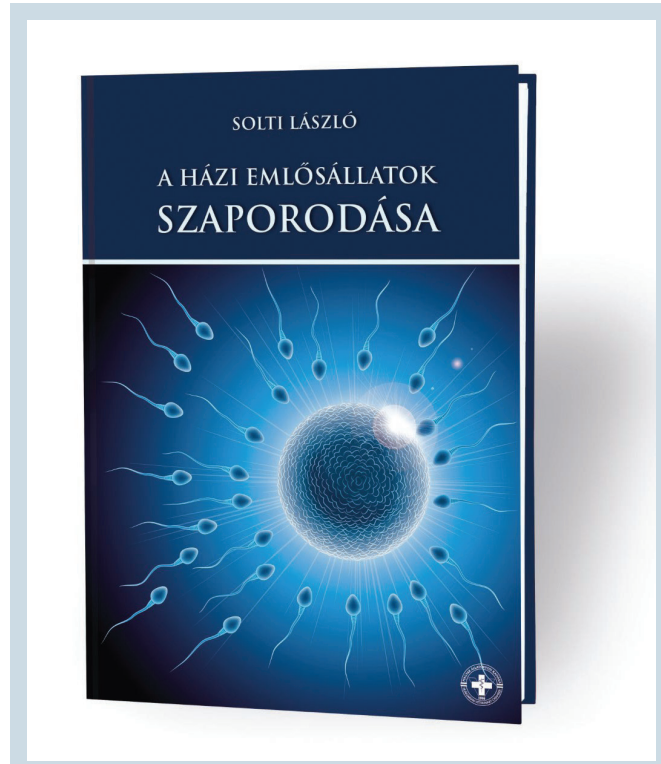
Közlésre érk.: 2022. okt. 24.

## Solti László (szerkesztő és szerző): „A házi emlősállatok szaporodása” című egyetemi tan- és szakkönyvről

A Magyar Állatorvosi Kamara (MÁOK Kft) kiadásában megjelent tan- és szakkönyv több tekintetben is igen nagy vállalkozásnak tekinthető. Egyrészt a kiadvány szerkesztője (SOLTI LÁSZLÓ akadémikus professzor) olyan kilencfős szerzőgárdát (BAJCSY ÁRPÁD CSABA, KLAUS-PETER BRÜSSOW, CSEH SÁNDOR, FODOR LÁSZLÓ, MÜLLER LINDA, NOVOTNINÉ DANKÓ GABRIELLA, RÁTKY JÓZSEF, SOLTI LÁSZLÓ, VINCZE BOGLÁRKA) sorakoztatott fel, akik maguk is egy-egy szakterület nemzetközileg is elismert szaktekintélyei. Másrészt a mű olyan szerteágazó szakterület összefogását és egységes rendszerbe foglalását vállalta fel, amelyre az eddigi hasonló témájú tan- és szakkönyvek nem vállalkoztak. Már a könyv címe is árulkodó, hiszen ezt a korábban „háziállatok szülészete és szaporodásbiológiájaként” jelzett témakört, amely állatfajonként tartalmazta, a reprodukciós endokrinológia, a ginekológia, az andrológia, a klasszikus szülészet, a meddőség, és esetenként a tögygyulladások témakörét is, most egyetlen és nagyon találó „szaporodás” magyar szakifejezéssel olvasztotta egységbe a szerkesztő. Ennek a nemzetközi irodalomban általában reprodukcióként megjelenő szakifejezésnek kitűnő magyar megfelelője a „szaporodás”.

Jelen munka felöleli a háziállatok szülészetének és szaporodásbiológiájának teljes területét, ebben a tekintetben egyedülálló tan- és szakkönyv, mivel a hasonló tárgyú korábbi kiadványok inkább csak egyes részterületek (szülészet és szaporodásbiológia, terméketlenség, meddőség, andrológia és mesterséges termékenyítés) különálló feldolgozására vállalkoztak. SOLTI LÁSZLÓ szerkesztésében kiadott könyv 10 fejezetben együtt tárgyalja a házi emlősállatok szaporodásának szinte minden vonatkozását, így az élettani alapokat, az állatszülészeti klinikai és klinikopatológiai ismereteket (terméketlenségi kórképeket) állatfajonként, a szaporodásbiológiában jelentős fertőző betegségeket és külön fejezetben a szülészeti segélynyújtást állatfajokon átnyúlóan, továbbá a biotechnológiai eljárásokat és az andrológiai ismereteket is.

A 10 fejezetben összefoglalt kiadvány csak a gyakorlat szempontjából legfontosabb emlős állatfajokra, így a lóra, a szarvasmarhára, a kiskérődzőkre, a sertésre, valamint a kutyára és a macskára terjed ki. Más házi emlősfajok (pl. nyúl, prémesállatok) ilyen irányú ismereteit más szakkönyvek tárgyalják.



A kiadvány közel A/4-es mérete és kéthasábos oldalú szedése is újdonság a hasonló témájú hazai könyvek sorában, de figyelemre méltó a hatalmas és szerteágazó szakterület 500 oldalra történő sűrítése is, amelybe 449 kitűnő ábrát és fontos adatokat tartalmazó 76 táblázatot is sikerült betördelni. Ezekről külön is említést kell tenni. A tan- és szakkönyv mondandóját a nagyszámú színes ábra és kép nagyon jól egészíti ki, a képek és az ábrák nagyobbrészt, a leírt szöveghez képest, további plusz információt is hordoznak, szemléletesek, a hozzájuk kapcsolódó magyarázó szövegekkel pedig önmagukban is megállják a helyüket.

A nyomdai előkészítés, a tördelés, a borítóterv, továbbá számos ábra és kép átszerkesztése PERÉNYI JÁNOS művészi és kreatív munkáját dicséri.

Mint általában a többszerzős és gyakran a szerzők egyéni stílusa függvényében szinte természetesen heterogén kiadványoknál, itt is felmerül a teljes mű szaknyelvi és stiláris összhangjának és harmónikus voltának a kérdése. Amint arra a szerkesztő a könyv előszavában is utalt, ez a probléma jelen könyv szerkesztése során is fennállt. A szerkesztő ezt a nem

könnyű feladatot a fejezetek többszöri átolvasásával, részbeni korrigálásával és az orvosi szakkifejezések egységes írásmódjának következetes alkalmazásával gyakorlatilag megoldotta. A könyv átlapozása és egyes részeinek ismételt átolvasása meggyőzően igazolja, hogy a könyv szerkesztője és legnagyobb részének szerzője is kitűnő munkát végzett. Az egységes és kifogástalan írásmód, de a szinte egységesre harmonizált stílus is nagyon jól megmutatkozik a kézikönyvben. Meg kell jegyezni, hogy az írásmód, a megfogalmazás és az olvashatósság tekintetében az anyanyelvi és a szaknyelvi lektor (PINTÉR ZSOLT) következetes munkája is tetten érhető, ami nagymértékben hozzájárult a kézikönyv stiláris egységéhez. Végül is valamennyi fejezet mondandója, szigorúan szakkönyv jellege mellett is, rendkívül olvasható, nagyon jó stílusban íródott és jól érthető.

A tartalom kialakítása során több nemzetközileg elfogadott kézikönyvet is megemlítenek, közülük is kiemelkedik SINGER P. L.: Pathways to Pregnancy and Parturition c. 2014-es harmadik kiadása, amelynek szerzői több kitűnő, nagyon informatív színes ábra felhasználhatóságához járultak hozzá és növelték a kiadvány szemléletességét.

A könyv az alábbi 10 fejezetre tagolódik:

1. *Általános szaporodásbiológia* (szerző: SOLTÍ LÁSZLÓ): a 70 oldal terjedelmű fejezet a női nemi szervek anatómiai és élettani alapjait, a reprodukciós fázisokat, így a nemi ciklust, a vemhességet, az ellést és a laktációt tárgyalja. Ebben a nagyobb hangsúlyt kapó fejezetben a szerző részletesen és állatfajokon átnyúlóan taglalja a szaporodás neuroendokrinumát, a reprodukciós hormonokat és azok sokoldalú gyakorlati alkalmazását is. Ez az általános és fajokon átnyúló fejezet egyúttal megalapozza a rákövetkező fejezetek mondandóját is.

2. *A ló szaporodása* (szerző: SOLTÍ LÁSZLÓ): a 42 oldalas fejezet a ló szaporodásélettani és -kórtani ismereteit (ciklus, vemhesség, ellés, császármetszés, újszülött csikó ellátása, fertőző és nem fertőző rendellenességek, asszisztált reprodukciós technikák) foglalja egységbe. Kitűnően sikerült fejezet, amely akár önálló kiadványként is megállná a helyét.

3. *A szarvasmarha szaporodása* (szerző: VINCZE BOG-LÁRKA, közreműködött: SOLTÍ LÁSZLÓ): a 40 oldalas fejezet a szarvasmarha szaporodásélettani és kórtani tudnivalóit (ciklus, mesterséges termékenyítés, vemhesség, ellés, császármetszés, újszülött borjú ellátása, puerperium és involúció) ismereteit tartalmazza tömören. Ez is egyike a legjobb fejezeteknek.

4. *Kiskérődzők szaporodása* (szerző: CSEH SÁNDOR): a 17 oldalas, viszonylag rövidebb fejezet a juh és a kecske szaporodásélettani és kórtani faji sajátosságait összegezi, ahol külön hangsúlyt kap a juhok állomány szintű szaporodásbiológiai gondozásának (ivarzásinduk-

ciójának és ivarzászinkronizálásának) a kérdése is. A fejezetben a szerző gyakorlatiasan mutatja be az állomány szintű szaporodásbiológiai beavatkozások leglényegesebb mozzanatait.

5. *A sertés szaporodása* (szerzők: RÁTKY JÓZSEF, BRÜS-SOW KLAUS-PETER és NOVOTNINÉ DANKÓ GABRIELLA, közreműködött: SOLTÍ LÁSZLÓ): a 27 oldal terjedelmű többszerzős fejezet egy kicsit más megközelítésben és elrendezésben (születéstől az ivarérésig, mesterséges termékenyítés, fogamzástól a fialásig, szaporodási és terméketlenségi kórképek) foglalja egységbe a sertés szaporodásélettani és -kórtani sajátosságait. Ez az állomány szintű taglalás és gyakorlatias megközelítés kifejezetten érdekes és tanulságos.

6. *A kutya és a macska szaporodása* (szerző: MÜLLER MELINDA, közreműködött: SOLTÍ LÁSZLÓ): a jelenkor gyakorlati igényeihez is igazodva, ez a legterjedelmesebb fejezet. A szerzők 89 oldalon tárgyalják, elsősorban a kutya, de kisebb mértékben a macska szaporodásélettani és kórtani ismereteit. Ez a fejezet számos olyan alfejezetet is tartalmaz, amelyeknek inkább csak a kutya és a macska esetében van nagyobb gyakorlati jelentősége. Ilyenek pl. a vemhesség megszakítás, a nidációgátlás, az emlő- és a heredaganatok, valamint a prosztataelváltozások klinikuma és terápiája. A fejezet nagyon sok olyan újabb terápiás beavatkozást mutat be, amely a kisállatpraxisban dolgozó kollégák számára is nagy segítséget jelenthet.

7. *Fertőző betegségek szerepe a szaporodásban* (szerző: FODOR LÁSZLÓ): a 30 oldal terjedelmű fejezet a kézikönyv értékes részét képezi. A tájékozódni kívánó olvasó ebben a fejezetben kaphat választ minden olyan szaporodásbiológiai zavarra, megbetegedésre és meddőségi kórformára, amelyet valamilyen bakteriális, mycoplasmás, chlamydiás vagy vírusos, esetleg gombás fertőzés okozhat. A fejezet beiktatása újdonságnak számít és nagyban növeli a könyv értékét.

8. *Szülészeti segélynyújtás* (szerző: BAJCSY ÁRPÁD CSABA): a 66 oldal terjedelmű fejezet a klasszikus szülészeti segélynyújtás ismereteit (rendellenes tartások, helyeződések és fekvések megszüntetését) és a klasszikus műteti beavatkozásokat (császármetszést és magzatdarabolást) összegezi szarvasmarhahangsúlylyal, de más fajokat is érintve. Ez a szülészeti segélynyújtással foglalkozó és nagyszámú ábrát is bemutató fejezet kifejezetten a gyakorlat számára szolgál fontos útmutatóul.

9. *A szaporodás biotechnológiája* (szerző: SOLTÍ LÁSZLÓ, közreműködött: CSEH SÁNDOR): a 67 oldalas fejezet a könyv egyik legértékesebb és olyan újabb tudományos eredményeket (módszereket) is felsorakoztató részének tekinthető, amelyeket csak az utóbbi két évtizedben ismerhettünk meg. Az újabb szülészeti és szaporodásbiológiai eredmények zöme elsősorban a



korszerű biotechnológiai eljárások (más megnevezéssel asszisztált reprodukciós technikák) területén vált ismertté. Közülük is legfontosabbak az embrió-átültetés, az *in vitro* embrióelőállítás, az embriómélyhűtés, az ivardetermináció, a klónozás és a génmódosítási eljárások.

10. *Andrológia* (szerző: CSEH SÁNDOR): a 41 oldalnyi andrológiai fejezet koncentráltan és lényegretörően tartalmazza mindazon ismereteket, amelyeket a hím állatok szaporodásbiológiájáról, a mesterséges termékenyítésről, a spermamélyhűtésről és a spermiumok rendellenességeiről tudni érdemes. Nagyon szépen rendezett, tartalmas fejezet.

Összegezve, a nevezett fejezetek kitűnően és didaktikai szempontból is nagyon jól foglalják össze a témakörhöz tartozó legújabb állatszülészeti és szaporodásbiológiai szakirodalmi ismereteket. Valamennyi fejezet, mind tartalmi, mind stiláris tekintetben kifogástalan, szakmai írásmódja kiemelkedően jó, az valamennyi fejezetben példásan egységes. A mű felöleli a szakterület teljes spektrumát, de olyan újabb ismereteket és tudományos eredményeket is szintetizál, amelyeket csak az utóbbi évtizedben ismerhettünk meg. Ezek a szakismeretek elsősorban a korszerű biotechnológiai eljárások ismertetésénél kerültek be a kézikönyvbe. Valamennyi fejezet mondandója, szigorúan szakkönyv jellege mellett is, olvasmányos, egységes stílusban íródott és jól érthető. Megjelentetése, hasonló témájú tan- és szakkönyv hiányában, nagyon időszerű volt.

A könyv nem csak a graduális állatorvosképzésben és az állatorvosi praxisban dolgozó kollégáknak, hanem számos más szakterület szakembereinek (állattenyésztőknek, biológusoknak) is jó szívvel ajánlható.

A könyv szerzői:

- Bajcsy Árpád Csaba PhD, Dipl. ECBHM, állatorvos, Hannover
- Brüssow, Klaus-Peter PhD, biológus, Professor emeritus, Forschungsinstitut für Nutztierbiologie, FBN Dummerstorf
- Cseh Sándor DSc, Dipl. ECAR, állatorvos, egyetemi tanár, Állatorvostudományi Egyetem, Budapest
- Fodor László PhD, állatorvos, egyetemi tanár, Állatorvostudományi Egyetem, Budapest
- Müller Linda PhD, állatorvos, egyetemi adjunktus, Állatorvostudományi Egyetem, Budapest
- Novotniné Dankó Gabriella PhD, mezőgazdasági mérnök, Debreceni Egyetem
- Rátky József DSc, állatorvos, egyetemi tanár, Állatorvostudományi Egyetem, Budapest
- Solti László DSc, Dipl. ECAR, professor emeritus, Állatorvos-tudományi Egyetem, Budapest
- Vincze Boglárka PhD, állatorvos, egyetemi adjunktus, Állatorvostudományi Egyetem, Budapest

A könyvet lektorálták:

- Zöldág László professor emeritus
- Rusvai Miklós professor emeritus
- Könyves László egyetemi docens
- Anyanyelvi és szaknyelvi lektor: Pintér Zsolt
- Nyomdai előkészítés, tördelés, borítóterv: Perényi János
- Kiadó és forgalmazó: MÁOK Kft, a Magyar Állatorvosi Kamara gazdasági társasága

**Dr. Zöldág László**

# Beszámoló a „MASETA Ősz 2022” címmel megtartott sertésegészségügyi szakmai konferenciáról – 2022. november 3.

Az első „MASETA ŐSZ” konferencia (2021) zárszavában az akkori elnök, DR. NEMES IMRE úgy búcsúzott, hogy reméli, jövőre meg tudjuk rendezni a másodikát, hasonló létszámú érdeklődő részére és legalább olyan jó szakmai programmal, mint amilyen az első volt.

Hosszú, talán a megszokottnál is hosszabbnak érződő egy év telt el azóta, és most, túl a rendezvényen, kijelenthetjük, hogy NEMES doktornak valóra vált minden reménye, mert a második konferencia egy kicsit mindenben felülmúlta a tavalyit.

Amiben nem volt változás: a helyszín ismét a Four Points by Sheraton Kecskemét Hotel és Konferencia-központ volt, a maga megszokott kényelmével.

A másik hasonlóság, hogy az Elnökség egyöntetűen a „több-rövidebb-pörgősebb” típusú előadásrendet támogatta, így volt most is, és ez valószínűleg már a konferencia védjegye lesz a továbbiakban is.

A tavalyi antibiotikus témakörök után idén a sertéshústermelés egészét vettük górcső alá: az előadónk több szemszögből megközelítve mutatták be, mi a jelen helyzet, milyen jövőkép van a sertéságazat előtt, a tudományos szekcióban az emésztőszervei problémákra összepontosítottak, míg az utolsó részben gyakorlati tapasztalatokat osztottak meg a hallgatósággal.

Az előadások összefoglalója röviden:

DR. FÖLDI JÓZSEF, a Magyar Sertésegészségügyi Társaság újonnan választott elnökének megnyitója rövid és velős volt, nagy örömmel és lelkesedéssel üdvözölte a közel 170 résztvevőt. Néhány szóban összefoglalta, hogy a Magyarországon eddig tartott legjelentősebb sertésegészségügyi konferencia, az ESPHM 2022 milyen jól sikerült mind szakmai, mind pedig társasági rendezvényként. A MASETA tagjaiból választott (plusz egy külsős szakember) helyi szervezőbizottságban dolgozó kollégáknak külön megköszönte, hogy tudásukat, kapcsolataikat latba vetve segítettek egy ilyen színvonalú előadásorozatot levezényelni. Negyvenhat országból 1264 résztvevő gyűlt össze a Budapest Kongresszusi Központban, 60 előadás, majdnem 400 absztrakt és itt debütált az „elektronikus poszterek” rendszere is 339 rövid, tudományos cikkel. FÖLDI JÓZSEF külön kiemelte, hogy magyar előadó is lehetőséget kapott egy vezérszónoki pozícióra, mégpedig a MASETA egyik alapító tagja, DR.

SZABÓ ISTVÁN, aki a PRRS-mentesítés magyarországi eredményeit ismertette a Mentésítések témakörben.

A továbbiakban DR. ALBERT MIHÁLY mint rutinos levezető elnök vette át szót, bemutatta a szakmai programot, amit ismét három nagy blokkra osztottak fel:

1. A sertéshústermelés és -fogyasztás jelene, jövőbeli kilátásai. Válságkezelés
2. Egészséges emésztőcsatorna: az egyik kulcs az antibiotikumfelhasználás csökkentéséhez
3. Telepi menedzsment: lehetőségek a megfontolt antibiotikumfelhasználásban

Az első nagy témakörbe az Elnökség azért választotta a sertéstermeléssel kapcsolatos információkat, mert úgy ítélték meg, hogy érdemes lenne kicsit távolabbról tekinteni a sertéstartás egészére, nem csak a szűken vett szakmai látcsövön keresztül.





Ennek szellemében elsőként a Debreceni Egyetem Gazdaságtudományi Karáról DR. VIDA VIKTÓRIA kapta meg a szót.

#### A sertéshús és húskészítmények fogyasztói megítélése

Professzionális előadóként sok ismert és még több új információt mutatott be diáin VIDA doktornő. A múltban meglévő nagyon magas sertéshúsfogyasztási érték (44 kg/fő/év) erősen lecsökkent a kétezres évek fordulóján (30 kg/fő/év), amikor is a baromfi-húsok előretörték és azóta is megelőzik a sertéshúst. Sajnos, a nagyvilágban mutatkozó némi emelkedést csak a fejlődő országok növekvő fogyasztása mozgatja, a jóléti államokban mindenhol csökkenő tendenciát mutatnak a számok. Az okok: kulturális és szociális megatrendek, úgymint környezettudatosság, egészségesség és etikai megítélés, amik a sertéshústermelés vonatkozásában egyértelműen negatív irányultságúak a mai vásárlók és fogyasztók körében.

A legérdekesebb része az előadásnak ezután következett. Az előadó saját és más magyar kutatások eredményeit bemutatva elég *húsbavágóan* fájdalmasan érzékeltette azt, hogy hogyan vélekednek az emberek a sertéshúsról, mit mutatnak a statisztikai adatok. Ez utóbbiakat összesítve: az életkorral előrehaladva növekszik, az iskolai végzettséggel pedig fordítva korrelál, továbbá a kisebb településeken és a férfiak körében nagyobb a fogyasztás. Az általános vélemény szerint könnyen beszerezhető, kiváló minőségű, jól elkészíthető, ízletes, ellenben zsíros, egészségtelen, elavult, előregedő termék. Így aztán a fogyasztók asszociációi plastikusan úgy írhatók le, ha egy öregedő, kövér, vidéken élő, alacsonyabb végzettségű, sportot kerülő férfira gondolnánk!

A drámai összefoglaló végén összegzésre kerültek a sertéshúsfogyasztás csökkenésének okai és természetesen az előadó tanácsokat is adott a hallgatóságnak ahhoz, hogy mit lehet tenni a folyamat visszafordítása ügyében. Szükséges ehhez a sertéshús táplálkozásbiológiai előnyeit szélesebb körben ismertetni, minőségi feldolgozott és félkész ételek gyártását növelni, továbbá megkülönböztetett márkázási stratégiákat kialakítani és bevezetni a különböző célcsoportok elérése érdekében. A sertéshús „arculatát” pedig fiatalosabbá kell tenni, újrapozicionálni a piacon a fiatalok körében, hogy trendi és egészséges terméknek tekintsenek rá.

A következő előadásban a piac egy másik szegmenséből láttunk keresztmetszeti képet, a kereskedelmi vonalat idén HORVÁTH FERENC, a SPAR Magyarország Kft. vezetője képviselte.

*Sertéshús és -húskészítmények egy áruházlánc polcain*

HORVÁTH FERENC egy rövid cégismertetéssel kezdte mondanivalóját, amiből kiderült például, hogy a szomszédos Ausztriából indult útnak a vállalat, rengeteg kisebb-nagyobb üzletük mellett pedig mostanra kettő saját húsüzemmel is rendelkezik.

A SPAR elég erős a friss húsok értékesítésében, de látható az is, hogy a védőgázos csomagolású termékek részaránya is nagyon erősen megnövekedett az elmúlt időszakban. A cég kutatásai szerint a mai vásárlónak az alábbiak szerint változott meg a termékekkel kapcsolatos attitűdje: a korábbi minőség-biztonság-egészség-ár sorrend egyértelműen megváltozott, ma inkább az ár-minőség-biztonság-egészség sorrend érvényes. A kereskedők pedig a vásárlók igényeihez alkalmazkodnak, ezért az ő oldalukról nézve az alábbi javaslatokat próbálták ki itthon és a környező országokban a termelők pozícióinak erősítése céljából: helyi vagy regionális tájfajták, különleges húsú fajták tenyésztésbe állítása, GMO-mentes takarmányozás, a meglévő termelés minőségének emelése. Nem hallgatta el azt sem az előadó, hogy a jövőben a klasszikus húsok mellett a növényi hús és a mikrobiális hús is jelentős teret nyerhet a piacon, továbbá felhívta a figyelmet az ételhulladékok növekedésének problémájára is, előadását pedig azzal zárta, hogy sokkal több kommunikációt kíván a termelésben és az értékesítésben dolgozók között.

DR. ÁBRAHÁM TIBOR, aki a sorban következett, ismert arról, hogy régóta rendszeres gazdasági és közgazdasági előrejelzéseket készít, amiket a sertésiparban tevékenykedők előszeretettel használnak.

*A magyar sertéshústermelők versenytársai*

A mostani előadásában egyszerűnek tűnő feladatra vállalkozott, miszerint a környező és távolabbi sertésipari versenytársak milyen előnnyel-hátránnyal rendelkeznek a hazai termelőkkel szemben, ám természetesen ez sem olyan könnyen bemutatható/átlátható téma. A jelenlegi piaci krízis alapvető okaiaként – amely 2 éve tart – megjelölte a növekvő energia- és alapanyagköltségeket, a gyógyszerhasználati szigorításokat, a fertőző betegségeket (ASP), a szociális és politikai nyomást, valamint a felvásárlási árak alakulását. A német központi ár csökkent a német export megszűnésével és COVID-19 bejelentésével. Az európai nagy sertésstartó államokban csökken a sertéslelétszám, van olyan ország, ahol majdnem 20%-kal csökkentették a kocalétszámot (Nagy Britannia), de Dániában és Németországban is 7–8%-os ez az érték!

A továbbiakban ÁBRAHÁM doktor a környező országok sertéstermelési kapacitását, speciális jellemzőiket és egyéb hasznos információkat osztott meg a hallgatósággal. Néhány szemelvény ezekből az adatokból:

Csehország és Szlovákia pl. kifejezett exportőr malac- és hízóoldalon is, Ausztria megerősítette saját sertésiparát annyira, hogy húsexportőr és saját jegyzésű árak alapján vásárolja fel az alapanyagot, Horvátországban egyetlen nagy integrátornál van a kocák legnagyobb része és magyarországi vágóhidakon vágják le a legtöbb hízót, Romániát viselte meg legjobban az ASP kártétele és rengeteg vágókapacitása van kihasználatlanul.

A blokkban az utolsó felkérést FITOS GÁBOR, az MSTSZ ügyvezetője kapta, előadásában a magyar helyzetet vette górcső alá.

*A sertéságazat helyzete, kilátásai Magyarországon*

FITOS GÁBOR kezdésként beszélt az általa vezetett Magyarországi Sertésenyésztők és Sertésstartók Szövetségéről, amelynek ezernél is több tagja van majd' másfél ezer telephellyel, vagyis a tőlük származó elképesztő méretű adatbázisból elég reális képet tudnak alkotni és a közönség elé tárni.

Utolsó előadóként meg kell küzdenie azzal is, hogy az előzőekben a legtöbb statisztikai adatot már ismertették, így pl. az európai helyzet értékelésekor elég volt az egyetlen emelkedő kocaszámú országot, Spanyolországot említenie, és azt, hogy a teljes

önellátottság az utóbbi években kissé sérült, de még mindig közel 100%-os.

Az itthoni támogatási rendszerrel kapcsolatban elmondta, hogy a meglévő állatjóléti támogatások néhány évig még futnak (hízó 2025-ig, koca 2027-ig), de újak nem várhatóak. Az MSTSZ működteti a legnagyobb szabású teljes körű auditálási programot, az SMR-t, amelynek eddigi eredményei alapján itthon a hullakezelés területe a legkritikusabb pont, a vízellátás pedig a legjobban kezelt rész egy telep életében.

A jövő feladatai a Szövetség és a termelők részére ugyanazok lesznek: új állatjóléti előírásoknak való megfelelés, az AMR-előírásoknak való megfelelés, a környezetvédelmi előírások nagyobb mérvű figyelembevételével, ezen belül kifejezetten például a nitrogénterhelés csökkentésének témaköre az, amivel a nagyüzemi termelőknek mindenképpen foglalkozniuk kell a közeli jövőben, de ebben az MSTSZ segítséget fog nyújtani minden tagjának a továbbiakban is.

A megszokott lebonyolítás szerint a kérdések percei következtek, és minden előadó kapott megválaszolható vagy éppen csak kiegészítő jellegű hozzászólást.

A szünet után a második nagy témakörben a szűkebb értelemben vett egészségügyi problémákat járták körül a szakemberek, elsőként a malacok napos korban látható hasmenéses tüneteivel és kóroktanával kapcsolatban foglalta össze több ország adatait DR. RÉVÉSZ TAMÁS.

### Újszülöttkori hasmenések

Egészen 1926-tól indította a diákat Révész doktor, hiszen egy relikvia címlapján majdnem kerek száz évvel ezelőtt is a „coli-vérhas” cím díszelgett, vagyis nincs új a nap alatt. Innen egy huszárvágással a modern időkbe ugrott át, hiszen egy telefonon keresztüli internetes szavazásra buzdította a résztvevőket a saját tapasztalataikkal kapcsolatosan, négy egyszerű kérdés formájában.



A naposkori hasmenések (NH) hatásait mindenki jól ismeri, de egy kísérleti adatot külön a hallgatóság figyelmébe ajánlott: hasmenés nélkül közel háromszor nagyobb esélye van a malacnak túlélni az első élethetét! Ez az egyik fő oka annak, hogy érdemes minden erőfeszítést megtenni a malacért az első 4 életnapban. A másik, hogy egészen a hizlaldai korig ívelő hatása van a betegségnek elmaradt gyarapodás formájában.

Az *E. coli* különböző törzsei mellett több ágens is kialakíthat ebben a korban klinikai tüneteket: *Clostridium* spp., rota- és coronavírusok, amik gyakran együttesen is jelen vannak.

A továbbiakban az előadó külföldi és magyar adatokkal érzékeltette az NH elterjedtségét, viszont fel-

hívta a figyelmet arra, hogy önmagában a „hemolizáló *E. coli*” már messze nem elégséges diagnózis a vizsgálatok során, mivel rengeteg példa van a nem hemolizáló törzsek patogenitására is. A *Clostridium perfringens* A esetében pedig a  $\beta$ 2-toxint termelő törzsek okozhatnak napos korban súlyos hasmenéseket az első néhány napban, továbbá jellemző, hogy Európa-szerte a *C. perfringens* C manapság gyakorlatilag nem izolálható.

A védekezéssel kapcsolatban a higiénias és vakcinás oldalról is a megelőzésre hívta fel a figyelmet, mindezekelőtt pedig a főcstej minél nagyobb mennyiségű felvételére a lehető legtöbb malac esetében.

A szakmai részben sosem lehet kikerülni a sertés-takarmányozással kapcsolatos újabb és újabb ismereteket, ezen a rendezvényen ALPÁR BOTOND mutatta be a bélegészséggel összefüggő takarmányozási tudnivalókat.

### A takarmányformulázás jelentősége a bélegészség szempontjából

Az előadás – és a manapság elterjedt megközelítés – a mikrobióta, mint a magasabb rendű állatok (köztük az ember) bélrendszerében élő, a testet alkotó sejtek számánál nagyságrendekkel nagyobb mennyiségű bioorganizmus emésztésre és egészségre gyakorolt hatásaira fókuszált. E szerint a mikrobióta befolyásolása immunmodulációt jelent, és a befolyásolás egyik, ha nem a legfontosabb tényezője a takarmányozás.

A bélegészségre ható nagyszámú faktorok közül a formulázás témakörét bontotta ki a továbbiakban az előadó, ami nagy vonalakban a beltartalom optimalizálását jelenti. A kocatakmányozás esetében kiemelte, hogy a rostetetés ismertén fontos, de a rostok milyenségét is célszerű tudni, mert nem ugyanúgy viselkednek a metabolizáció során a koca szervezetében. A malacok takarmányozása során törekedjünk a jó minőségű alapanyagok felhasználására és így lehet alacsonyabb, de jobban emészthető fehérjeszinteket is beállítani a malactápokban. Manapság adott esetben a takarmánykiegészítők használata történhet akár telepre adaptáltan is, ezek enzimek, növényi kivonatok, pre- és probiotikumokat jelentenek. A hízók takarmányozása a korszerű hibridek korában már a genetikához jobban kötődik, mint a telepi lehetőségekhez, de ez utóbbit természetesen figyelembe kell venni a fázisos takarmányozás kivitelezése érdekében. A hízótápokra vonatkozó 1 napos fermentálással kapcsolatosan ígéretes eredményeket mutatott be, az előemésztési fázisban felszaporodnak a szerves savak, csökken a pH, ez hatással van a bélben lévő mikroorganizmusokra, továbbá endogén enzimek aktiválódnak, összességében nagyon kedvező alimentáris hatást lehet elérni e technika használatával.

A sertéstartók egyik nagy ellensége az akár a legjobb állományokban is előforduló és jelentős gazdasági veszteséget okozó kórokozó, a *Lawsonia intracellularis*, az ileitis okozója. Ezért kapott felkérést DR. BÚZA LÁSZLÓ az ileitis diagnosztikájához tartozó új vizsgálati metodika bemutatására.

#### *Ileitis – diagnosztikai eszközök, lehetőségek*

Népes szakembergárda – többük is a MASETA tagja – együttes munkája alapján fejlesztették ki az EnteriPig nevű diagnosztikai vizsgálati módszert, amely egy gyors, egyszerűen megtanulható és az egyéb vizsgálati technikákkal jól korreláló eredményt adó eszközt ad a használói kezébe. A jelenlegi laboratóriumi diagnosztikában a szerológia és a PCR az uralkodó módszer, viszont vérmintákat, bélsarakat, komoly eszközparkot igényelnek.

Az EnteriPig módszer egy olyan technika, mellyel a vágóhídon gyűjtött bélszakaszok szemrevételezési és tapintásos vizsgálatával és azok pontozásával azonnali eredményhez jut a vizsgáló az állomány státuszával kapcsolatosan, hasonlóan például egy tüdővizsgálat-hoz. Egyszerű pontozást alkalmaz (0–3), 25–30 csípőből gyűjtése és vizsgálata elegendő információval szolgál az ileitis-státuszról. BÚZA doktor véleménye szerint nagyon rövid idő alatt megtanulható a bélnyálkahártya felületének érzékelése, a ráncok elsimíthatóságának eldöntése és ma már tucatnyi állatorvos és állatorvos-hallgató el tudja végezni a pontozást. Bemutatta a diákon az egyes kategóriákra jellemző makroszkópos képet, amikből sokan csak a negatív verziót vagy a leg súlyosabb (heveny) ileitist látták eddig élőben, felhívva a figyelmet a kettő közötti, szubklinikai formákra, amely a legalattomosabb probléma mind közül. A meglévő technikákkal (kórszövettan, immunhisztokémia) statisztikai értékelések szerint szignifikánsan azonos eredményeket ad és ezek az eredmények alkalmasak közgazdasági értékelések elvégzésére is.

A kérdések és a szünet után következett az utolsó nagy blokk, amely gyakorlati példákat bemutató előadásokat tartalmazott, benne a való életből származó számokkal, adatokkal.

Elsőként a legnagyobb hazai sertésenyésztő cégcsoport, a Bonafarm főállatorvosa, DR. OROSZ ADÉL foglalta össze az eddigi törekvésük eredményeit.

#### *Tapasztalatok a ZnO- és antibiotikummentes takarmányozással*

A Bonafarm vállalati struktúrájának lényege, hogy általa megvalósították a „földtől/farmtól az asztalig” szlogent a maga teljes valóságában. Sertéstartói oldalról ez évi 750 000 hízósertés-kibocsátását jelenti, saját takarmányozásra és integrációs partnerekre alapozva. A cégnél a rendeletben előírt hatá-

ridőknél jóval előbb nekiálltak a cink-oxidtól és antibiotikumoktól mentes takarmányozás bevezetésére, így sok tapasztalat gyűlt össze az állatorvosok és a takarmányos szakemberek kezében.

Elsőként leszögezte OROSZ doktornő, hogy a cink-oxid a legköltséghatékonyabb megoldás (volt) a választás utáni problémák kiküszöbölésére, legyen az egészségügyi vagy tartástechnológiai eredetű. Az



előnyök mellett „szinte” eltörpültek a hátrányok és olcsó volt bekeverve etetni a battériás fázisban. Egy ilyen hatékony kezelési módot nem lehet egy készítménnyel pótolni, erre korán rájöttek, telepre szabott megoldás kell ahhoz, hogy a multifaktoriális hasmenéses hátteret feltárják és kiküszöböljék.

Egyik legfontosabb részfeladat a takarmányozási koncepció megváltoztatása volt, aminek célja a malacok emésztéselettani potenciáljának maximális kiaknázása/támogatása a legkülönbözőbb módon, például a beltartalmi paraméterek és a takarmányösszetevők drasztikus megváltoztatása.

Az említettekre alapozva kísérleteket végeztek saját tenyésztésű malacokkal, eltérő beltartalmú és kiegészítésű takarmányokat etetve velük, pontos egyedi mérésekkel és adatgyűjtéssel. A végkövetkeztetés szerint nem a választás utáni (prestarter) fázisban, hanem az azt követő hosszabb (starter) szakaszban lehet megközelíteni a cink-oxiddal elért eredményeket.

A továbbiakban az egyéb tényezőkről ejtett szót, mint pl. a malacok napos korban meglévő enterális vírusok okozta bélhámkárosodása, a választási testtömeg egységesítésére való törekvés, a tartástechnológiai alaphibák kiküszöbölése a malacok érkezése előtt (tipikusan a teremhőmérséklet és teremhigiéniá).

Az antibiotikummentes takarmányozásról szólva az előadó elmondta, hogy ekkora volumenben még nem elképzelhető a teljes mentesség, de a vakcinázási programok kiterjesztése így is óriási csökkenést hozott az összes érintett állomány esetében (battériás korban a *Streptococcus suis*, míg a hizlaldai korban az ileitis ellen).

Másodikként egy klasszikus praktizáló állatorvos, DR. VÖRÖS JÁNOS került sorra egy szintén a gyakorlatból merített összefoglalóval.

#### *Állategészségügyi menedzsment újratelepítés után*

Az előadó ellátó állatorvosként nagyon régóta dolgozik azon a sertéstelepen, amely felett ha nem is a Tisza, de az állategészségügy hullámai sajnos összecsaptak, így elkerülhetetlenné vált a kiürítés és szerencsére az újra betelepítés. Az egész folyamat néhány éve véget ért, így már egészen sok információval tudott szolgálni a hallgatóság számára.

A kiürítés után erős szervező munka indult meg egyrészt a telep felújítása és felkészítése, másrészt a jövőendő állomány kiválasztása érdekében és egy harmadik fronton is partnert kerestek maguknak: egy állategészségügyi szakmai partnert, ami telepi körülmények között is azonnal használható segítséget tud adni. A legfontosabb tényezők között említette azt is, hogy a dolgozókat rendszeres képzésnek vetették alá, kiemelve azt, hogy a több-rövid (maximum 15 perces) változatra szavaztak és ez nagyon jó döntésnek bizonyult.

A betelepítés gyakorlati kivitelezésében felmerültek technikai gondok (pl. a hullaégető nem érkezett meg időben), de a szoros kontrollnak köszönhetően ezen is úrrá tudtak lenni, mindenáron ragaszkodva az első számú szabályhoz: a külső és belső járványvédelem betartása a legfontosabb feladat!

A korábbi állatorvosi fókuszpont egyértelműen megváltozott azzal, hogy proaktívabbá kellett válni, egyértelműen a megelőzésre kellett sokkal nagyobb hangsúlyt fektetni, a telepi munkát gyakrabban kell ellenőrizni, kiigazítani a rossz technológiákat, rendszeres intézeti diagnosztikai vizsgálatokkal alátámasztani a lehető legtöbb megbetegedést, elhullást a szakszerű beavatkozás meggyorsításának érdekében. Ezekon felül a telep életében mind a tulajdonosok felé, mind pedig a dolgozók felé minél több kommunikációt kell megvalósítani.

Szinte az utolsó szó jogán VÖRÖS doktor elmondta azt is, hogy állatorvosként manapság két tűz között érzi magát: a tulajdonosi és a hatósági oldal egyaránt próbálja az állatorvost megtenni a szakmai munka (szinte egyetlen) felelősének, amit ebben a formában ő aránytalannak tart.

Az előadás végén néhány adattal szemléltette az újratelepítés eredményességét: kevesebb kocával és kisebb takarmányköltséggel jóval több hízót és élő-tömeget tudnak előállítani, természetesen a jövedelmezőség erőteljes növekedésével együtt.

A nap utolsó meghívottja DR. GOMBOS LÁSZLÓ volt, aki tavaly is részt vett előadóként a rendezvényen.

#### *Mi van a számok mögött? Az antibiotikumfelhasználás piszkos titkai*

DR. GOMBOS LÁSZLÓ szaktanácsadóként rengeteg telepre eljutott az utóbbi években, szaktudásával csőre töltött puskájának célkeresztjébe pedig az AMR kérdésköre és a 'felmérés-csökkentés' gyakorlati megvalósítása került.

Bemutatta az EU-n belüli antibiotikumfelhasználást – országok szintjén – ábrázoló grafikonokat, kiemelve a jókat és rosszakat, de megemlítve a számolásból adódó bizonytalanságokat is. A magyar telepi tapasztalatok szerint óriási szórás van telep és telep között, ezért így lehet ez más országban is.

A hatósági előírás szerint a telepi ellátó állatorvosnak adatokat kell gyűjteni és azt a NÉBIH felé elektronikus úton be is kell nyújtani, továbbá csökkentési tervet is kell készítenie. A kérdés, hogy erre van-e ideje, energiája, kedve? Nem mindenhol igen a válasz a gyakorlatban Gombos doktor szerint. Kissé borúlátóan vagy éppen realiztikusan látva a valóságot, szerinte sok telepen nagyon mélyről kell indulni az ilyen típusú munkával!

A saját munkájából adódóan bemutatta, hogy egy sikeres projekthez milyen stratégia szükséges: megfelelő célok kitűzése, adatokat szerezni a telepi jelen gyógyszerhasználatról és a legvégén az elemzési munka. Ehhez manapság nem elég az egyszerű információ az egyes hatóanyagokról vagy kórokozókról, legtöbbször ennél részletesebb farmakokinetikai vagy éppen mikrobiológiai-járványtani ismeretek szükségesek a helyes döntéshez. Ezek az ismeretek jelenleg csak egy (tovább)képzett állatorvosnak elérhetőek, de így is kellhet segítség a tervezésben, a projekt lebonyolításában. Az előadás végén kiemelte azt is, hogy a telepi kollégáknak nem az a feladata, hogy teljesen eltüntesse az antibiotikumokat a sertéstelepek életéből, hanem az, hogy azokat okszerűen és értő módon tudják felhasználni azokban az esetekben, amikor megkerülhetetlen a használatuk. Ezt az álláspontot a telepi vezetők és a hatóság részéről ellenőrzést tartó szakemberek felé is meg kell tudni védeni, ami megfelelő információk és cselekvési tervek birtokában lehetséges.

Mint mindig, legvégül most is a kérdések percei következtek és az utolsó rész előadói kaptak többet is ebből, de a fegyelmezett előadóknak és a „szigorú” levezető elnöknek köszönhetően az időkeretet így is sikerült betartani.

A konferencia rövid, de velős zárásaként DR. FÖLDI JÓZSEF a jól megérdemelt ebéd mellé irányította a végig kitartó szakembereket, és itt azután az estébe nyúlóan tartottak a szakmai és baráti beszélgetések.

Ezúton is kifejezzük hálás köszönetünket a MASETA Ősz támogatóinak:

- kiemelt támogatóink voltak: Elanco, Eurofins Vet-control, MSTSZ.

- arany fokozatú támogatók voltak: Boehringer Ingelheim, Bonafarm Csoport, MSD, NÉBIH, Topigs Norsvin.

- ezüst fokozatú támogatók voltak: Agrofeed, Alltech, Dunavet

- bronz fokozatú támogatók voltak: HAGE, Virbac

A rendezésben, technikai lebonyolításban nyújtott segítséget köszönjük a Yes Travel Kft.-nek.

Amennyiben a Tisztelt Olvasók érdeklődnek a Társaság munkája iránt, esetleg - egyetértve célkitűzéseinkkel - szeretnének belépni és együtt dolgozni a sertéságazat jövője érdekében, keressék fel honlapunkat ([www.maseta.hu](http://www.maseta.hu)), Facebook-csoportunkat információért, írjanak nekünk bizalommal a [maseta@maseta.hu](mailto:maseta@maseta.hu) e-mail-címre.

Találkozunk 2023-ban is a MASETA által szervezett szakmai rendezvényeken, mert: A sertés fontos. *Értünk hozzá.*

**Dr. Kiss Krisztián**  
**MASETA**



**Litter management techniques in large-scale livestock farming**

Literature review

L. Kovács<sup>1,2\*</sup>L. Bánáti<sup>1\*</sup>L. Könyves<sup>1</sup>

1. Állatorvostudományi Egyetem,  
Állathigiéniai, Állomány-  
egészségtani Tanszék és Mobilklinika,  
H-1078 Budapest, István u. 2.

2. Poultry-Care Kft.,  
Újszász

\*A szerzők egyenlő mértékben  
járultak hozzá a tanulmányhoz

\*e-mail: kovacs.laszlo@univet.hu

# Alomkezelési módszerek a nagyüzemi állattartási gyakorlatban Irodalmi összefoglaló

**Kovács László<sup>1,2\*</sup>, Bánáti László<sup>1\*</sup>, Könyves László<sup>1</sup>****ÖSSZEFOGLALÁS**

A szerzők irodalmi adatok alapján bemutatják az egyes állatfajok különböző tartás-technológiai rendszerében kibocsátott üvegházhatású, valamint egyéb káros gázok, mint pl. az ammónia kibocsátásával, ill. az alom kezelésével ezt csökkenteni kívánó lehetőségeket. A 20. század robbanásszerű népességnövekedése és a nagyüzemi állattartás intenzív fejlődése kéz a kézben jártak egymással, számos ökológiai és ökonómiai problémát magukkal hozva, amelyeket az elmúlt évtizedekben egyre erősebben érzékelünk. A levegőt szennyező gázok koncentrációja folyamatosan nő a légkörben és ez jelentős környezetvédelmi kihívást jelent napjainkban. A nagyüzemi állattartás is hozzájárul a levegőszennyezéshez. Ez a tény egyre nagyobb figyelmet terel a haszonállatokhoz köthető gázok (pl. metán, ammónia, szén-dioxid stb.) kibocsátásával kapcsolatos kutatásokra, valamint az ezt – mind lokálisan, mind globálisan – mérsékelni képes megoldásokra. Egyik ilyen lehetőség a különböző alomkezelési technikák alkalmazása.

**SUMMARY**

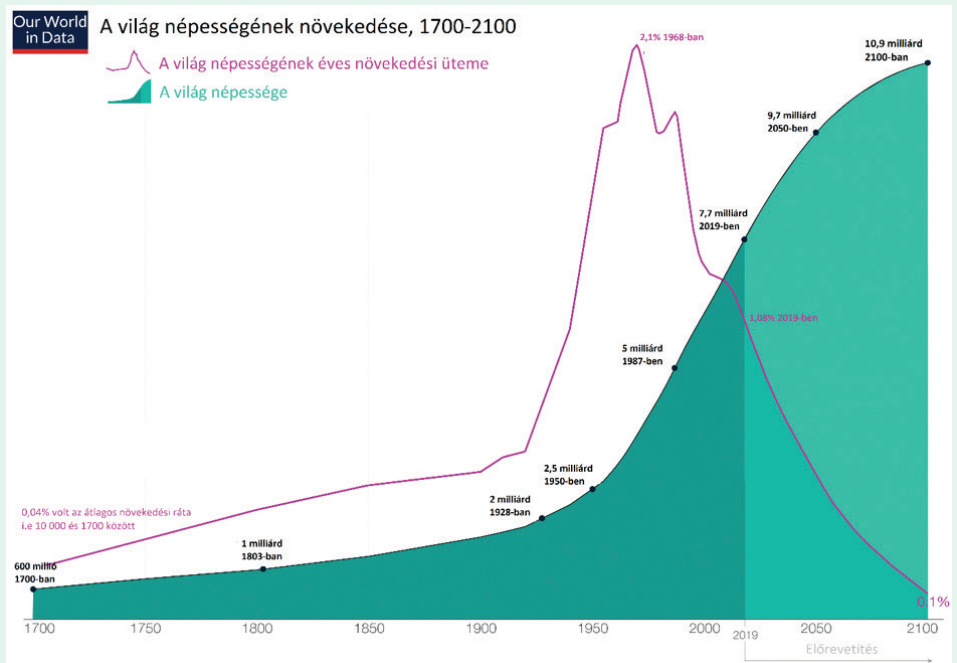
The explosion of population growth in the 20th century and the intensive development of large-scale, industrial livestock farming have gone hand in hand, bringing along a number of ecological and economic problems that have become increasingly apparent in the recent decades. The world population has more than doubled in the last 200 years. This intensive growth has also posed major challenges for agriculture, which has to supply the growing population with animal protein sources. As a result, continuous genetic selection and technological improvements have led to the modern large-scale livestock production. Animal production has developed at a rapid pace. The daily milk yield of dairy cows has doubled in the last 40 years. Whereas in 1957 the average weight of a 28-day-old broiler chicken was 316 g, this figure rose to 632 g in 1978 and 1396 g in 2005. Their feed conversion ratio fell by 50% between 1957 and 2005. This means that the bird needs half as much feed to gain 1 kg live weight. Apart from being a clear economic improvement, this also significantly reduces the environmental impact of poultry farming. However, genetic advances alone have not been sufficient to feed a rapidly growing population, so the number of farm animals has increased year by year at a staggering rate in the past decades, and with it the emissions of pollutants from their keeping. The world population of domestic chickens increased by 448% between 1961 and 2014. The rise in atmospheric concentrations of various harmful gases is one of the most important environmental issues of our time, and large-scale livestock farming is an integral source of the problem, accounting for around 75% of European ammonia emissions. This fact has led to increasing attention being paid to research into livestock-related emissions and the solutions that could potentially mitigate them, both locally in the barn and globally. One of these options is the use of different litter management techniques, which can be divided into technological or physical, chemical or biological methods. In this current summary, we look at ways to reduce the greenhouse and other harmful gases, such as ammonia, emitted by different farming systems for different farm animal species. In addition, we also look at potential ways to reduce them through proper litter management.

A világ népessége az elmúlt 200 évben több, mint hétszeresére gyarapodott. Míg a 19. század kezdetén körülbelül 1 milliárd főt számlált, addig napjainkban Földünk lakossága már átlépte a 8 milliárd főt. A népesség növekedési üteme a világtörténelmi események hatására ugyan ingadozott, csúcspontját 1968-ban érte el 2,1%-os növekedéssel, és szintézn ingadozásokkal ugyan, de azóta folyamatosan csökken, napjainkban pedig valamivel 1% alatt van az értéke. Jövőbeli becslések alapján további jelentős csökkenése várható, ám a világ népességét így is közel 11 milliárd főre becsülik 2100-ra [1] (1. ábra).

*Napjainkra Földünk lakossága már átlépte a 8 milliárd főt*

**1. ÁBRA.** A Föld népességének növekedése 1700-tól napjainkig, és becsült értéke 2100-ig (forrás: <https://ourworldindata.org/world-population-growth>)

**FIGURE 1.** The growth of the World's population from 1700 to the present, moreover estimated to 2100



*A brojlercsirkék növekedési erélye 1950 és 2005 között közel 400%-kal emelkedett, a fajlagos takarmányhasznosulás értéke pedig 50%-kal csökkent*

Ez az intenzív növekedés jelentős terhet és folyamatos fejlesztési igényt rótt a mezőgazdaságra is, amelynek eredményeképpen kialakult a mai modern növénytermesztés és nagyüzemi állattenyésztés. A haszonállatok genetikai szelekciója és az ennek megfelelően alakított tartási rendszerek, technológiák folyamatos fejlesztése együttesen lehetővé tette az intenzív termelést, így a növekvő népesség biztonságos ellátását állati eredetű fehérjével. A tejtermelő tehének napi tejhozama az elmúlt 40 évben duplájára nőtt [2]. A brojlercsirkék növekedési erélye 1950 és 2005 között közel 400%-kal emelkedett. Míg 1957-ben egy 28 napos brojler tömege átlagosan 316 g volt, addig 1978-ra ez az érték 632 g-ra, 2005-re pedig 1396 g-ra nőtt. A genetikai fejlődésnek számos gazdasági és környezeti hatása is van. Az egy kilogramm élőtömeg előállításához szükséges fajlagos takarmányfelhasználás értéke 1957 és 2005 között 50%-kal csökkent. Azon túlmenően, hogy ez egyértelmű gazdasági előrehaladást jelent, a baromfitartásból származó, környezetre káros hatások mértékét is jelentősen csökkentti. Gondoljunk csak bele, ha a madár ugyanazon vágási súly eléréséhez kevesebb takarmányt igényel, akkor egyrészt a takarmány előállításával kapcsolatos környezeti hatások (pl. a növénytermesztéshez felhasznált fosszilis tüzelőanyagokból származó üvegházhatású gázok kibocsátása és a mezőgazdasági földhasználat megváltozásával kapcsolatos kibocsátások) is csökkennek, másrészt trágyával és az ebből fakadó káros gázokkal is kevésbé terheli az állat a környezetet [3].

A genetikai előrehaladás azonban önmagában nem volt elengedő a nagyütemben gyarapodó népesség élelmiszerrel való ellátásához, így a haszonállatok száma évről évre jelentősen növekedett az elmúlt évtizedekben, ezzel együtt pedig a tartásukból fakadó károsanyagok kibocsátása is nagyobb. Legintenzívebben

## Legintenzívebben a brojlercsirke nagyüzemi tartásának mértéke növekedett

a baromfiipar, ezen belül is a házityúk, főleg a brojlercsirke nagyüzemi tartása növekedett. Ennek magyarázata egyrészt a rövid, kiszámíthatóbb nevelési idő, a gazdaságosság, a jó növekedési és takarmányhasznosítási mutatók, valamint a baromfi hús iránti növekvő fogyasztói igény.

Jelen összefoglalóban az egyes állatfajok különböző tartástechnológiai rendszerében kibocsátott üvegházhatású, valamint egyéb, állat-, ill. humánegészségügyi szempontból káros gázokkal kapcsolatos adatokat, ill. az egyes alomkezelési módszerek kibocsátást mérséklő hatását mutatjuk be (1. táblázat, 2. ábra).

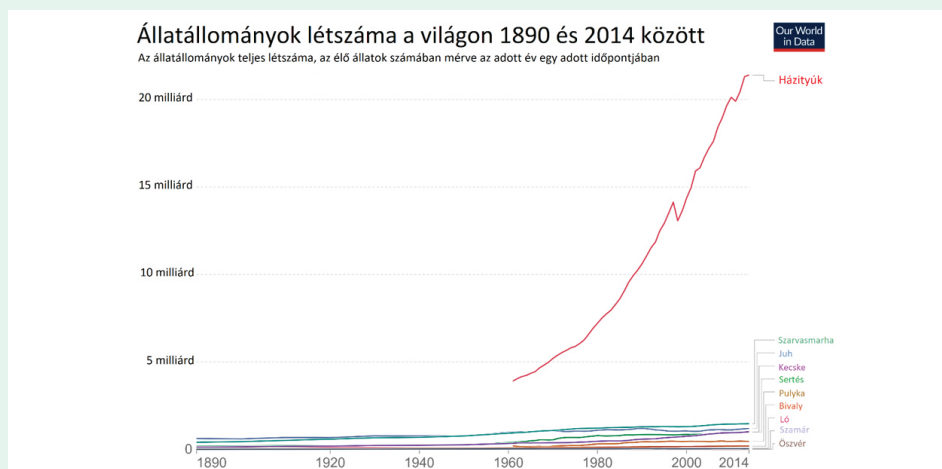
**1. TÁBLÁZAT.** A világ sertés-, pulyka-, házityúk- és szarvasmarha-állományának változása 1961 és 2014 között (az állományok nagysága darabszámban és a változás mértéke %-ban)  
(forrás: <https://ourworldindata.org/livestock-counts>)

**TABLE 1.** Changes of the world's pig, turkey and cattle herd size between 1961 and 2014 (number of herds and change in percentage (%))

Állatfaj	Sertés		Pulyka		Házityúk		Szarvasmarha	
Év	1961	2014	1961	2014	1961	2014	1961	2014
Állomány nagysága (db)	406,18 millió	958,67 millió	204,24 millió	462,87 millió	3,91 milliárd	21,41 milliárd	942,18 millió	1,47 milliárd
Változás mértéke	136%		127%		<b>448%</b>		56%	

**2. ÁBRA.** A haszonállatok egyedszámának növekedése 1890-től 2014-ig  
(forrás: <https://ourworldindata.org/grapher/livestock-counts>)

**FIGURE 2.** Growth the number of livestock (farming) animals between 1890 to 2014



## AZ EGYES ÁLLATFAJOK, ÉS A KÜLÖNBÖZŐ TARTÁSI RENDSZEREKBŐL FAKADÓ GÁZKIBOCSÁTÁSOK ÖSSZEHASONLÍTÁSA

A nagyüzemi haszonállattartásból fakadó káros anyagok kibocsátása több tényezőtől áll össze. Többek között a takarmányok megtermeléséhez szükséges gépi mezőgazdasági munkálatokból és az állatok szállításából fakadó fosszilis üzemanyagok elégetéséből, a telepeken nagymennyiségben felhasznált energia előállításából, az állatok élete során termelt gázok, a keletkezett hulladékok és trágya kibocsátásából stb. Bizonyos tényezők jobban, mások kevésbé befolyásolhatók és csökkenthetők [4–6].

A legfontosabb üvegházhatású gázok a szén-dioxid (CO<sub>2</sub>) és a metán (CH<sub>4</sub>). Előbbi az állatok energiatermelő folyamatából (biológiai oxidáció) származik és légzés útján távozik, míg utóbbi főleg a kérődzők bendőfermentációja során termelődik és a bendő-, valamint bélgázokkal távozik a környezetbe, de kisebb mennyiségben a monogasztrikus állatok emésztése során is keletkezik, valamint mikroorganizmusok hatására az alom tárolása során is termelődhet. Állat- és humánegészségügyi

## A legfontosabb üvegházhatású gázok a szén-dioxid és a metán

Egészségügyi szempontból kiemelkedő jelentőségű még az ammónia

2007-ben az EU-a üvegházhatású gázkibocsátásának 12–17%-a volt a nagyüzemi állattartáshoz köthető, aminek 60%-a a szarvasmarhatartásból eredt

Az európai ammóniakibocsátás mintegy 75%-a származik a nagyüzemi állattartásból

szempontból kiemelkedő jelentőségű, az állatok tartása során nagy mennyiségben keletkező szintelen, szúrós szagú gáz az ammónia (NH<sub>3</sub>), amely a fehérjék emésztéséből kiválasztódott nitrogénből származik, és kisebb mennyiségben közvetlenül is ürülhet az állatokból, nagyobb mennyiségben azonban az egyes nitrogéntartalmú metabolitok (karbamid, húgysav) környezetben történő mikrobiális bontásából keletkezik az alomban. Emlősállatok esetén főként karbamid, míg madarak esetén legnagyobb mennyiségben húgysav ürül az emésztett fehérjék végtermékeként [4–6]. A madarak ürülékében a húgysav 75%, a karbamid 5% és az ammónia 12% relatív megoszlással mutatható ki [7].

A baromfiialomba került nagymennyiségű húgysavat az ott lévő baktériumok java-része karbamiddá alakítja, majd ezt *Achromobacter*, *Alcaligenes*, *Corynebacterium*, *Cytophaga* és *Micrococcus* fajok ammóniává metabolizálják [8].

Az egyes állatfajok különböző mennyiségben termelik az említett gázokat, és ezt a tartástechnológia is nagymértékben befolyásolja. Az üvegházhatású gázok esetében egy 2007-es felmérés alapján a teljes Európai Unió kibocsátás 12–17%-a volt a nagyüzemi állattartáshoz köthető, ennek pedig 60%-a a szarvasmarhatartásból eredt (tejelő és húshasznú egyben) [9]. Az európai NH<sub>3</sub>-kibocsátás mintegy 75%-a származik a nagyüzemi állattartásból. Ezen gáz kibocsátása az alomkezelés és trágyaképződés minden fázisában előfordul: az állattartó épületekből közvetlenül, a trágyatárolás, valamint a trágya földekre való kibocsátása során, ill. természetesen legeltetés esetén egyaránt [10]. MITLOEHNER 2019-es tanulmányában az USA-ban az üvegházhatású gázok kibocsátásában az állattenyésztés 4,2% (amelyből a tejelő marha 1,37%, sertés 0,47%, baromfi 0,08%, juh 0,03%, kecske 0,01%, egyéb (lovak is) 0,04%), a szállítás 27%, míg az energiatermelés 31%-os részedéssel szerepel [11] (2. táblázat).

2. TÁBLÁZAT. Az egyes állatfajok NH<sub>3</sub>-, CO<sub>2</sub>-, CH<sub>4</sub>-kibocsátása különböző tartási módok esetén

TABLE 2. NH<sub>3</sub>, CO<sub>2</sub>, CH<sub>4</sub> emissions of different farm animal species at different housing technologies (keeping conditions) [10, 11, 12, 13, 15, 16]

Kibocsátott gáz	Szarvasmarha	Sertés		Házityúk	
	Mélyalom	Mélyalom	Rácspadozat	Mélyalom (brojlercsirke)	Feljavított ketrec (árutojó tyúk)
NH <sub>3</sub>	13,9 kg / állat / év	13,1 g / állat / nap	6,2 g / állat / nap	6,2 g / madár / hizlalási periódus	115,7 mg / madár / nap
CO <sub>2</sub>	28,1 kg / állat / nap	1,97 kg / állat / nap	1,74 kg / állat / nap	10,4 kg / madár / hizlalási periódus	86,4 g / madár / nap
CH <sub>4</sub>	1,3 kg / állat / nap	16 g / állat / nap	16,3 g / állat / nap	0,8 kg / madár / hizlalási periódus	90,0 mg / madár / nap

HUMÁN- ÉS ÁLLATEGÉSZSÉGÜGYI, VALAMINT ÁLLATJÓLÉTI SZEMPONTOK

Az üvegházhatású gázok légköri koncentrációjának megnövekedése által okozott klímaváltozás az elmúlt évtizedek egyik legégetőbb problémaköre, amely globálisan kihat egész bolygónk működésére. Az említett adatokból látható, hogy a nagyüzemi állattartás is jelentős mértékben hozzájárul ezen gázok megnövekedett kibocsátásához, azonban csökkentésükkel kapcsolatos lehetőségeink korlátozottak, hisz az állatok anyagcsere-folyamataik révén adott mennyiségben és formában termelik őket. Az ammónia kibocsátásának nagyobb mennyisége azonban nem közvetlenül az állatokból, hanem a különböző – nem gáz halmazállapotú – végtermékekből (karbamid, húgysav) az alomban, a környezetben lévő átalakulás után történik, így itt az alom megfelelő kezelésével csökkenthetjük a képződő mennyiséget.

Az ammónia leginkább az alomban képződik és onnan kerül a környezetbe

**Az ammóniának számos káros hatása van a környezetre, valamint az emberek és állatok egészségére egyaránt**

**Károsítja a légzőszervek nyálkahártyáját, gyengíti azok védekezőképességét**

Az ammóniának számos káros hatása van a környezetre, valamint az emberek és állatok egészségére egyaránt. Emelkedett légköri koncentrációja megnövelheti a felhők oxidációs rátáját, így fokozva a savas eső képződését. Hozzájárul az ökoszisztéma nitrogénlerakódásához [17] az eutrofizációhoz [18], a talajban lévő nitrifikáló baktériumok pedig nitrátokká alakítják, amelyek csökkentik a talajvíz pH-ját és növelik az ivóvíz nitrátkoncentrációját [19]. Hozzájárul az ún. *másodlagos szálló por* keletkezéséhez, amely mind az emberi, mind az állati egészségre veszélyes, mivel képes az alsó légutakba hatolni és az ott lévő szöveteket károsítani. Megnövekedett légköri koncentrációjának közvetlen hatása van az emberi légzőrendszerre, köhögést, orr-, valamint torokirritációt okoz. Baromfigondozók, ill. rakodómunkások esetén krónikus légzőszervi problémák, köhögés, mellkasi szorító érzés is nagyobb eséllyel kialakulhat [20]. Az ammónia a legnagyobb koncentrációban jelenlévő toxikus gáz a baromfiistállóban, ideális koncentrációja 10 ppm (parts per million) alatt van, de a 25 ppm-es határérték átmeneti elérése rövidtávon még nem okoz problémát. Az ammónia alkalikus hatása miatt irritálja és károsítja a madarak légzőrendszerének nyálkahártyáját és csillóit, ezáltal meggyengítve a légutak védekezési mechanizmusát, teret adva így a légzőszervi kórokozók számára [3]. Szöveti szinten a tüdőben és a légzsákokban gyulladást, a lymphoid és a kehelysejtek hyperplasiáját, valamint ödémát okozhat [21]. Tartósan magas légköri koncentrációja szaruhártya- és kötőhártya-gyulladást is okoz, [22] valamint a madarak immunválaszkészségére is károsan hat, mivel csökkenti a lymphocyták számát a perifériás vérben, késlelteti a lymphoid szövetek fejlődését és rontja a lizozim aktivitását is [23]. Brojler- és tojótyúkállományoknál a takarmányfogyasztás csökkenését tapasztalták nagy ammóniakoncentráció esetén [24]. Ezen problémákkal tehát az ammónia mind humán- és állategészségügyi, mind állattartási és gazdasági szempontból is nagy károkat képes okozni. Humánegészségügyi szempontból fontos megemlíteni, hogy az intenzív állattartásban, a gazdálkodók körében különösen nagy arányban fordulnak elő légzőszervi megbetegedések [25].

## ALOMKEZELÉSI TECHNIKÁK

Az említett káros hatások megfelelő almozással csökkenthetők [26]. A száraz, tisztá alomanyag megfelelő mennyiségben történő biztosítása alapvető jelentőségű, de ezen túlmenően számos alomkezelési technika, módszer létezik, amelyek alapvetően a következő három csoportba sorolhatók.

### FIZIKAI, TECHNOLÓGIAI MÓDSZEREK

A modern, nagyüzemi állattartás leggyakrabban zárt vagy félig zárt térben, istállóban történik, amelyekben az állatok életműködése és az egyes technológiai folyamatok megváltoztatják a levegő gázösszetételét, annak hőmérsékletét, ill. nedvességtartalmát. A belső, „elhasználódott” levegőt ezért folyamatosan cserélni kell külső, friss levegővel, amelyet a szellőztetőrendszerek biztosítanak. Általánosságban elmondható, hogy termoneutrális zónában az állatok fajának, fajtájának és korának megfelelően az optimális légmozgás 0,05–0,3 m/s közötti [27]. Baromfiistállók esetén az alagút- és keresztzellőzés a legelterjedtebb. A megfelelő légtechnika beállítása nagy körültekintést igényel. Nem csupán az alom szárazon tartását kell figyelembe venni, de az állatok komfortérzete és téli időszakban a meghűlés elkerülése is kifejezetten fontos, ezáltal számos állományegészségügyi probléma elkerülhető. Az alom megfelelő állapotának, szárazságának fenntartását is nagyban befolyásolja a szellőzés, amely az ammónia termelődését is csökkenti, hisz minél kevésbé nedves az alom, a mikroorganizmusok annál kevesebb ammóniát képesek előállítani. Az alom szellőztetésének, ill. szárazon tartásának egyik lehetséges módszere az alomforgatás, amely során bizonyos időközönként a mélyalmot „megforgatják”, miközben friss alomanyagot kevernek hozzá. Ez megváltoztatja az alom fizikai szerkezetét, hiszen a forgatás

**A modern, nagyüzemi állattartás leggyakrabban zárt vagy félig zárt térben, istállóban történik**

**Az istállóban megfelelően beállított ventiláció, illetve az alom szellőztetése is fontos eleme az ammóniaterhelés csökkentésének**

hatására kisebb darabokra esik szét az összetapadt alom, így az alomanyag nagyobb felületen tud átszellőzni, és szárazabban tartható [28]. Másik oldalról azonban, ha a forgatást nem kellő rendszerességgel végzik, akkor a megtapadt felületek között rekedt ammónia hirtelen, nagy mennyiségben felszabadulhat [29], valamint a nagyobb felület és a levegőztetés fokozza az aerob mikrobiális aktivitást és a hőtermelést, amely egyrészt növeli a vízgőz elpárolgását, másrészt azonban elősegíti az alomban lévő húgysav mikrobiális bontását, ezzel pedig az ammónia termelődését [30]. Az alom rendszeres forgatása megfelelő szellőzéssel és páratartalommal kombinálva hosszútávon csökkentheti az istálló ammóniakoncentrációját, azonban további kutatások szükségesek ennek egyértelmű bizonyításához [28].

### KÉMIAI MÓDSZEREK

Az alom kezelésre kémiai módszereket is alkalmaznak. Ezen készítmények hatóanyagai különböző alumíniumsók, amelyek képesek megkötni az alomban keletkező ammóniumiont ( $\text{NH}_4^+$ ), így csökkentve az  $\text{NH}_3$ -képződését. A legelterjedtebb közülük az alumínium-szulfát: 0,25 kg/m<sup>2</sup> alumínium-szulfát alomhoz való keverése 37 és 42 napos kor közötti brojlercsirkék esetében az ammóniatermelést 73,3%-kal képes mérsékelni, az alom pH-ját pedig 1,32-dal csökkenteni a kontroll csoportéhoz képest [31]. Az alumínium-szulfát alomkezelőként való használatának előnyei között megemlíthető többek között, hogy csökkenti az ammóniaképződést azáltal, hogy az alom pH-értékét savas irányba tolja el, javítja az állatok fajlagos energiafelhasználását azáltal, hogy ideálisabb környezeti körülményeket teremt számukra. Az előbbieken felül az alumínium-szulfát jelenlétében az oldható foszfor kicsapódik, ezáltal csökkenti a foszfor kiszivárgását az alomból, amely a szántóföldökre történő trágyakitermelésénél kifejezetten előnyös tulajdonság. Végül, de nem utolsó sorban összességében javítja a madarak teljesítményét, hiszen az állat igényeinek mind jobban megfelelő tartási környezetben jobbak a termelési mutatók, ill. erősebb az állatok természetes ellenállóképesége [5, 27].

Alumínium-klorid és kalcium-karbonát keverékének alomhoz való adagolása (40 g  $\text{AlCl}_3$  és 60 g  $\text{CaCO}_3$ /kg alom) a nevelési fázis első négy hetében, hetente mérve az alábbi százalékok szerint csökkentette az istálló ammónia koncentrációját: 55,3%, 56,4%, 20,1%, 35,8%. Az alom pH-ja 8,23-ról 6,87-re csökkent a kontroll csoportéhoz képest [32]. Pézsmarécék alomanyagába 10 és 20 g/kg koncentrációban kevert zeolit-klinoptilolit por szignifikánsan csökkenti az ammónia és szén-dioxid koncentrációkat az istálló levegőjében [33].

Egy másik lehetséges alternatíva a kémiai készítmények közül a nátrium-hidrogén-szulfát (nátrium-biszulfát), a nátriumnak kénsavval alkotott vegyülete. A baromfitermelésben korábban világszerte széles körben használták a baromfi-istállóban a levegő ammónia-szintjének szabályozására, az alom savanyítására, továbbá az üzemek HACCP-programjába foglalva a kórokozók számának csökkentésére, ill. számos bakteriális eredetű vagy stresszel összefüggő baromfimegbetegedés megelőzésére. A nátrium-biszulfát az alomban lévő ammóniát ammónium-szulfáttá alakítja, és az alom pH-értékét csökkenti. Telepi kísérletek és vizsgálatok eredményei szerint a nátrium-biszulfátot tartalmazó termékek használata során csökkent az ammóniaszint az istállók légtereiben, szintén csökkent az alom pH-értéke, javult az istállóban lévő állatok teljesítménye. Az előbbieken túlmenően a *Salmonella* és a *Campylobacter* baktériumok számának csökkenése, továbbá az alombogarak számának csökkenése volt tapasztalható [34].

### BIOLÓGIAI MÓDSZEREK

A biológiai alomkezelő módszerek közé különböző gyógynövények, valamint olyan mikroorganizmusok tartoznak, amelyek képesek bizonyos szerves anyagok fermentálására.

*Az alumínium-szulfát alomkezelőként való használatának számos előnye van*

*A nátrium-biszulfát ammónium-szulfáttá alakítja az alomban lévő ammóniát, és csökkenti az alom pH-értékét*

### A Mojave jukka poralakú kivonata csökkenti az ammóniakibocsátást ureázinhibitor hatására

### A *Bacillus licheniformis* csökkenti a folyékony trágyából felszabaduló ammónia mennyiségét

A Mojave jukka (*Yucca shidigera*) egy széles körben előforduló növény a sivatagokban, amelyet jótékony hatásai miatt széles körben alkalmaznak humán gyógyszeriparban, étrendkiegészítőkből és kozmetikumokban. Számos antioxidáns hatású vegyületet, polifenolokat, szaponinokat tartalmaz. Az ammóniakoncentráció csökkentését ureázinhibitor hatásán keresztül fejti ki. Árutozó tyúkok takarmányába kevert 100 ppm *Yucca shidigera* por formájú kivonat szignifikánsan csökkenti az ammóniakibocsátást [35].

A *Bacillus licheniformis* egy termofil mikroorganizmus, amely  $10^4$ – $10^5$  CFU/g szárazanyagérték felett, pH 7 alatt képes leghatékonyabban szerves anyagokat bontani [36]. A folyékony trágyából felszabaduló ammónia mennyiségét HOPPENSACK és mtsai 28%-kal (w/w) voltak képesek csökkenteni a baktérium felhasználásával [37]. A gáz peptidoglikánná, nukleinsavvá, fehérjévé és poliaminosavvá, valamint poli- $\gamma$ -D-glutaminsavvá alakult.

## MEGVITATÁS

A nagyüzemi állattartás levegőt szennyező káros gáz kibocsátása napjaink egyik jelentős környezetvédelmi kihívása. Az állatok teljes életciklusa alatt felhasznált alomanyag, ill. szerves trágya istállóban és azon kívüli kezelésének, valamint tárolásának optimalizálása, megfelelő menedzsmentje csökkenti az állattartó épületekben a levegő káros gáz koncentrációját, ezzel a globális kibocsátás is jelentősen mérsékelhető. Ehhez számos fizikai, technológiai, kémiai és biológiai módszer áll rendelkezésre a gyakorlatban. Használatukkal helyi szinten számos állategészségügyi és állatjóléti probléma megelőzhető, akár a humánegészségügyi problémák előfordulása is csökkenthető, globálisan pedig környezetünk állapota és annak védelme javítható mindemellett, hogy a nagyüzemi állattartás gazdaságos szinten tartható, sőt, bizonyos esetekben javítható, hiszen az állatok tartáshelyének javítása, azok komfortérzetének, így életminőségének javulását, végső soron a termelékenység növekedését vonhatja maga után.

## KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A TKP2020-NKA-01 számú projekt a Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból biztosított támogatással, a Tématerületi Kiválósági Program 2020 (2020-4.1.1-TKP2020) pályázati program finanszírozásában valósult meg.

## IRODALOM

1. Max R, Rodés-Guirao L (2013) „Future Population Growth”. Our World in Data. <https://ourworldindata.org/future-population-growth>
2. Pascal O, Broom D (2010) The impact of genetic selection for increased milk yield on the welfare of dairy cows. *Animal Welfare* 19:39–49
3. Zuidhof MJ, Schneider BL, Carney VL, Korver DR, Robinson FE (2014) Growth, Efficiency, and Yield of Commercial Broilers from 1957, 1978, and 2005. *Poultry Sci* 93:2970–2982 <https://doi.org/10.3382/ps.2014-04291>
4. Nagy G (1990) A rekonstrukció szükségessége a húshibrid baromfi tartásában. *Magy Állatorvosok Lapja* 45:410–415
5. Rafai P (2003) Állathigiéna és állomány-egészségtan. Agroinform Kiadó, Budapest
6. Rafai P, Baltay M, Zádori L, Slezák G (2004) A sertéshústermelés fejlesztésének biológiai és ökológiai szempontjai. *Magy Állatorvosok Lapja* 126:732–740
7. Stevens L (1996) *Avian Biochemistry and Molecular Biology*. Cambridge University Press, Cambridge
8. Schefferle HE (1965) The Decomposition of Uric Acid in Built Up Poultry Litter. *J Appl Bacteriol* 28:412–420 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.1965.tb02171.x>
9. Bellarby J, Tirado R, Leip A, Weiss F, Lesschen J, Smith P (2013) Livestock Greenhouse Gas Emissions and Mitigation Potential in Europe. *JRC Publications Repository* 19:3–18 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2012.02786.x>
10. Webb J, Menzi H, Pain BF, Misselbrook TH, Dämmgen U, Hendriks H, Döhler H (2005) Managing Ammonia Emissions from Livestock Production in Europe. *Environmental Pollution, The National Atmospheric Deposition Program (25th Anniversary) and Ammonia Workshop*, 135:399–406 <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2004.11.013>
11. Mitloehner F (2019) Livestock and Climate Change: Facts and Fiction. In: Engle T, Klingborg DJ, Rollin BE: *The Welfare of Cattle*. CRC Press, Taylor and Francis Group LLC. pp 14.

12. Alberdi O, Arriaga H, Calvet S, Estellés F, Merino P (2016) Ammonia and Greenhouse Gas Emissions from an Enriched Cage Laying Hen Facility. *Biosyst Eng* 144:1–12. <https://doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2016.01.009>
13. Broucek J, Čermák B (2015) Emission of Harmful Gases from Poultry Farms and Possibilities of Their Reduction. *Ekologia* 34 <https://doi.org/10.1515/eko-2015-0010>
14. Knížatová M, Brouček J, Mihina Š (2010) Seasonal Differences in Levels of Carbon Dioxide and Ammonia in Broiler Housing. *Slovak J Anim Sci* 43:105–112
15. Mosquera JJ, Hol MG, Monteny GJ (2006) Gaseous Emissions from a Deep Litter Farming System for Dairy Cattle. *International Congress Series, Greenhouse Gases and Animal Agriculture: An Update. Proceedings of the 2nd International Conference on Greenhouse Gases and Animal Agriculture, Zurich, Switzerland 20–24 September 2005*, 1293:291–294 <https://doi.org/10.1016/j.ics.2006.02.041>
16. Leytem AB, Dungan RS, Bjorneberg DL, Koehn AC (2011) Emissions of Ammonia, Methane, Carbon Dioxide, and Nitrous Oxide from Dairy Cattle Housing and Manure Management Systems. *J Environ Qual* 40:1383–1394 <https://doi.org/10.2134/jeq2009.0515>
17. Li H, Lin C, Collier S, Brown W, White-Hansen S (2013) Assessment of frequent litter amendment application on ammonia emission from broilers operations. *J Air Waste Manag Assoc* 63:442–452 <https://doi.org/10.1080/10962247.2012.762814>
18. Angus AJ, Hodge ID, McNally S, Sutton MA (2003) The setting of standards for agricultural nitrogen emissions: a case study of the Delphi technique. *J Environ Manage* 69:323–337 <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2003.09.006>
19. Adams PL, Daniel TC, Nichols DJ, Pote DH, Scott HD, Edwards DR (1994) Poultry Litter and Manure Contributions to Nitrate Leaching through the Vadose Zone. *Soil Sci Soc Am J* 58:1206–1211 <https://doi.org/10.2136/sssaj1994.03615995005800040029x>
20. Naseem S, King AJ (2018) Ammonia Production in Poultry Houses Can Affect Health of Humans, Birds, and the Environment—Techniques for Its Reduction during Poultry Production. *Environ Sci Pollut Res Int* 25:15269–15293 <https://doi.org/10.1007/s11356-018-2018-y>
21. Oyetunde OO, Thomson RG, Carlson HC (1978) Aerosol exposure of ammonia, dust and Escherichia coli in broiler chickens. *Can Vet J* 19:187–193
22. Lillie RJ (1949) Air Pollutants Affecting the Performance of Domestic Animals: A Literature Review. U.S. Department of Agriculture
23. Wei FX, Hu XF, Xu B, Zhang MH, Li SY, Sun QY, Lin P (2015) Ammonia concentration and relative humidity in poultry houses affect the immune response of broilers. *Genet Mol Res* 14:3160–3169 <https://doi.org/10.4238/2015.April.10.27>
24. Charles DR, Payne CG (1966) The influence of graded levels of atmospheric ammonia on chickens. *Brit Poultry Sci* 7:177–187 <https://doi.org/10.1080/00071668608415622>
25. Bauer MA, Coppola DP (1993) Agricultural lung disease: Prevention. *Semin Respir Med* 14:83–89
26. Hetényi N, Korbacska-Kutasi O (2019) Az alomanyag és a takarmány hatása a lovak asztmás megbetegedéseire. *Magy Állatorvosok Lapja* 141:515–521
27. Kovács F (1990) Állathigiénia. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest
28. Pepper C-M, Dunlop MW (2021) Review of Litter Turning during a Grow-out as a Litter Management Practice to Achieve Dry and Friable Litter in Poultry Production. *Poultry Sci* 100:101071 <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101071>
29. Miles DM, Owens PR, Moore PA, Rowe DE (2008) Instrumentation for Evaluating Differences in Ammonia Volatilization from Broiler Litter and Cake1. *J Appl Poultry Res* 17:340–347 <https://doi.org/10.3382/japr.2007-00112>
30. Cockerill SA, Gerber PF, Walkden-Brown SW, Dunlop MW (2020) Suitability of Litter Amendments for the Australian Chicken Meat Industry. *Anim Prod Sci* 60:1469–1481 <https://doi.org/10.1071/AN19587>
31. Madrid J, López MJ, Orengo J, Martínez S, Valverde M, Megías MD, Hernández F (2012) Effect of Aluminum Sulfate on Litter Composition and Ammonia Emission in a Single Flock of Broilers up to 42 Days of Age. *Animal* 6:1322–1329 <https://doi.org/10.1017/S1751731112000158>
32. Lee GD, Sam CK, Choi IH (2013) Using Anhydrous Aluminum Chloride with Calcium Carbonate to Reduce Ammonia Volatilization and Increase Nitrogen Content from Poultry Litter. *J Poultry Sci* 50:172–176. <https://doi.org/10.2141/jpsa.0120139>
33. Mohammed AN, ElBably MA (2020) Mitigation of Air Gas Emission, and Litter Microbial Quality in Muscovy Duck Pens: The Effectiveness of Adding Clinoptilolite Zeolite as a Litter Amendment. *J Adv Vet Res* 10:219–225
34. Blake JP, Hess JB (2001) Litter Treatments for Poultry. Alabama Cooperative Extension System
35. Chepete HJ, Xin H, Mendes LB, Li H, Bailey TB (2012) Ammonia Emission and Performance of Laying Hens as Affected by Different Dosages of Yucca Schidigera in the Diet. *J Appl Poultry Res* 21:522–530. <https://doi.org/10.3382/japr.2011-00420>
36. Nakasaki K, Uehara N, Kataoka M, Kubota H (1996) The Use of Bacillus Licheniformis HA1 To Accelerate Composting of Organic Wastes. *Compost Sci Util* 4:47–51 <https://doi.org/10.1080/1065657X.1996.10701852>
37. Hoppensack A, Oppermann-Sanio FB, Steinbüchel A (2003) Conversion of the nitrogen content in liquid manure into biomass and polyglutamic acid by a newly isolated strain of Bacillus licheniformis. *FEMS Microbiology Letters* 218:39–45 <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2003.tb11495.x>

Közlésre ér.: 2022. nov. 18.



Exploring the complex phylogenetic background and haplotype diversity of the Yellow-faced sheep of Kecskemét based on the mtDNA control region

A. Gáspárdy<sup>1\*</sup>

E. Tully<sup>1</sup>

L. Harmat<sup>2</sup>

L. Szabó<sup>3</sup>

L. Hegedűs<sup>4</sup>

Á. Maróti-Agóts<sup>1</sup>

P. Zenke<sup>1</sup>

1. Állattenyésztési, Takarmányozási és Laborállat-tudományi Intézet, Állatorvostudományi Egyetem, H-1078 Budapest, István utca 2.

\*e-mail: [gaspardy.andras@univet.hu](mailto:gaspardy.andras@univet.hu)

2. Tangazdaság, Állatorvostudományi Egyetem, Üllő, Dóra-major

3. Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ, Haszonállat-génmegőrzési Intézet, Gödöllő

4. Kecskeméti sárgafejű tenyészet, Kunbaracs

# A kecskeméti sárgafejű juh összetett filogenetikai hátterének és haplotípus-diverzitásának feltárása az mtDNS kontrollrégiója alapján

Gáspárdy András<sup>1\*</sup>, Tully Eilish<sup>1</sup>, Harmat Levente<sup>2</sup>, Szabó László<sup>3</sup>, Hegedűs László<sup>4</sup>, Maróti-Agóts Ákos<sup>1</sup>, Zenke Petra<sup>1</sup>

## ÖSSZEFOGLALÁS

A sárgafejű berke juh egyik változataként nyilvántartott kecskeméti sárgapofájú vagy homoki juhról a mai napig nagyon kevés tudomásunk van. A főként a dél-magyarországi régióban előforduló populációt a kihalás veszélye fenyegeti. Ebben a vizsgálatban a szerzők két gazdaságból 40 egyed mtDNS kontrollrégiójának szekvenciáját határozták meg és elemezték GenBank-i és más őshonos magyar fajták CR-szekvenciáival történő összehasonlítás mellett. Megállapították, hogy a homoki juh sok hasonlóságot mutat más őshonos magyar fajtákkal, ami közös anyai eredetüket bizonyítja. Csekély mértékben előfordult a belső-ázsiai juhoktól eredeztethető C haplocsoport is, ami a homoki juh összetett anyai származását mutatja.

## SUMMARY

**Background:** On the Yellow-faced sheep of Kecskemét or Sand-sheep known as a variant of Yellow-faced Berke sheep very little research has been undertaken to date, and the small population, which is mainly found in the southern region of Hungary, is at risk of extinction.

**Objectives:** In this study blood samples from Yellow-faced sheep of Kecskemét were selected for Control Region (CR) sequencing and subsequent analysis. These were compared with CR data available from GenBank resources and other indigenous Hungarian breeds in order to compare and contrast the differences and similarities between these.

**Materials and Methods:** A total of 40 individuals from two flocks in the South of Hungary were sampled in 2020. Investigations were performed based on the total number of sites (1174 bps) of the CR.

**Results and Discussion:** It was revealed that the relative genetic diversity within the Yellow-faced sheep of Kecskemét (haplotype and nucleotide diversity 0.950 and 0.01635, respectively), in comparison to other indigenous breeds, albeit from a limited population, cannot be deemed a narrow genetic pool. The values of the Tajima D test, Fu's  $F_s$  statistic, Fu & Li's  $D^*$ - and  $F^*$  tests were found to be non-significant (in each case  $p > 0.10$ ). Statistical evaluation does not indicate a lack of alleles. This study demonstrated three haplogroups within the Yellow-faced sheep of Kecskemét population – A, B and C. Haplogroup B was the most prevalent, which is typical for European sheep breeds, given an understanding about their arrival into Europe from the Near East. Haplogroup A was found to a minor frequency. To date, haplogroup C, which is typically demonstrated in sheep from the Central Asia, had only been discovered in one native Hungarian breed: the Cikta, however its presence was also discovered in the Sand-sheep. The examination of the haplogroups seems to confirm the fact that the sheep came to Hungary not only from Asia Minor, but also from the interior of Asia in the past.

ÁLLAT-  
TENYÉSZTÉS

A kecskeméti sárgafejű juh nem önállóan elismert fajta, jelenleg a sárgafejű berke (sárgafejű cigája) fajta törzskönyvébe vehető fel és ebben tartják nyilván a kovásznai juhhal együtt. E közös hivatalos törzskönyv ma a Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ Haszonállat-génmegőrzési Intézetének és még négy magán tenyészetnek gyűjti a tenyésztési és termelési adatait összesen 80 anya, ugyanennyi jerke és 12 minősített kos egyedről.

**A kecskeméti sárgafejű juh nem önállóan elismert fajta, jelenleg a sárgafejű berke (sárgafejű cigája) fajta törzskönyvébe vehető fel**

Hazánk területére a cigája juh a 18. század végén (1792) került először [1]. A hazai posztógyárak igénye és Brassó virágzó gyapjúkereskedelme arra ösztönözte az erdélyi vármegyék gazdáit, hogy durva gyapjas curkán állományukat lecseréljék a finomabb (bár 31-42 mikronos, „crossbred”) gyapjút termelő cigájára [2]. SZENTKIRÁLYI (1885) volt az, aki elsőként és helyreigazítóan leszögezte, hogy a cigája juhok bundáját csupa gyapjuszálak alkotják; a cigája tehát nem kevertgyapjas, ahogy azt korábban sokan tévesen állították [3].

SCHANDL (1941) szerint „a cigája fajtában élesen körülhatárolt alfajtaakat és tájfajtaakat nem szoktak megkülönböztetni. Mindazonáltal megállapítható, hogy a rög tápláló ereje ... érezteti hatását” [4]. A cigájaváltozatok léte és eltérő származása tudatosult a fajtaival később foglalkozókban is [5–10].

**A színváltozatokat a bunda és a rövid szőrök színezete alapján lehet elkülöníteni**

A színváltozatokat a bunda és a rövid szőrök színezete alapján különíthetjük el. A fehérgyapjas cigáják közt a fej és a lábak színe szerint megkülönböztettek fekete, sötétbarna, világosbarna, sárgászörös, fehér és tarka (pettyes) fejű és lábú egyedeket. A pettyek gyakoribbak voltak a lábon, mint a fejen. A történelem során a fehérgyapjas, egyúttal a hegyi típusba tartozó cigájának két alapvető színváltozata terjedt el az erdélyi részekben. Az egyik a tejeskáv barna arcú és lábú, kistestű, úgynevezett kovásznai cigája (románul ruġine, rozsdás). Ennek a változatnak az első, legklasszikusabb és már-már sárga egyedei a hétfalusi cigáják voltak. Később, HAMMOND és mtsai (1961) is említést tesznek a vörhenyes fejű, de fehér, ill. tarka bundájú és a teljesen fekete romániai cigájákról [11]. Az utóbbi évtizedben bekerült hazánkba a Kovászna és Hargita megyékben honos sárgafejű (vöröspofájú) színváltozata a cigájának. Ezeket 2016-tól sárgafejű berke néven önálló fajtaként kezeli a Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség.

A másik, SZENTKIRÁLYI (1923) egységesítő célú javaslatára a teljesen fekete fejű és lábú változat [12]. Ez utóbbi terjedt el más magyar történelmi területeken: a Felvidéken, a Délvidéken, az Alföldön és mutatóiban a Dunántúlon. A Délvidéken további több alváltozat különült el. Az inkább hármás hasznosítású, de húsosabb csókai, a tejelő zombori (100 liter feletti tejtermeléssel), valamint a már kihalt, az erdélyire leginkább emlékeztető ősi változat az árpatarlói (rumska cigája) [13] és a nagytestű, szintén jól tejelő doroszlói cigája volt [14]. Mindegyikük feje és lába csokoládébarna vagy fekete, bundája fehér. A mai Magyarország területén származás szerint két alváltozatot érdemes megkülönböztetni: az egyik a csókai változattal legnagyobb hasonlóságot mutató alföldi, a másik a Felvidékről három évtizede Jákotpusztára bekerült hegyi. Ezek színezetükben szinte kivétel nélkül fehér bundájúak és sötétbarna, vagy fekete fejűek és lábúak.

**A cigája fajta korábbi értékelésekor nem sikerült bizonyítani, hogy a fej és lábak színe bizonyos gazdasági haszonnal összefüggene**

A cigája fajta korábbi értékelésekor nem sikerült bizonyítani, hogy a fej és lábak színe bizonyos gazdasági haszonnal összefüggene. A tenyésztők nagyobb része a fényes fekete fejű (és lábú) egyedeket becsülte a legtöbbre. A csángó és dobrudzsai cigája tenyésztők szerint a barna- és vörösfajta jobban tejelők. Póczos (1934) tanulmánya szerint a fej színe és a nyírósúly, valamint a tejmenyiség közt számottevő összefüggés nincs [15]. Ő a két világháború között, a fej és lábvégek rövid szőrének színét alapul véve a délvidéki eredetű Kisszállási Uradalom Rt. nyájában az anyák 46%-át csokibarnának, 33%-át fényes feketének, 12%-át barnának hókával és 9%-át vörhenyesnek (sárgának) találta. Tehát, sárga fejű és lábú egyedeket a cigája nyájában rendszeresen előfordultak. Ez a színezet ma is kihal, aminek fenntartására jobban oda kellene figyelniük.

**A kecskeméti sárgafejű az egész Duna-Tisza közén ismert és tenyésztett juh volt**

**Az igazi sárga birka testének valamely részén egy fekete folt található**

Tudjuk, hogy a Duna-Tisza közötti területet a Délvidékről beszivárgott cigáják népesítették be, s lettek nemcsak az uradalmak, de a kisebb gazdaságok hasznos állatai.

A homoki juhként is nevezett kecskeméti sárgafejű (vagy sárgapofájú birka, sárga birka, magyar sárga, szegedi sárga, bugaci sárga) az egész Duna-Tisza közén ismert és tenyésztett juh volt, de ez az utóbbi évtizedekben már szinte csak a Kecskemét környéki homokos pusztákon lelhető fel. A mai teljes állományuk 8 tenyészetben 850 körüli létszámra tehető.

Szarvatlan egyedei egyöntetű sárgásbarna (rozsdabarna) színezetű fejfel és lábakkal jellemezhető. Bőrük festenyzett, körmük palaszürke, acélos és kemény. Szemük élénk, tőgyük jól fejlett, füleik kifejezetten hosszúak, ami szintén a tejtermelésre történő szelekciójukkal hozható kapcsolatba. A nyak általában ráncmentes, bár előfordul kisebb fokú lebernyeg, ami lehet, hogy egykori merinó hatás eredménye (1. ábra). Csontozatuk erős, hasuk terjedelmes [16]. Bundájuk fehér, fűrtös szerkezetű, előfordul a tűzdeltség is. Bundájuk a nyakat és törzset fedi, néha a homlokra is ráterjed a gyapjú, ahol fehér foltként mutatkozik (rózsás homlok). A bányáik többségének színe a születéskor barna, sötétbarna (borjú- vagy kutvaszörű), de az idő múlásával mindegyikük kifehéredik. A kecskeméti juhászok csak azt tartották igazi sárga birkának, amelyiken a test valamely részén egy fekete folt található (2. ábra). Erre manapság is nagy hangsúlyt fektetnek.



**1. ÁBRA.** Kecskeméti sárgafejű kos Bacsó-tanyán, 2021

**FIGURE 1.** Breeding ram of Yellow-faced sheep of Kecskemét on Bacsó farm, 2021



**2. ÁBRA.** Kecskeméti sárgafejű bányó folttal a lapockatájékán

**FIGURE 2.** Lamb of Yellow-faced sheep of Kecskemét with a spot on the shoulder

**A szerzők a kecskeméti sárgafejű juh genetikai változatosságát és haplotípusdiverzitását tárták fel**

A vizsgálatunk célja a kecskeméti sárgafejű juh anyai háttérének, maternális genetikai változatosságának jellemzése. Ehhez a mitokondriális genom (mtDNS) kontrollrégiójának (control region, CR) nukleotidszekvenciáját használjuk fel. Feltételezzük, hogy mint zárványtenyészet, a régműltből fennmaradó sajátos genetikai mintázattal szolgálhat. Az eredményeinkkel hozzá szeretnénk járulni a tájfajta haplotípusainak (családjainak) genetikai azonosításához és ezek sikeres fenntartásához. A kontrollrégió fontos filogenetikai információkat is hordoz, így másik célunk a fajtaváltozat elhelyezése a génbanki kontrollszekvenciák és az eddig vizsgált hazai őshonos fajták szekvenciái által alkotott rokonsági hálózatban.

## ANYAG ÉS MÓDSZER

### AZ ÁLLOMÁNY ÉS MINTAVÉTEL BEMUTATÁSA

2020. február 18-án HEGEDŰS LÁSZLÓ kunbaracsi (Bacsó-tanya), majd március 10-én NÉMETH MIHÁLY szentesi (Bokros-tanya) állományában összesen 36 nőivarú és 4 hímivarú tenyészállattól gyűjtöttünk biológiai mintát. Ez a nyilvántartott állomány 50%-os mintázási lefedettségét jelenti. E két mintázott nyáj ugyanabból a magtenyésztetből vásárolta egyedeit. A kosok, noha a mitokondriális genomot nem örökítik tovább, mintáikkal az anyai háttér és a fajtaváltozat diverzitásának felmérésére alkalmasak.

A vérmintákat a vena jugularisból vettük EDTA-s vérvételi csövekbe, majd az alvadásban gátolt vért Eppendorf-csövekbe áttöltve  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on még aznap lefagyasztottuk. A vérmintákat a fertőző betegségek (pl. brucellózis) kimutatására szolgáló rutin állatorvosi eljárások részeként vettük a kiválasztott állatoktól. Ezen általános klinikai állatorvosi eljárások során nyert minták további kutatási célú felhasználása az 1998. évi XXVIII. törvény és a 40/2013. számú kormányrendelet értelmében nem minősül állatkísérletnek, így etikai engedély beszerzése nem volt szükséges.

### DNS-TISZTÍTÁS, A MITOKONDRIÁLIS KONTROLLRÉGIÓ AMPLIFIKÁLÁSA

A DNS-t a GenElute Blood Genomic DNS-kit (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) segítségével nyertük ki és tisztítottuk, a gyártó utasításai szerint. Az extrahált DNS minőségi és szemikvalitatív meghatározására 1,5%-os agaróz gélt használtunk GelRed™ Nucleic Acid Gel Stain-nel (Biotium, Fremont, CA, USA) interkaláló festékkel. A tisztított mintákat  $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on tároltuk a további elemzésig. A minták kontrollrégió-szakaszának PCR- (polymerase chain reaction) sokszorosításához  $25\text{ }\mu\text{L}$  PCR-reakcióelegyet készítettünk, amely a következő összetevőket tartalmazta:  $5\text{ }\mu\text{L}$  DreamTaq™ Green PCR Master Mix-et (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA),  $1\text{--}1\text{ }\mu\text{L}$  forward és reverse primereket ( $10\text{ }\mu\text{M}$ ),  $1\text{ }\mu\text{L}$  BSA ( $20\text{ mg/ml}$ ), továbbá  $5\text{--}10\text{ ng}$  DNS-templátot, végül az egészet  $25\text{ }\mu\text{L}$ -re kiegészítettük PCR-minőségű vízzel. Két, korábban leírt primerpárt használtunk két külön reakcióban a vizsgálandó szegmens sokszorosítására [17, 18].

A DNS-szekvencia amplifikálására a programozható, Thermal Cycler 2720-típusú PCR-berendezést (Applied Biosystem, Waltham, MA, USA) használtunk. A PCR-termékeket SIGMA GenElute™ PCR Clean Up Kit-tel (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) tisztítottuk, a protokoll előírását betartva.

### SZEKVENCIAMEGHATÁROZÁS

A szekvenálási reakcióhoz, egy BigDye® Terminator 3.1-es verziójú Cycle Sequencing Kit-et (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA) használtunk a gyártó által javasolt módon. A szekvenciák detektálására az ABI Prism 3130XL típusú Genetic Analyzer-t (Applied Biosystems, ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA) használtuk, a gyártó útmutatásai szerint. A szekvenciaadatokat a Sequencing Analysis Software 5.1 (Applied Biosystems, ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA) segítségével elemeztük ki, és ezt követően a Sequencher™ 4.1.2 szoftverrel (Gene Codes Corp, Ann Arbor, MI, USA) igazítottuk.

### SZEKVENCIÁK ÉRTÉKELÉSE

A mutációk kiértékelését a Fu és Li által fejlesztett teszttel végeztük el [19], majd populációgenetikai értékelési módszerként a Tajima által javasolt D-tesztet [20] alkalmaztuk a kimutatott mutációk elemzésére.

A teljes vizsgálati minta polimorf bázishelyeinek számát a DNAsp 6.0-s szoftver segítségével határoztuk meg, majd kiszámítottuk az üzemen belüli és üzemek közötti átlagos nukleotidkülönbséget [21].

*Két állományból,  
összesen 36 nőivarú  
és 4 hímivarú  
tenyészállattól  
gyűjtöttek vérmintát*

*A mitokondriális DNS  
megfelelő szakaszait  
PCR-módszerrel  
sokszorosították*

*Az amplitikonok  
nukleotidsorrendjét  
Sanger-féle  
láncterminációs  
módszerrel  
határozták meg*

**A minták haplocsoportokba rendezését a GenBank-i referenciaminták alapján végezték**

**Összesen 1174 bázispár alapján értékelték az mtDNS kontrollrégióját**

**A polimorf bázishelyek száma 113 volt 115 mutációval**

JUKES és CANTOR módszerével határoztuk meg a bázishelyettesítések szekvenciákon belüli korrigált számát [22].

Network 10.2.00 szoftver segítségével (fluxus-engineering.com) ábrázoltuk a haplotípusok megoszlását [23].

A minták haplocsoportokba rendezését a GenBank-i referenciaminták alapján végeztük (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 [24]; *O. musimon* Muflon HM236184, *O. vignei* Urial HM236186 [25]). Továbbá, az eddig általunk tipizált hazai őshonos juhajták (cikta, cigája és alföldi suta racka) mintáiból is választottunk egy-egy gyakori reprezentáns haplotípus szekvenciát haplocsoportonként. A cikta minták közül az A, B és C haplocsoportból [26]. A cigája és az alföldi suta racka mintái közül egyet-egyét az A- és egyet-egyét pedig a B haplocsoportból [27, 28].

## EREDMÉNYEK

Az illesztett CR-szekvenciák hossza 1183 bp volt. Az illesztés során, 9 bázishelyen elvesztek adatok, így ezeket a gap-eket nem számítva összesen 1174 bázispár alapján értékeltük az mtDNS kontrollrégióját.

A teljes vizsgálati minta CR-régiójában a monomorf bázishelyek száma 1061, míg a polimorf bázishelyeké 113 volt 115 mutációval. Utóbbi esetében 25 helyen szimpla és 88 helyen párszimon mutáció volt (2 három mutáns változattal).

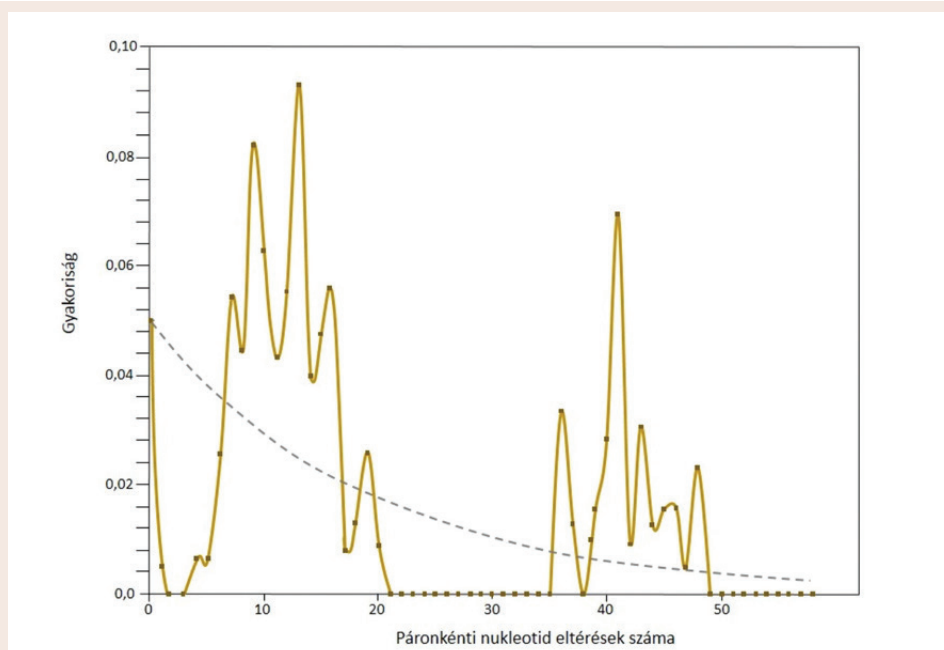
A vizsgált homoki juh állományban a nukleotiddiverzitás ( $\pi$ ) átlaga  $16,35 \times 10^{-3}$ , szórása (SD)  $2,31 \times 10^{-3}$ . A nukleotiddiverzitás JUKES és KANTOR szerint korrigált értéke  $\pi(JC)$   $16,63 \times 10^{-3}$ .

A haplotípusdiverzitás ( $H_d$ ) értéke 0,950, varianciája  $0,28 \times 10^{-3}$ , szórása  $17 \times 10^{-3}$ .

A páronkénti átlagos nukleotideltérés ( $k$ ) 19,192. Mégis, az állomány nagyobb részében 10 körül, a maradékban 40 körül alakul a nukleotideltérés (3. ábra).

**3. ÁBRA.** A homoki juh CR haplotípusok páronkénti kombinációi közötti nukleotideltérések számának gyakorisági eloszlása

**FIGURE 3.** Frequency distribution of the number of sequence mismatches between pairwise combinations of Sand-sheep CR haplotypes



A szaggatott vonal a várható eloszlást jelöli állandó állományméret esetén; ennek lefutása mérsékelt. A folytonos vonallal összekötött pontok bimodális megfigyelt eloszlást tükröznek. A különálló csúcsok azt mutatják, hogy a haplotípusok két uralkodó csoportja létezik, amely a homoki juh időben viszonylag állandó populációméretével áll összefüggésben.

Az átlagos nukleotideltérések száma a populációk között 16,990 volt. Az üzemek közötti helyenkénti nukleotidcserék átlagos száma ( $D_{xy}$ )  $14,47 \times 10^{-3}$ , a populációk közötti helyenkénti nettó nukleotidcserék száma ( $D_n$ ) pedig  $0,80 \times 10^{-3}$  volt.

A **Táblázat** a két mintavételezett populáció közötti DNS-eltérésre vonatkozik. A nagyobb egyedszámú Bokros telepen több mutáció történt. Itt az átlagos nukleotideltérések száma ( $k$ ) és a nukleotiddiverzitás ( $\pi$ ) nagyobb volt, mint a Bacsó farm egyedeinél ( $21,611$  szemben  $10,489$  és  $18,41 \times 10^{-3}$  szemben  $8,93 \times 10^{-3}$ ). A populációk között 26 közös mutáció akadt.

**TÁBLÁZAT.** A homoki juh tenyészetek közötti DNS-eltérése

**TABLE.** DNA divergence between the two farms

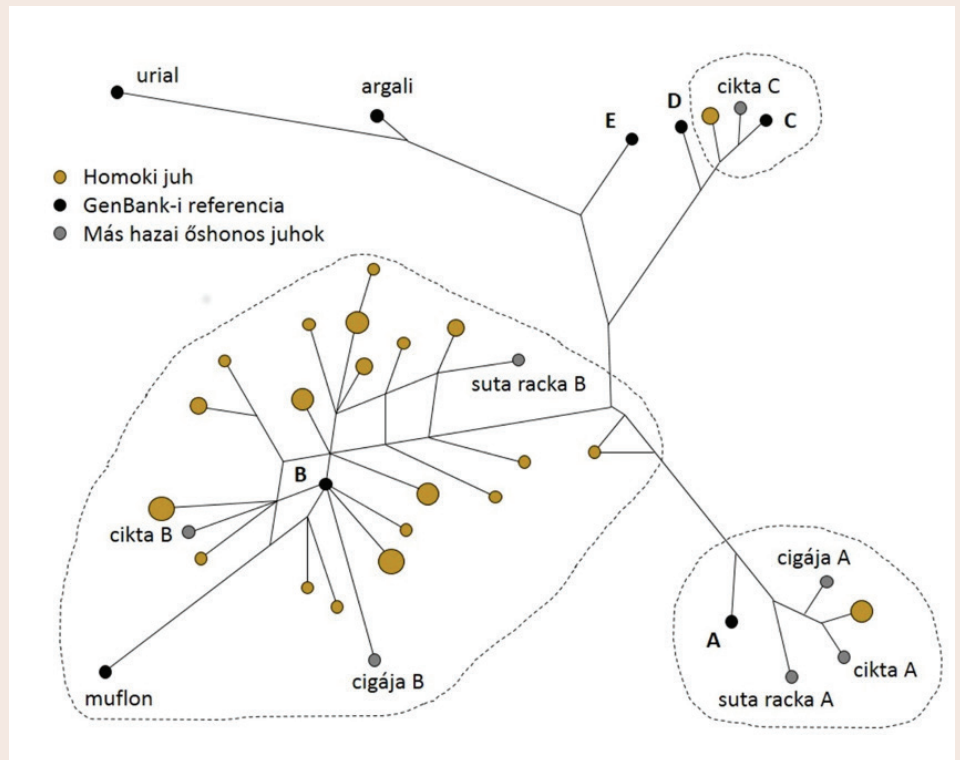
Mutató	Kunbaracs (Bacsó-tanya)	Szentes (Bokros-tanya)
Szekvenciák száma	10	30
Polimorf bázishelyek száma	30	109
Mutációk teljes száma	30	111
Nukleotideltérések átlagos száma, ( $k$ )	10,489	21,611
Nukleotiddiverzitás, ( $\pi$ )	$8,93 \times 10^{-3}$	$18,41 \times 10^{-3}$
Közös mutációk száma	26	

A teljes vizsgálati mintán elvégzett  $F_u$  és  $L_i D^*$  és  $F^*$  tesztjei  $53,62 \times 10^{-3}$  ( $p > 0,10$ ) és  $-0,41194$  ( $p > 0,10$ ) nem adtak szignifikáns eredményt. Hasonlóan, a  $F_u$ -féle  $F_s$ -statisztika értéke  $0,806$  sem adódott szignifikánsnak ( $p = 0,029$ ), akárcsak a  $Tajima D$ -teszt eredménye  $-1,06609$  ( $p > 0,10$ ).

**A minták mtDNS-ének CR-régiója alapján 3 haplocsoportban összesen 21 haplotípus található**

A homoki juh egyedeinek haplocsoport-, és haplotípus-eloszlását a Median-Joining- (MJ) eljárással készült **4. ábra** mutatja. A minták mtDNS-ének CR-régiója alapján 3 haplocsoportban összesen 21 haplotípus található. Azonosítottuk az A, a B és a C haplocsoportot. Az A haplocsoportba 1 haplotípus, a B haplocsoportba 19 haplotípus, míg a C haplocsoportba 1 haplotípus tartozik.

A **4. ábra** feltárja a homoki juh egyedeinek taxonómiai elhelyezkedését egymáshoz és a kontrollként felhasznált egyedekhez (a GenBank-ból letöltött haplocsoportok és más hazai őshonos juhajták eredményeihez) viszonyítva. A juhok korábban meghatározott B haplocsoportjával mutat a homoki juh 34 egyede (mindkét üzemben) közeli rokonságot. Ebbe a haplocsoportba tartozik a muflon is. Látható, hogy a cikta, a cigája és a suta racka őshonos fajták szintén felmutatnak olyan egyedeket, amelyek ebben a haplocsoportban vannak. 4 egyed (mindkét üzemben) az ettől genetikailag jelentősen távol álló A haplocsoportba tartozik. Sikerült a homoki juhban a C haplocsoportot kimutatni 2 egyeddel (csak Bokros-tanyán). A C eddig a hazai juhaink közül csak a ciktaiban került meghatározásra. Nem sikerült azonban a homoki juhban az E és D haplocsoportot kimutatni. Az outgroup-ként bevont urial és argali, mint a házi juh távoli rokonai egyértelműen elkülönülnek valamennyitől.



**4. ÁBRA.** A homoki juhok összetétele CR haplotípus és haplocsoport szerint

Az ábrán az Argali, Urial, Mouflon és az öt Genbank-i haplocsoport (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 [24]; O. musimon Mouflon HM236184, O. ammon Argali HM236188, O. vignei Urial HM236186 [25]) elhelyezkedése is látható, valamint a cigája, cikta [26, 27] és suta racka [28] leggyakoribb haplotípusai. A körök mérete arányos a haplotípusonként megfigyelt egyedek számával

**FIGURE 4.** The composition of the Sand-sheep according to CR haplotype and haplogroup. The figure also shows the location of Argali, Urial, Mouflon and the five Genebank haplogroups (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 [24]; O. musimon Mouflon HM236184, O. ammon Argali HM236188, O. vignei Urial HM236186 [25], as well as the most common haplotypes of Tsigai, Cikta [26, 27] and Polled Racka [28]. The size of the circles is in proportion to the number of individuals observed per haplotype

## MEGVITATÁS ÉS JAVASLATOK

E vizsgálattal elsőként valósítottuk meg az anyai háttér CR alapján történő azonosítását a homoki juhokban. Az értékelt 40 egyed két tenyészetből származott, és viszonylag sok, 115 mutációt mutattunk ki. Megállapítottuk továbbá, hogy a két tenyészet állománya eltér egymástól, hiszen mindössze 26 mutáción osztoznak. Fajta-összehasonlításként a magyar őshonos cigájában ( $n = 130$ ), ciktában ( $n = 69$ ) és alföldi suta rackában ( $n = 29$ ) a mutáns helyek száma a következőképpen alakult: 162, 108 [26, 27] és 69 [28]. A homoki juhban a haplotípusok száma 21 volt és a haplotípusdiverzitás ( $H_d$ ) a 0,950 értéket vette fel. Míg ezek a mutatók az említett három magyar fajában 66 és 0,973, 29 és 0,961, ill. 11 és 0,783 voltak. A homoki juhban a nukleotiddiverzitásra ( $\pi$ ) 0,01635 és a nukleotideltérések átlagos számára ( $k$ ) 19,192 volt a jellemző. Kiseb értékek kerültek megállapításra a cigájában (0,01184 és 13,675) és a suta rackában (0,01291 és 15,1589) [27, 28]. Ugyanakkor,

**A két vizsgált tenyészet állománya eltért egymástól: mindössze 26 mutáción osztoztak**

*A homoki juhok kellő anyai mitokondriális genetikai diverzitást, ugyanakkor időben viszonylag állandó populációméretet mutatnak*

*A homoki juh példányai között a B haplocsoport a leggyakoribb*

*Megfigyelték a leginkább Belső-Ázsiára és az indiai szubkontinensre jellemző C haplocsoport előfordulását is*

a cikta ezeknél nagyobb értékeket mutatott (0,01856 és 21,267) [26]. Az eredmények alapján megállapítható, hogy a homoki juhok kellő anyai mitokondriális (CR) genetikai diverzitást, ugyanakkor időben viszonylag állandó populációméretet mutatnak a többi védett őshonos juh helyzetét is figyelembe véve. Amennyiben a páronkénti nukleotideltérések unimodális lefutású eloszlásgörbét adnának, az azt jelezné, hogy az állomány a közelmúltban demográfiai expanzió, idegen egyedekkel történt hirtelen bővülésen ment keresztül.

Annak ellenére, hogy a fajta az elmúlt évtizedekben önmagában tenyésztett populációként szaporodott, nem tekinthető szűk genetikai állományúnak a molekuláris mikroevolúció vonatkozásában sem. A Tajima D-teszt, a Fu-féle Fs-statisztika, a Fu és Li-féle D\*- és F\*-teszt értékei nem voltak szignifikánsak (mindegyik esetben  $p > 0,10$ ). Statisztikai értékelésünk nem utal allélhiányra, és nem utal a populáció történetében előforduló genetikai diverzitás szűkülésére sem. Általánosságban a kis nukleotiddiverzitási ( $\pi < 0,5$ ) és a nagy haplotípus-diverzitás értékek ( $H_d > 0,5$ ) egy viszonylag kis populációméretből kiinduló, de gyors növekedést mutató populáció ún. expanzió utáni állapotára utalhatnak, de ezt statisztikai feldolgozásunk nem erősíti meg [24, 29]. A homoki juhban megállapított genetikai egyensúlyi helyzetből arra következtethetünk, hogy ezek az állatok nem állnak szoros rokonságban az anyai származásuk szerint. A fenti tesztek szignifikáns negatív értékei az allélszám megnövekedésének bizonyítékai lennének, ami egy közelmúltbeli idegen egyedekkel gazdagodó populáció-növekedést jelezne. Míg a szignifikáns pozitív értékek egy közelmúltbeli palacknyak-hatásra, genetikai beszűkülésre utalnának. Vizsgálatunk során három haplocsoportot (A, B és C) különítettünk el. A homoki juh példányai között a B haplocsoport a leggyakoribb (34, 85%). Ez a haplocsoport jellemző a Közel-Keleten házasított európai juhokra, ennek megfelelően a többi magyar őshonos juhra is (cigájában 97%, ciktában 81% és a suta rackában 86%). A Balkán-félsziget szomszédos országaiban végzett vizsgálatok rámutattak arra, hogy a kelet-adriai juhajták [30] és a romániai fajták (turcana, cigája és fekete fejű ruda) [31] eredete egyöntetűen B haplocsoportú anyákra vall. Esetünkben az A haplocsoport kisebb gyakorisággal (4, 10%) jelent meg. A cikta és a suta racka juhok esetében az A haplocsoport aránya 12%, ill. 14% [26, 28], míg ez a haplocsoport a cigájában is jelen van, de jóval kevésbé jellemzően (3%) [27]. A házi juhok haplocsoportokba sorolása során kiderült, hogy a nyugat-balkáni pramenka juhok [32], a dubrovniki ruda juhok és az isztriai juhok [30] esetében a B haplocsoport a domináns, de emellett kevés egyed A haplocsoportba tartozóként elkülönül ettől. Vizsgálatunkban egészen különleges eredménynek tekinthető, hogy homoki juhban megfigyeltük a C haplocsoport előfordulását (2, 5%). Ez a Belső-Ázsiára [33, 34, 35] és az indiai szubkontinensre (77%) [36] jellemző haplocsoport eddig csak ciktában (9%) volt kimutatható a magyar őshonos fajták közül. Európában a C haplocsoport eddig csak az Ibériai-félszigeten (Portugáliában [37] és Spanyolországban [38]), Olaszországban [39], valamint a Balkán-félsziget déli országaiban (Albániában és Görögországban [40]) fordult elő. A C haplocsoport jelenléte azt a nézetet támasztja alá, hogy a homoki juh összetett anyai hátterű. A haplocsoportok vizsgálata megerősíteni látszik azt a tényt, hogy juhok nemcsak Kis-Ázsiából, hanem Ázsia belsejéből is érkeztek a múltban Magyarországra, és ez utóbbiak mitokondriális genetikai információi a keresztezés és a szelekció hatásait túlélve a mai fajták képviselőiben fennmaradtak.

A fajtaváltozatra mégis a beltenyésztés következtében fellépő genetikai diverzitás szűkülése prognosztizálható általánosságban. Ezért, jövőbeli tervként tűzzük ki a kecskeméti sárgafejű további jellemzését nukleáris marker, mikroszatellita bevonásával, valamint összehasonlítását a kovásznai sárgafejűvel, hogy a közös törzskönyvezésen túlmenően mennyire javasolható a tenyészkosok kölcsönös felhasználása a két változat vérfrissítése szempontjából. A génmegőrzés sikerének érdekében javasolható, hogy a fiatal jerkék tenyésztésbe állításakor érdemes azok-



**A diverzitás megőrzése céljából fontos, hogy minden haplotípust képviselő anyai vonalból maradjon jerke továbbtenyésztésre**

nak a mtDNS CR haplocsoportját és haplotípusát figyelembe venni. A diverzitás megőrzése céljából minden haplotípust képviselő anyai vonalból maradjon jerke továbbtenyésztésre. Érdemes a kevés képviselővel bíró C haplocsoport egyedszámát mielőbb felszaporítani és másik tenyészetben is fenntartani.

## KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Regionális Fejlesztési Alap (ERFA) társfinanszírozásával valósul meg (VEKOP-2.3.2.-16-2016-00012).

## IRODALOM

- Rodiczy J (1904) A juhtenyésztés mult és jelen irányairól. Pátria Irodalmi Vállalat és Nyomdaipari Rt., Budapest, pp 174
- Eszes F, Gáspárdy A (1997) Ismerjük meg jobban cigájánkat! Kistermelők Lapja 41:20
- Szentkirályi Á (1885) A cigája-juh. Mezőgazdasági Szemle, Magyar-Óvár, III. évf. XI. füzet
- Schandi J (1941) A cigája eredete és külsője. Magyar Állattenyésztés 5:73-75
- Bodó I (1991) A géntartalékok megőrzése az állattenyésztésben. Akadémiai doktori disszertáció. Budapest. Kézirat pp 124-126
- Veress L (1996) Mit tud a cigája Erdélyben? (és itthon?) Magyar Mezőgazdaság 51:19
- Dunka B (1997) A cigája és a cikta. Állattenyésztők Lapja 25:7
- Keszthelyi T (1997) Rajtunk múlik a sorsa! Kistermelők Lapja 41(XXV):19
- Tóth I (1997) Hol a helye a cigájának? Kistermelők Lapja 41(XXV):20
- Kósa L (1998) Juhtenyésztésünk és a cigája. Kistermelők Lapja 42(XXVI):22
- Hammond J, Johansson I, Haring F (1961) Handbuch der Tierzüchtung (Dritter Band: Rassenkunde). Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin, 194-200
- Szentkirályi Á (1923) Erdély juhái, Erdély juhtenyésztése, A mult – a jelen – a jövő. Providencia Könyvnyomdai Műintézet, Cluj-Kolozsvár
- Ulmanski S (1922) Rumska cigája ovca. Poljoprivredni Glasnik 2(17)
- Kovacs E (2000) Állattartás a vajdasági Dorozslón. Logos
- Póczos L (1934) Fésűsmerinó és cigája juhok termelési és jövedelmezőségi viszonyai. Doktori értekezés, Horváth Nyomda, Kiskunhalas
- Hegedűs L (2021) The Kecskemét Sheep. Safeguard for Agricultural Varieties in Europe. SAVE e-News 1/2021. 8 <https://www.readkong.com/page/save-e-news-1-2021-safeguard-for-agricultural-varieties-in-3681300>. Accessed 22 Feb 2022
- Hiendleder S, Lewalski H, Wassmuth R, Janke A (1998) The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (*Ovis aries*) and comparison with the other major ovine haplotype. *J Mol Evol* 47:441-448 <https://doi.org/10.1007/PL00006401>
- Gáspárdy A, Berger B, Zabavnik-Piano J, Kovács E, Annus K, Zenke P, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2021) Comparison of mtDNA control region among descendant breeds of the extinct Zaupel sheep revealed haplogroup C and D in Central Europe. *Vet Med Sci* 7:2330-2338 <https://doi.org/10.1002/vms3.585>
- Fu YX, Li WH (1993) Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics* 133:693-709 <https://doi.org/10.1093/genetics/133.3.693>
- Tajima F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics* 123:585-595 <https://doi.org/10.1093/genetics/123.3.585>
- Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-Delbarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE, Sánchez-Gracia A (2017) DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. *Mol Biol Evol* 34:3299-3302 <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- Jukes TH (1990) How Many Nucleotide Substitutions Actually Took Place? Department of biophysics and medical physics. <http://garfield.library.upenn.edu/classics1990/A>. Accessed 17 Nov 2021
- Bandelt H, Forster P, Röhl A (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol* 16:37-48 <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
- Meadows JRS, Li K, Kantanen J, Tapio M, Sipos W, Pardeshi V, Gupta V, Calvo JH, Whan V, Norris B, Kijas JW (2005) Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between sheep breeds from Asia and Europe. *J Hered* 96:494-501 <https://doi.org/10.1093/jhered/esi100>
- Hiendleder S, Kaube B, Wassmuth R, Janke A (2002) Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc R Soc B: Biol Sci* 269:893-904 <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.1975>
- Kovács E, Maróti-Agóts Á, Harmat L, Annus K, Zenke P, Tempfli K, Sáfár L, Gáspárdy A (2020) A cikta juh jellemzése a mitokondriális DNS kontrollrégiója alapján. *Magy Állatorvosok Lapja* 142:421-428
- Gáspárdy A, Zenke P, Kovács E, Annus K, Posta J, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2021): Evaluation of maternal genetic background of two Hungarian autochthonous sheep breeds came from different geographical directions. *Animals* 12:218 <https://doi.org/10.3390/ani12030218>
- Gáspárdy A, Csurgay K, Harmat L, Mayer Tamás, Zenke P, Barna M, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2022) Az alföldi suta racka juh mint genetikai zárványfajta filogenetikai hátterének és haplotípusdiverzitásának feltárása a kontrollrégió alapján. *Magy Állatorvosok Lapja* 144:213-222

29. Grant WAS, Bowen BW (1998) Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *J Hered* 89:415–426 <https://doi.org/10.1093/jhered/89.5.415>
30. Ferencakovic M, Curik I, Pérez-Pardal L, Royo LJ, Cubric-Curik V, Fernández I, Álvarez I, Kostelic A, Sprem N, Krapinec K, Goyache F (2013) Mitochondrial DNA and Y-chromosome diversity in East Adriatic sheep. *Anim Genet* 44:184–92 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02393.x>
31. Dudu A, Ghiță E, Costachea M, Georgescu SE (2016) Origin and genetic diversity of Romanian Racka sheep using mitochondrial markers. *Small Rumin Res* 144:276–282 <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.10.016>
32. Činkulov M, Popovski Z, Porcu K, Tanaskovska B, Hodžić A, Bytyqi H, Mehmeti H, Margeta V, Djedović R, Hoda A, Trailović R, Brka M, Marković B, Vazić B, Vegara M, Olsaker I, Kantanen J (2008) Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *J Anim Breed Genet* 125:417–426 <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00742.x>
33. Ganbold O, Lee SH, Seo D, Paek WK, Manjula P, Munkhbayar M, Lee JH (2019) Genetic diversity and the origin of Mongolian native sheep. *Livest Sci* 220:17–25 <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.12.007>
34. Chen SY, Duan ZY, Sha T, Xiangyu J, Wu SF, Zhang YP (2006) Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene* 376:216–23 <https://doi.org/10.1016/j.gene.2006.03.009>
35. Sulaiman Y, Wu C, Zhao C (2010) Phylogeny of 19 Indigenous Sheep Populations in Northwestern China Inferred from Mitochondrial DNA Control Region. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances* 6:71–79 <https://doi.org/10.3923/ajava.2011.71.79>
36. Lv F-H, Peng W-F, Yang J, Zhao Y-X, Li W-R, Liu M-J, Ma Y-H, Zhao Q-J, Yang G-L, Wang F, Li J-Q, Liu Y-G, Shen Z-Q, Zhao S-G, Hehua E, Gorkhali N, Vahidi SMF, Muladno M, Naqvi AN, Tabell J, Iso-Touru T, Bruford MW, Kantanen J, Han J-L, Li M-H (2015) Mitogenomic meta-analysis identifies two stages of migration in the history of Eastern Eurasian sheep. *Mol Biol Evol* 32:2515–2533 <https://doi.org/10.1093/molbev/msv139>
37. Pereira F, Davis SJM, Pereira L, McEvoy B, Bradley DG (2006) Genetic Signatures of a Mediterranean Influence in Iberian Peninsula Sheep Husbandry. *Mol Biol Evol* 23:1420–1426 <https://doi.org/10.1093/molbev/msl007>
38. Pedrosa S, Arranz J, Brito N, Molina A, Primitivo FS, Bayón Y (2007) Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genet Sel Evol* 39:91–103 <https://doi.org/10.1051/gse:2006034>
39. Mariotti M, Valentini A, Marsan PA, Pariset L (2013) Mitochondrial DNA of seven Italian sheep breeds shows faint signatures of domestication and suggests recent breed formation. *Mitochondrial DNA* 24:577–583 <https://doi.org/10.3109/19401736.2013.770493>
40. Pariset L, Mariotti M, Gargani M, Joost S, Negrini R, Perez T, Bruford M, Marsan PA, Valentini A (2011) Genetic Diversity of Sheep Breeds from Albania, Greece, and Italy Assessed by Mitochondrial DNA and Nuclear Polymorphisms (SNPs). *Sci World J* 11:1641–1659 <https://doi.org/10.1100/2011/186342>

Közlésre érck.: 2022. nov. 23.

# VAN MÉG MIT MONDANUNK:



LAPOZZON BELE  
TOVÁBBI FOLYÓIRATAINKBA IS!

Archív lapszámok és előfizetési információk a [www.agrarlapok.hu](http://www.agrarlapok.hu) oldalon.





# HUNGAIRY

## A TISZTÁBB LEVEGŐJŰ, ÉLHETŐBB VÁROSAINKÉRT



A LIFE IP HUNGAIRY (LIFE17 IPE/HU/000017) projekt az Európai Unió LIFE programjának támogatásával valósul meg.



HERMAN OTTÓ  
INTÉZET  
NONPROFIT KFT.