

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2024. 73. 2

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



› Lacaune anyajuhok
tőgytulajdonságai

› Kókuszojaj a brojlercsirkék
takarmányozásában

› Fenntarthatósági szempontok
a holstein-fríz tenyésztésében

› Miosztatin mutációk a charolais
fajtában

› Filogenetikai metaanalízis
a Cyprinidae család tagjai között

TARTALOM - CONTENTS

Hegedűs Bettina - Bagi Zoltán - Kusza Szilvia: Phylogenetic meta-analysis of the Cyprinidae (Teleostei: Cypriniformes) family using mitochondrial cytochrome *b* region (Filogenetikai metaanalízis a *Cyprinidae* (Teleostei: *Cypriniformes*) család tagjai között a mitokondriális citokrom *b* régió alapján) 81

Hetényi Nikoletta: A kókuszolaj kiegészítés hatásai a brojlercsirkék termelési mutatóira és egészségére (Effects of coconut oil supplementation on the production performance and health of broiler chickens) 98

Bognár László - Kőrösi Zsolt Jenő - Bene Szabolcs - Szabó Ferenc: A modern holstein-fríz tehén tenyésztésének és tartásának néhány fenntarthatósági szempontja - Irodalmi áttekintés (Some sustainability aspects for the breeding and management of modern Holstein cow - Literature review) 109

Márta Krisztina - Molnár Ágoston - Gulyás László - Bodnár Ákos - Póti Péter - Pajor Ferenc: Egyes tényezők hatása első ellésű lacaune anyajuhok tőgytulajdonságaira (Effect of certain factors on udder morphology parameters of primiparous Lacaune ewes) 120

Bene Szabolcs - Csürhész Tamás - Holló Gabriella - Mikó Edit - Török Márton - Polgár J. Péter - Szabó Ferenc: Néhány miosztatin mutáció előfordulása és kapcsolata bizonyos hústermelési tulajdonságokkal hazai charolais húsmarha állományokban (Occurrence of some myostatin (MSTN) mutations and their effect on some beef related traits in Charolais cattle) 130

A 2023-ban sikeresen megvédett PhD disszertációk összefoglalói - első rész (Summaries of PhD dissertations in the year of 2023 - part one): 144

Bencze-Nagy Jennifer: A máriatövis takarmányozás-élettani és antimikrobiális hatásának vizsgálata peccsenyekacsákban (Investigation of physiological and antimicrobial effects of milk thistle in fattening ducks) 144

Prágai Andrea: Az alpakák (*Vicugna pacos*) hasznosíthatóságának lehetőségei Magyarországon (Possibilities of utilization of the alpacas (*Vicugna pacos*) in Hungary) 147

Roszkos Róbert: Az N-3 zsírsavak hatásainak vizsgálata nagy teljesítményű kocák szaporodásbiológiai paramétereire (Effect of N-3 PUFA on reproduction parameters of modern genotype sows) 152

Címlap kép (Frontpage photograph)

Magyar tarka tehenek (Fotó: Polgár J. Péter)

Hungarian Simmental cows (Photo: J. Péter Polgár)

Phylogenetic meta-analysis of the Cyprinidae (Teleostei: Cypriniformes) family using mitochondrial cytochrome *b* region

Filogenetikai metaanalízis a *Cyprinidae* (Teleostei: *Cypriniformes*) család tagjai között a mitokondriális citokróm *b* régió alapján

HEGEDŰS Bettina – BAGI Zoltán – KUSZA Szilvia

SUMMARY

In this study, phylogenetic relationships were investigated within the Cyprinidae family. This is the largest taxonomic group of freshwater fishes, which therefore has ecological and economic importance. Sequences of the mitochondrial cytochrome *b* (*cyt b*) region were collected from the NCBI (National Center for Biotechnology Information) database, which was screened to identify a total of 1,025 sequences belonging to 219 species of the Cyprinidae family, which were contained to 684 haplotypes. The results of the meta-analyses showed that species of fish belonging to different subfamilies were well separated in their haplotypes (apart from 1), while those belonging to the same or closely related species have shared identical haplotypes. In some cases ($n=12$), haplotypes belonging to more than one species were found. In this sense, although the exact relationship between subfamilies and other groups is controversial in several instances, this study has addressed several phylogenetic issues as well as discussed and supported theories proposed in the literature. However, it confirmed that taxonomic classifications within the Cyprinidae family are still generally correct. To the best of our knowledge, this study is the first attempt to analyse the mitochondrial cytochrome *b* region in sequences of the Cyprinidae family available from the NCBI database by phylogenetic analysis.

Keywords: Cyprinidae, cytochrome *b*, haplotype, phylogenetic, taxonomy

ÖSSZEFOGLALÁS

Célkitűzés: A *Cyprinidae* család az édesvízi halak legnagyobb taxonómiai csoportja, így mind az ökológia mind a gazdaság fontos szereplője (pl. modell-, táplálék- és díszhalak). Jelen tanulmányban a *Cyprinidae* családon belüli filogenetikai kapcsolatokat vizsgáltuk.

Módszertan: Az elemzés során a mitokondriális citokróm *b* (*cyt b*) régió szekvenciáit gyűjtöttük össze az NCBI (National Center for Biotechnology Information) adatbázisából, amelyet a fajok és nemzetségek szintjén végzett filogenetikai vizsgálatokban általánosan használnak. Az adatbázis szűrése után 1025 darab, 684 haplotípust képviselő, összesen 219 *Cyprinidae* fajhoz tartozó szekvenciát vontunk be az analízisbe. A szekvenciákat Kalign szoftverrel igazítottuk egymáshoz, majd a MEGA-X 10.2.2 programmal vágtuk meg, a haplotípusok kinyeréséhez és kapcsolatuk megismeréséhez a DNA Sequence Polymorphism v.06 (DnaSP) és a NETWORK 10 szoftvereket használtuk. A haplotípusok populációgenetikai struktúrájának kiszámításához az ARLEQUIN 3.5.2.2 programot alkalmaztuk, míg filogenetikai kapcsolatukat a MEGA-X 10.2.2 szoftverrel térképeztük fel.

Eredmények: A metaanalízis alapján a különböző alcsaládokba tartozó halfajok haplotípusai jól elkülönültek egymástól, míg az azonos vagy közeli rokon fajokhoz tartozó egyedek szekvenciái azonos haplotípusokba sorolódtak. Több esetben találtunk egynél több fajhoz tartozó haplotípust, sőt egy esetben 2 különböző alcsalád is azonos haplotípuson osztozott. További elemzések során pedig felmerült annak a lehetősége, hogy ezek alapján a *Barbus petitjeani* fajt célszerű lehet átsorolni a *Torinae* alcsaládba. Azonosítottunk 5 darab egymással szoros kapcsolatban álló haplotípust, melyek egyaránt tartoztak a *Carassius auratus* és a *Carassius gibelio* fajokhoz, míg a *Poropuntius bolovenensis*, *Poropuntius lobocheiloides* és *Poropuntius solitus* fajok 6 közös haplotípussal rendelkeztek. Ezek a fajok a szakirodalomban sem különülnek el egyértelműen egymástól.

Következtetések: Jelenleg az alcsaládok és fajok közötti pontos taxonómiai kapcsolatok több esetben vitatottak. Így ez a tanulmány számos aktuális filogenetikai kérdést tárgyalt, továbbá megvizsgálta, illetve egyes esetekben alátámasztott szakirodalomban található elméleteket. Mindezek mellett azonban megerősítette, hogy a *Cyprinidae* családon belüli rendszertani osztályozások a filogenetikai metaanalízis alapján többnyire helytállóak. Tudomásunk szerint ez a tanulmány az első kísérlet arra, hogy az NCBI adatbázisában rendelkezésre álló *Cyprinidae* család *cyt b* régiójának teljes szekvenciakészletét felhasználva egy, a teljes taxonómiai családot átfogó filogenetikai elemzést végezzen.

Kulcsszavak: *Cyprinidae*, citokróm *b*, haplotípus, filogenetika, taxonómia

1. Introduction

As the oldest and largest group of vertebrates, the fish hold a prominent place among the vertebrates. Thus, it is not surprising that their karyotype and genome size are more diverse and complex than those of other vertebrate taxonomic groups. Throughout their evolution, they have undergone whole genome duplication (WGD) and re-diploidization several times (Volf, 2005; Shao *et al.*, 2019; Xu *et al.*, 2019). These events are linked to the appearance of the wide variation in genetic and phenotypic features during their development, which has contributed to their adaptability and widespread distribution around the world (Kuang *et al.*, 2016; Moriyama and Koshiba-Takeuchi, 2018; Tian *et al.*, 2022). An example of their genetic complexity is their difference in chromosome numbers caused by the WGD, as in the case of the goldfish (*Carassius auratus*) and common carp (*Cyprinus carpio*). Their chromosome numbers ($n=100$) are twice those of the other diploid ($n=50$) species from the same Cyprininae subfamily, suggesting that they are tetraploids (Zhou and Gui, 2002; Xu *et al.*, 2019; Chen *et al.*, 2020). Fish species from some other families also have polyploidy (e.g. *Salmo trutta*), and there are natural occurrences of some normally diploid specimens found to be polyploidy (Gharbi *et al.*, 2006; Zhou and Gui, 2017). This genetic variance helps all fish species to be able to be model animals for different biotechnological reproductive techniques, and to produce different kinds of hybrids that will be able to breed (Piferrer *et al.*, 2009; Atsumi *et al.*, 2018; Müller *et al.*, 2020; Marinović *et al.*, 2022). So, this high degree of diversity makes fish suitable as subjects for many biological (e.g. for the improvement of market fish quality, and quantity) and evolutionary (e.g. for conservation) investigations in general but makes it more difficult for researchers to study them (Volf, 2005; Horváth *et al.*, 2015; Xu *et al.*, 2019; Tóth *et al.*, 2020; Berrebi *et al.*, 2021; Balog *et al.*, 2022; Ren *et al.*, 2022; Tian *et al.*, 2022; Tóth *et al.*, 2022).

With more than 3000 species and 300 genera, the Cyprinidae (Teleostei) family is the largest family of vertebrates and thus of freshwater fishes with a significant role in the market and nature (Kuang *et al.*, 2016). To put it another way, it is a family of soft-finned fishes within the Cypriniformes order which belongs to the superorder Ostariophysi (Tan and Armbruster, 2018). Due to the large number of species, the study of this family is often challenging because of the multiple occurrences of WGD. After the teleost-specific third-round (3R) WGD, the previously mentioned allopolyploidization event (4R) in the family involved goldfish and common carp, however, the origin of the other Cyprinidae polyploid lineages is poorly understood (Xu *et al.*, 2019; Wen *et al.*, 2020; Tóth *et al.*, 2022). So due to

the high diversity of the Cyprinidae family, the majority of phylogenetic investigations concentrated on smaller groups of the family. Some of these studies despite being very carefully researched, indicate that there are still unsettled taxonomic and phylogenetic questions that need answers (Vasil'eva et al., 2022), because in many areas of biological sciences, understanding phylogenetic relationships between species is essential (Kapli et al., 2020).

This is the reason why it is clear that there must be more and new approaches to the phylogenetics of this very important group of fish (Wang et al., 2012; Stout et al., 2016; Tan and Armbruster, 2018; Alrefaei et al., 2023; Sudasinghe et al., 2023). Hence the application of phylogenetics – based on molecular data – is commonly used to gain a better understanding of the evolution of genes and genomes associated with the origin and divergence of species (Kapli et al., 2020). Nowadays several different genes are used for phylogenetic analysis, such as mitochondrial (e.g., cytochrome c oxidase subunit I - COI, cytochrome *b* – cyt *b*) and nuclear (e.g.: recombination-activating gene - RAG, adenosine triphosphate synthase subunit alpha - ATPS- α) in order to study the evolutionary development of species, resulting in different phylogenetic classifications (Parhi et al., 2019; Raguž et al., 2021; Alrefaei et al., 2023). With these genes, we can find different haplotypes in a group of specimens, which can help to understand the phylogenetic associations between individuals and populations. A haplotype is a combination of alleles (gene variants), SNPs (single nucleotide polymorphisms), or other mutations of polymorphic loci on the same chromosome, which are usually inherited together from both parental lines and can affect the characteristics of the specimens. This means, that each new mutation in a haplotype sequence increases the number of haplotypes of that DNA region within a population. For these reasons, haplotypes can reveal valuable information about individual quantitative traits, hereditary diseases, genetic diversity, evolutionary history as well as population structure of species (Miller et al., 2012; Garg, 2021; Liu et al., 2022; Sun et al., 2023). An example of a wider range of phylogenetic research was when Wen et al. (2020) based on nuclear and mitochondrial genomes, found that Schizothoracinae and Cyprininae subfamilies share the same maternal common ancestor, while Schizothoracinae and Schizopygopsinae subfamilies can be related on the paternal side. For a more specific phylogenetic study, the research made by Alrefaei et al. (2023) is a good example. This was possibly the first time when the genetic diversity was studied through the cytochrome *b* gene, by using phylogenetic analysis of *Garra tibanica* and other endemic species from the same genus, sampled in Saudi Arabia. As the other studies show, the mitochondrial cytochrome *b* region is often used for evolutionary studies, and one reason can be that the resolution of that gene is better than its mitochondrial counterparts. An article included the analysis of 185 individuals from 11 species for COI, and 264 individuals from 23 species for the cyt *b* regions to see, which gene is more suitable in the case of the *Schizothorax* genus for phylogenetic analysis. There they found that the cyt *b* worked better in that case, but they warned, that it can change in different conditions (e.g.: cryptic species) (Ma et al., 2020).

The aim of this study was a phylogenetic meta-analysis of the Cyprinidae family via the mitochondrial cyt *b* gene region from the National Center for Biotechnology Information (NCBI) database.

2. Material and methods

At the beginning of this study, only whole *cyt b* sequences from the NCBI international database were selected, where the first 15377 hits were narrowed down to 1080 by filtering out everything that was not a complete *cyt b* sequence from the Cyprinidae family. A database was created with all the interested species, including their taxonomy (subfamily, genus), and nomenclature based on the information from the NCBI database. The mtDNA sequences were aligned by using Kalign software (Lassmann, 2020) which is able to perform multiple sequence alignments (MSA) with thousands of nucleotide sequences, which was considered optimal for our study. MEGA-X 10.2.2 (Kumar *et al.*, 2018) was used to remove every gap and misread, including those whole sequences too that finally did not comply with our conditions. For the determination of *cyt b* gene polymorphism and the formation of the haplotype network of sequences, the DNA Sequence Polymorphism v.06 (DnaSP) (Rozas *et al.*, 2017) and NETWORK 10 (Bandelt *et al.*, 1999) software were applied. Population genetic structure was calculated among and within subfamilies and different species in haplotypes by an analysis of molecular variance (AMOVA), and neutrality tests (Tajima's D and Fu's FS test) using ARLEQUIN 3.5.2.2 (Excoffier and Lischer, 2010) software. The phylogenetic association of the founded haplotypes was calculated by the MEGA-X 10.2.2 software (Kumar *et al.*, 2018). The phylogenetic tree was built using the maximum likelihood (ML) of the Tamura-Nei model (Tamura and Nei, 1993) with 500 bootstrap replicates (highest log likelihood -73606.21) (Fig. 1). For this, an outgroup sequence from the *Acheilognathus argenteus* species (access. no.: AB366479.1) was employed for this analysis, which belongs to the Acheilognathidae family.

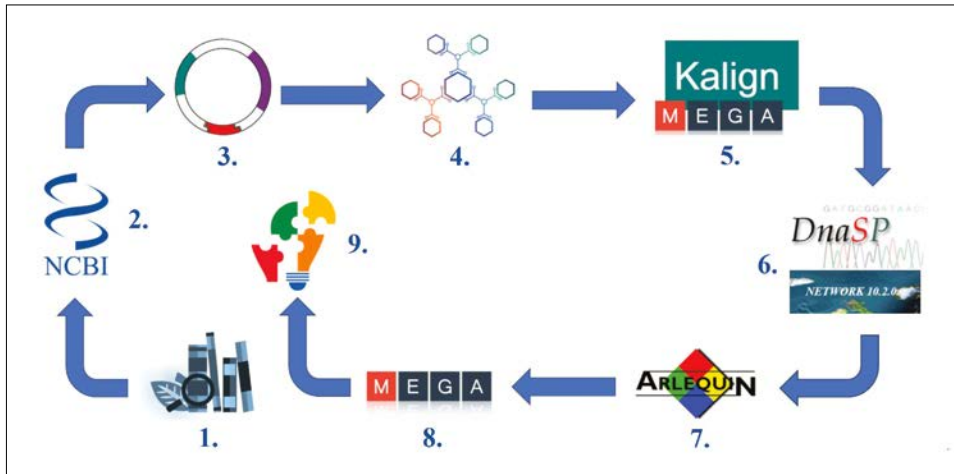
3. Results

In this study, taxonomical groups based on the NCBI database were used, which contained 9 subfamilies (Acrossocheilinae, Barbinae, Cyprininae, Labeoninae, Probarbinae, Schizopygopsinae, Schizothoracinae, Smiliogastrinae, Spinibarbinae), 1 clade (Poropuntiinae), and 2 other groups (Cyprinidae incertae sedis, unclassified Cyprinidae) that belong directly under the Cyprinidae family (Yang *et al.*, 2015; Sayers *et al.*, 2022). Applying the MEGA-X 10.2.2 (Kumar *et al.*, 2018) program after the last filtering, 1025 *cyt b* sequences were selected, representing 219 species, with a final sequence length of 1109 bp. The DnaSP software found 684 haplotypes among the 1025 sequences (Supplementary file 1), which are distributed according to the number of sequences within each haplotype in Supplementary file 2.

This shows that the majority of the sequences ($n=564$) are classified into separate haplotypes, implying that most of those are unique. Out of the 684 haplotypes, only 2.3% ($n=16$) belongs to more than one species, which are mostly belongs to the same genus. However, the haplotype Hap_6 swas linked to sequences from different subfamilies (based on NCBI data), namely from the Torinae and Barbinae (Table 1).

Numerous species had the same genetic variations in our research. For example, the *Poropuntius bolovenensis*, the *Poropuntius lobocheiloides* and the

Figure 1. Process of the phylogenetic meta-analysis study



1. Literature review; 2. International database screening; 3. Cyt *b* sequence selection; 4. Preparation of databases; 5. Multiple sequence alignment, removal of every gap and misread; 6. Determination of gene polymorphism and the formation of the haplotype network; 7. Calculation of population genetic structure; 8. Structure of the phylogenetic tree; 9. Comparison of results with the literature, drawing conclusions

1. ábra. A filogenetikai metaanalízis vizsgálatának folyamata

1. szakirodalom áttekintése; 2. nemzetközi adatbázisok szűrése; 3. Cyt *B* szekvencia kiválasztása; 4. adatbázis készítése; 5. több szekvencia illesztése, minden hiányos régió és félreolvasás eltávolítása; 6. génpolimorfizmus meghatározása, és a haplotípusok kapcsolatainak ábrázolása; 7. populáció genetikai struktúrák számítása; 8. filogenetikai fa készítése; 9. kapott eredmények összehasonlítása a szakirodalommal, következtetések levonása

Poropuntius solitus species shared 6 haplotypes, whereas the *C. auratus* and the *Carassius gibelio* (Gibel carp) had a total of 5 with each other. Noteworthy, that some species were listed in the NCBI database with their synonym names (Supplementary file 3), which could lead to confusion in research. A good instance is that in our analysis it looked like two different species had the same haplotype (Hap_342), while it turned out, those sequences belonged to the *Crossocheilus burmanicus* fishes. Table 2 presents the statistical data for our full set of sequences, meanwhile emphasizing the groups of species that share haplotypes. In this table, and throughout the paper, these groups will be referred to as follows: HG1: containing all species; HG2: *C. auratus*, *C. gibelio*; HG3: *C. auratus*, *C. gibelio*, *C. cuvieri*, *C. carpio*; HG4: *P. bolovenensis*, *P. lobocheiloides*, *P. solitus*; HG5: *B. barbatus*, *B. balcanicus*; HG6: *B. bynni*, *B. petitjeani*; HG7: *P. jerdoni*, *H. lithopidos*; HG8: *H. dubius*, *H. micropogon*.

Table 2 also shows the results of the polymorphism analysis. Visibly the polymorph sites ($S=704$) haplotype diversity ($Hd=0.996$), and the nucleotide diversity ($\pi=0.137$) values were the highest in the case of the largest analysed group of species (HG1). This was expected, as it contains sequences ($n=1025$) from 13 subfamily-ranked taxonomy groups, and all their haplotypes ($n=684$). To better understand the second most common genetic variations shared by

Table 1a

Haplotypes with more than one species

Haplotype (1)	Sample size (2)	Taxonomy group (3)	1. Species (4)	2. Species (4)	3. Species (4)
Hap_493	20	Species	<i>P. bolov.</i>	<i>P. lobocho.</i>	<i>P. solitus</i>
		Genus	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>
		Subfamily	Poropuntiinae	Poropuntiinae	Poropuntiinae
Hap_491	15	Species	<i>P. bolov.</i>	<i>P. lobocho.</i>	
		Genus	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>	
		Subfamily	Poropuntiinae	Poropuntiinae	
Hap_116	10	Species	<i>C. auratus</i>	<i>C. gibelio</i>	
		Genus	<i>Carassius</i>	<i>Carassius</i>	
		Subfamily	Cyprininae	Cyprininae	
Hap_115	7	Species	<i>C. auratus</i>	<i>C. gibelio</i>	
		Genus	<i>Carassius</i>	<i>Carassius</i>	
		Subfamily	Cyprininae	Cyprininae	
Hap_119	3	Species	<i>C. auratus</i>	<i>C. gibelio</i>	
		Genus	<i>Carassius</i>	<i>Carassius</i>	
		Subfamily	Cyprininae	Cyprininae	
Hap_485	3	Species	<i>P. bolov.</i>	<i>P. lobocho.</i>	<i>P. solitus</i>
		Genus	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>
		Subfamily	Poropuntiinae	Poropuntiinae	Poropuntiinae
Hap_6	2	Species	<i>B. bynni</i>	<i>B. petitjeani</i>	
		Genus	<i>Labeobarbus</i>	<i>Barbus</i>	
		Subfamily	Torinae	Barbinae	
Hap_117	2	Species	<i>C. auratus</i>	<i>C. gibelio</i>	
		Genus	<i>Carassius</i>	<i>Carassius</i>	
		Subfamily	Cyprininae	Cyprininae	

P. bolov. = *P. bolovenensis*; *P. lobocho.* = *P. lobocheiloides*

1a. táblázat: Az egynél több fajt tartalmazó haplotípusok

P. bolov. = *P. bolovenensis*; *P. lobocho.* = *P. lobocheiloides*
haplotípus (1); minta mérete (2); taxonómiai csoport (3); faj (4)

different species (HG2), we included sequences from *Carassius cuvieri*, which inherited identical genetic variations with goldfish, and from the species often used in similar research, the *C. carpio* (HG3). This helped us recognize how their genetic variations are connected (Table 2; Fig. 2). Interestingly, despite the HG4 group containing 75 sequences from 3 species, it had the fewest polymorph sites ($S=19$) and the lowest nucleotide diversity ($\pi=0.003$) among all the studied groups.

Returning to the HG1 group, the AMOVA analysis (Table 3) showed that only 62.2% of the variation came from among the populations, which is remarkable

Table 1b

Haplotypes with more than one species

Haplotype (1)	Sample size (2)	Taxonomy group (3)	1. Species (4)	2. Species (4)	3. Species (4)
Hap_118	2	Species	<i>C. auratus</i>	<i>C. gibelio</i>	
		Genus	<i>Carassius</i>	<i>Carassius</i>	
		Subfamily	Cyprininae	Cyprininae	
Hap_157	2	Species	<i>C. auratus</i>	<i>C. cuvieri</i>	
		Genus	<i>Carassius</i>	<i>Carassius</i>	
		Subfamily	Cyprininae	Cyprininae	
Hap_166	2	Species	<i>H. dubius</i>	<i>H. micropogon</i>	
		Genus	<i>Hypselobarbus</i>	<i>Hypselobarbus</i>	
		Subfamily	Torinae	Torinae	
Hap_167	2	Species	<i>P. jerdoni</i>	<i>H. lithopidos</i>	
		Genus	<i>Hypselobarbus</i>	<i>Hypselobarbus</i>	
		Subfamily	Torinae	Torinae	
Hap_487	2	Species	<i>P. bolov.</i>	<i>P. solitus</i>	
		Genus	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>	
		Subfamily	Poropuntiinae	Poropuntiinae	
Hap_488	2	Species	<i>P. bolov.</i>	<i>P. solitus</i>	
		Genus	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>	
		Subfamily	Poropuntiinae	Poropuntiinae	
Hap_489	2	Species	<i>P. bolov.</i>	<i>P. solitus</i>	
		Genus	<i>Poropuntius</i>	<i>Poropuntius</i>	
		Subfamily	Poropuntiinae	Poropuntiinae	
Hap_515	2	Species	<i>B. barbuis</i>	<i>B. balcanicus</i>	
		Genus	<i>Barbus</i>	<i>Barbus</i>	
		Subfamily	Barbinae	Barbinae	

P. bolov. = *P. bolovenensis*; *P. lobocho.* = *P. lobocheiloides*

1b. táblázat: Az egynél több fajt tartalmazó haplotípusok 2

P. bolov. = *P. bolovenensis*; *P. lobocho.* = *P. lobocheiloides*

haplotípus (1); minta mérete (2); taxonómiai csoport (3); faj (4)

considering the comparison of data gained from different subfamilies. The HG2 and HG4 groups of species indicated that their variation is more likely to occur within the populations ($V_b=60.6\%$ and 74.5%). This means, that in the case of the 2 *Carassius* and 3 *Poropuntius* species, the polymorphism is greater inside the species than between them, which indicates close phylogenetic relatedness. However, for the HG6, HG7, and HG8, the results of the AMOVA analysis could not be considered due to the low number of sequences (low sample numbers). The results of the neutral tests were consistently below zero in all species groups but were never at a significance level. Thus, we did not have strong enough

Table 2

Statistical data of different groups of species and their haplotypes

Groups (1)	Sample size (2)	S (3)	h (4)	Hd ± SD (5)	π (6)
HG1	1025	704	684	0.996 ± 0.001	0.137 ± n.d.
HG2	262	228	94	0.965 ± 0.006	0.017 ± 0,001
HG3	268	269	95	0.967 ± 0.006	0.021 ± 0.002
HG4	75	19	18	0.873 ± 0.024	0.003 ± 0.0002
HG5	50	332	46	0.996 ± 0.005	0.064 ± 0.008
HG6	3	25	2	0.667 ± 0.314	0.015 ± 0.007
HG7	3	71	2	0.667 ± 0.314	0.043 ± 0.020
HG8	2	0	0	0	0

S = Number of polymorph sites; h = Number of Haplotypes; Hd = Haplotype (gene) diversity; SD = Standard deviation; π = Nucleotide diversity (per site); n.d. = no data

2. táblázat: Statisztikai adatok a különböző haplotípus-csoportokról, amelyek mindegyike eltérő fajösszetételű

S = polimorf helyek száma; h = haplotípusok száma; Hd = haplotípus (gén) diverzitás; SD = szórás; π = nukleotid diverzitás (pozícionként); n.d. = nincs adat

csoportok (1); minta mérete (2); S = polimorf helyek száma (3); h = haplotípusok száma (4); Hd = haplotípus (gén) diverzitás (5); SD = szórás (6); ω = nukleotid diverzitás (pozícionként) (7); n.d. = nincs adat (8)

Table 3

Results of the AMOVA and neutrality analysis

Groups (1)	Va (2)	Vb (3)	Fixation Index FST (4)	Tajima's D (5)	Fu's FS (6)
HG1	62.2	37.8	0.622	-0.542	-8.985
HG2	39.4	60.6	0.394	-0.645	-11.929
HG3	64.5	35.5	0.645	-0.323	-5.964
HG4	25.5	74.5	0.255	-0.955	-1.329
HG5	64.8	35.2	0.648	-1.210	-9.436

Va = Percentage of variation among populations (2); Vb = Percentage of variation within populations (3)

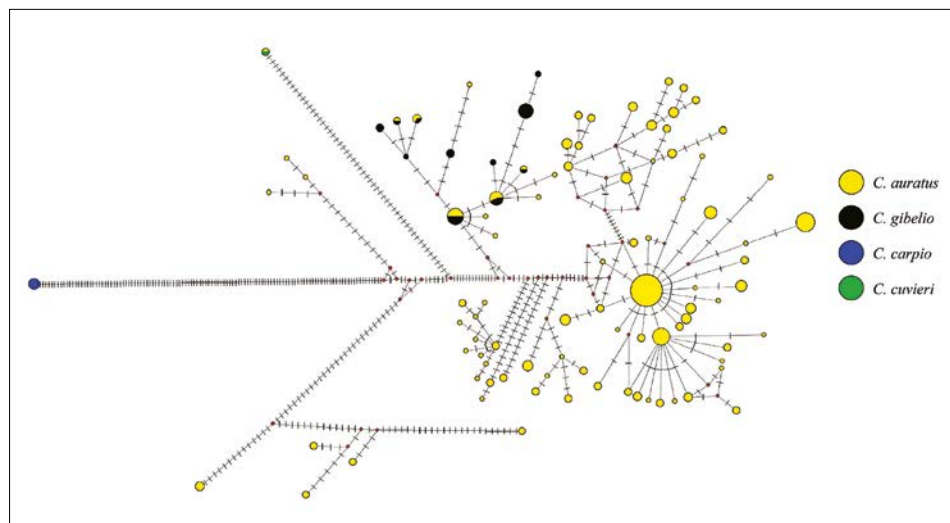
3. táblázat: Az AMOVA és a neutrális tesztek eredményei

csoportok (1); a populációk közötti eltérés százalékos aránya (2); a populációkon belüli eltérés százalékos aránya (3); fixációs index (4); Tajima D érték (5); Fu FS értéke (6)

evidence to draw any firm conclusions about genetic variations or population changes in these species (e.g. the possibility of recent population expansion or genetic drift).

In the median-joining network tree of the HG3 group of species (Fig. 2), one can observe that the haplotype of *C. carpio* displays a high number of mutations when comparing it to species of the *Carassius* genus. Particularly, *C. gibelio* does not appear to be completely distinct from the groups of *C. auratus*, while the shared haplotype of the *C. cuvieri* species shows an increased number of polymorphic sites in comparison to them.

Figure 2. Median-joining network of HG3



The different colors represent the species. Branch length is not representative of evolutionary distance. The frequency of the crossing lines indicates the number of mutations, while the size of the circle is proportional to the number of sequences in the haplotypes.

2. ábra. A HG3 median-joining hálózata

A különböző színek a fajokat jelölik. Az ágak hossza nem reprezentálja az evolúciós távolságot. Az egymást keresztező vonalak gyakorisága a mutációk számát jelzi, míg a kör mérete a haplotípusok szekvenciáinak számával arányos.

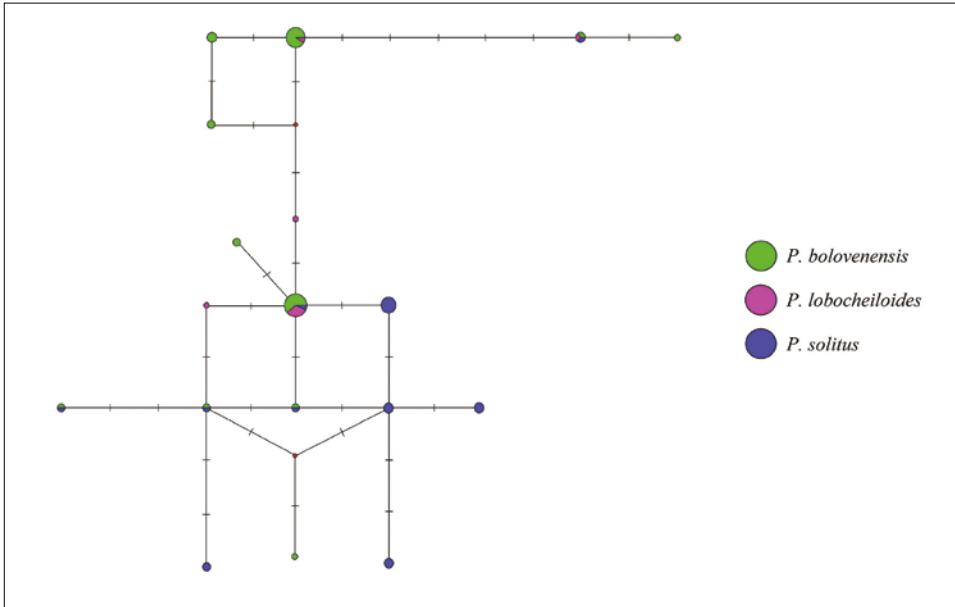
The HG4 group is presented in the following figure, demonstrating that the 3 *Poropuntius* species often have identical genetic variation on the haplotype sites, without high number of mutations between them (Fig. 3).

To grasp the genetic relations between the haplotypes, a ML tree was structured and used to measure polymorphism within and between the observed distinct haplotypes. In most cases, the different genetic variations showed the expected relationships on the phylogenetic tree according to the species they represented. This arrangement was most apparent, as the subfamilies appeared on the tree in a well-differentiated order. One exception was the haplotype belonging to 2 different subfamilies (Hap_6), which was classified under the Torinae subfamily. In our study, there is a less classified subfamily-ranked group, the Cyprinidae incertae sedis, from which we had 2 sequences, but these were found in separate haplotypes (Hap_329 and Hap_330). In the end, it was possible to determine their potential position in the classification tree, as they were also associated with haplotypes belonging to the Barbinae and Poropuntiinae subfamilies (Fig. 4).

4. Discussion

The literature mainly focuses on smaller taxonomic units within the families, thus broad phylogenetic research covering a whole family is rare. So, to our best knowledge, this study is the first within the family Cyprinidae to include

Figure 3. Median-joining network of HG4



The different colors represent the species. Branch length is not representative of evolutionary distance. The frequency of the crossing lines indicates the number of mutations, while the size of the circle is proportional to the number of sequences in the haplotypes.

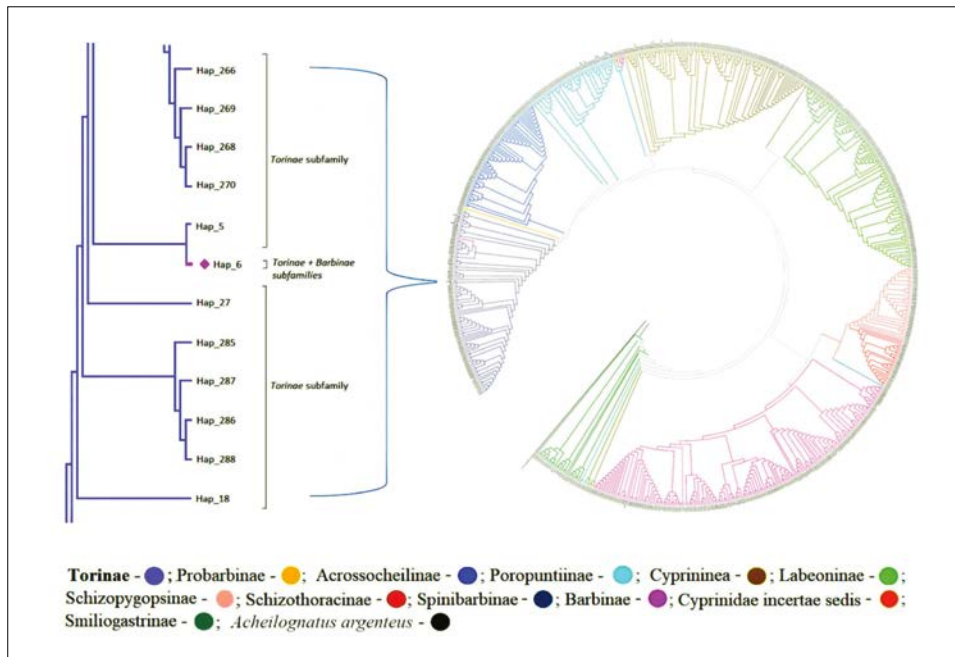
3. ábra. A HG4 median-joining hálózata

A különböző színek a fajokat jelölik. Az ágak hossza nem reprezentálja az evolúciós távolságot. Az egymást keresztező vonalak gyakorisága a mutációk számát jelzi, míg a kör mérete a haplotípusok szekvenciáinak számával arányos.

sequences from all subfamilies, involving 219 species. In this analysis, most of the 1025 *cyt b* sequences examined within the 12 subfamily-ranked groups, contained only one sequence, which is consistent with the expected result, as international databases (e.g.: NCBI) mostly contain sequences from separate haplotypes. In this meta-analysis, a total of 684 unique haplotypes were found. Among them, only 16 contained sequences from different species (Table 1), which verified that they were not just synonyms of each other (e.g.: *Crossocheilus burmanicus* and *Tariqilabeo burmanicus* in Hap_342) (Supplementary file 1; Supplementary file 3).

Species belonging to these shared haplotypes were further investigated separately. In the case of the species of *C. auratus* and *C. gibelio*, they had 94 haplotypes with 5 (Hap_115, Hap_116, Hap_117, Hap_118, Hap_119) of them being shared with each other. The species had relatively high haplotype diversity ($Hd=0.965$) with 60.6% of variation within, and 39.4% among populations with the second lowest Fixation index value ($Fst=0.394$). These numbers were not surprising, as the literature shows that it is still questionable whether we can consider *C. gibelio* (synonym: *C. auratus gibelio*) as a separate species from *C. auratus* (synonym: *C. auratus auratus*), or they are simply subspecies (*Apalikova et al.*, 2011; *Cheng*

Figure 4. Phylogenetic tree of the Cyprinidae haplotypes



The colors represent different subfamilies in clockwise order.

4. ábra. Filogenetikai fa a Cyprinidae haplotípusokról

A színek a különböző alcsaladokat jelölik az óramutató járásával megegyező sorrendben.

et al., 2020). The controversy arises from the fact that the goldfish was domesticated in China and believed its ancestor is the Gibel carp, but there are studies that indicate they were developed from a sister lineage (Rylková et al., 2010; Chen et al., 2020). Other studies reported (Cheng et al., 2012) that they found shared haplotypes in other mitochondrial regions (COI) too, and attention was drawn to the ploidy as a disruption factor for the classification of *Carassius* species.

This analysis includes the comparison (HG3) of the already mentioned *C. auratus*, *C. gibelio* species with the *C. cuvieri* (1 shared haplotype with goldfish), and *C. carpio* which is often studied together with them (Apalikova et al., 2011; Cheng et al., 2020; Wang et al., 2022). Among them, 95 haplotypes were identified, with 64.5% variation among populations. This compared to the results of the previous analysis ($V_a=39.4\%$) of HG2 mostly shows the effect of the genetic difference of the common carp when studied alongside *Carassius* species (Table 2, Table 3). On the network tree (Fig. 2), the haplotype of the *C. carpio* is well separated with high number of mutations, which was expected as this species belongs to another genus. However, a strong link can be found between the haplotypes of Gibel carp (black) and goldfish (yellow), with no more than 5 mutations between them. On the contrary, the haplotype occurring in *C. cuvieri* and goldfish contains 54 mutations from the main body of the tree. These results in these haplotypes correlate with the already existing literature.

The most frequent species with identical haplotypes ($n=6$ out of 18) were *P. bolovenensis*, *P. lobocheiloides*, and *P. solitus*. Further into our meta-analysis, they were referred to together as HG4 group. The analyses found that these species had 74.5% within-population variance, while their nucleotide diversity value ($\pi = 0.003$), the number of variable sites ($S=19$), and the F_{st} value ($F_{st}=0.255$) was the lowest among the studied groups (Table 2, Table 3). In their network tree (Fig. 3) there were at most 5 mutations between the haplotypes, which indicates that they are in close relations. Questions were raised in their first reports (Roberts, 1998; Kottelat, 2000) about the studied *Poropuntius* species, as it was not clear, whether they are separate or subspecies because some of their morphological features (e.g. lateral line scales, predorsal scales) are not suitable for distinguish. This issue cannot be precisely defined from our results, but it goes back to the assumption proposed by Kang et al. (2016). Namely, which suggests that there is a possibility that *P. lobocheiloides* and *P. solitus* are the same species as *P. bolovenensis* and that their phenotypic divergence is simply the result of intraspecific trophic polymorphism.

Group HG5 included 2 species: *Barbus balcanicus* and *Barbus barbuis*, with a total of 46 haplotypes, one of which was found in both species. This group had the second highest haplotype ($H_d=0.996$) and nucleotide ($\pi = 0.064$) diversity with 64.8% of among-population variance (Table 1, Table 2). From these data, it can be observed that these species are not as closely related as the previously studied ones and are well separated within the Cyprinidae family, which is supported by the available literature too (Levin et al., 2019).

The HG6 analysed group encloses one haplotype called Hap_6, which was found in 2 species: *Labeobarbus bynni bynni* (access. no.: AF287420.1) from the Torinae, and the *Barbus petitjeani* (synonym: *Labeobarbus petitjeani*) (access. no.: AF287443.1) from the Barbinae subfamily. The possible reason why this could occur, is that these species are hexaploids (Guegan et al., 1995), and as Yang et al. (2015) proposed that these 'Barbus' hexaploid species should be moved into the *Labeobarbus* genus under the Torinae subfamily. Nowadays some of the literature already classify this species under this genus (Diallo, 2020). It can be noticed that following this, our Hap_6 haplotype can be found under the Torinae branch of the ML tree (Fig. 4). This means, that the taxonomy classification of these species not yet been perfectly clarified. Still, our results support the proposal of Yang et al. (2015).

The species in HG7 and HG8 groups belong to the same *Hypselobarbus* genus, and they formed haplotypes according to the clade where they belong based on the literature: the Hap_166: *Hypselobarbus curmuca* - *Hypselobarbus dubius* - *Hypselobarbus micropogon*, and the Hap_167: *Hypselobarbus lithopidos* - *Puntius jerdoni* (synonym: *Hypselobarbus jerdoni*) clade (Arunachalam et al., 2012). Unfortunately, in this case, the low number of sequences in the groups (Table 2) prevented valid results from the statistical tests. Although it should be mentioned that the difference in the number of sequences in each species may affect our results.

5. Conclusion

A large-scale meta-analysis was carried out based on the available sequences of the cytochrome *b* (*cyt b*) region of the Cyprinidae family from the National Center for Biotechnology Information (NCBI) database. This family is the largest among the vertebrates, comprising several subfamilies, genera, and eventually more than 3000 species. For the study, 1025 sequences were selected from the database according to their quality, which eventually covered all subfamilies and a total of 219 species. The analyses were carried out using different software, resulting in 684 haplotypes within the family, from which 16 haplotypes occurred in at least 2 species. A close relationship among the haplotypes of *C. auratus* and *C. gibelio* species had been shown, as well as between the haplotypes of *P. bolovenensis*, *P. lobocheiloides* and *P. solitus*, where it is still unclear whether they should be considered as species or subspecies. In addition, the suggestion of a previous study that the *Barbus petitjeani* may need to be reclassified in the subfamily Torinae because of its hexaploidy was supported by our results. Furthermore, the validity of this current study was supported by the fact that species belonging to the genus *Hypselobarbus* shared a common haplotype with species belonging to the same clade. An unclassified group at the subfamily level, Cyprinidae incertae sedis was included in the study and we were able to predict its possible position in the phylogenetic tree because of its association with haplotypes of the subfamilies Barbinae and Poropuntiinae. Finally, further analysis showed that the taxonomic classifications used today are mostly correct, as the relationships of the haplotypes correspond to known classifications and associations between the species under study, but the different kinds of synonyms of species can make the work harder with them. To the best of our knowledge, the present study is the first attempt to investigate the cytochrome *b* region of the whole Cyprinidae family, by phylogenetic analysis of the sequences available from the NCBI database

6. Acknowledgments

Supported by the ÚNKP-22-3 New National Excellence Program of the Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund.

7. References

- Alrefaei, A. F. – Al-Mrshoud, M. F. – Alotaibi, A. M. – Ahmad, Z. – Farooq, M. – Albalawi, H. F. – Albeshr, M. F. – Alshehri, E. – Almutairi, M. H. – Pizzio, G. A. (2023): Molecular identification and phylogenetic analysis of cytochrome *b* gene from *Garra tibanica* an endogenous species from Saudi Arabia. *J. King Saud Univ. Sci.* 35. 102390. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2022.102390>
- Apalikova, O. V. – Podlesnykh, A. V. – Kukhlevsky, A. D. – Guohua, S. – Brykov, V. A. (2011): Phylogenetic relationships of silver crucian carp *Carassius auratus gibelio*, *C. auratus cuvieri*, crucian carp *Carassius carassius*, and common carp *Cyprinus carpio* as inferred from mitochondrial DNA variation. *Russ. J. Genet.*, 47. 322–331. <https://doi.org/10.1134/S1022795411020025>
- Arunachalam, M. – Raja, M. – Dharan, M. – Mayden, R. (2012): Phylogenetic relationships of species of *Hypselobarbus* (Cypriniformes: Cyprinidae): an enigmatic clade endemic to aquatic systems of India. *Zootaxa*, 3499. 63–67. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3499.1.4>

- Atsumi, K. – Nomoto, K. – Machida, Y. – Ichimura, M. – Koizumi, I. (2018): No reduction of hatching rates among F1 hybrids of naturally hybridizing three Far Eastern daces, genus *Tribolodon* (Cypriniformes, Cyprinidae). *Ichthyol. Res.*, 65. 165–167. <https://doi.org/10.1007/s10228-017-0588-1>
- Balog, K. – Bagi, Z. – Tóth, B. – Hegedűs, B. – Fehér, M. – Stündl, L. – Kusza, S. (2022): Association study between relative expression levels of eight genes and growth rate in Hungarian common carp (*Cyprinus carpio*). *Saudi J. Biol. Sci.*, 29. 630–639. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.09.036>
- Bandelt, H. J. – 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>
- Berberi, P. – Horvath, A. – Splendiani, A. – Palm, S. – Bernas, R. (2021): Genetic diversity of domestic brown trout stocks in Europe. *Aquaculture*, 544. 737043. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2021.737043>
- Chen, D. – Zhang, Q. – Tang, W. – Huang, Z. – Wang, G. – Wang, Y. – Shi, J. – Xu, H. – Lin, L. – Li, Z. – Chi, W. – Huang, L. – Xia, J. – Zhang, X. – Guo, L. – Wang, Y. – Ma, P. – Tang, J. – Zhou, G. – Liu, M. – Liu, F. – Hua, X. – Wang, B. – Shen, Q. – Jiang, Q. – Lin, J. – Chen, X. – Wang, H. – Dou, M. – Liu, L. – Pan, H. – Qi, . – Wu, B. – Fang, J. – Zhou, Y. – Cen, W. – He, W. – Zhang, Q. – Xue, T. – Lin, G. – Zhang, W. – Liu, Z. – Qu, L. – Wang, A. – Ye, Q. – Chen, J. – Zhang, Y. – Ming, R. – Montagu, M. V. – Tang, H. – Van de Peer, Y. – Chen, Y. – Zhang, J. (2020): The evolutionary origin and domestication history of goldfish (*Carassius auratus*). *PNAS*, 117. 29775–29785. <https://doi.org/10.1073/pnas.2005545117>
- Cheng, L. – Chang, Y.-M. – Lu, C.-Y. – Cao, D.-C. – Sun, X.-W. (2012): DNA barcoding and species and subspecies classification within genus *Carassius*. *Zool. Res.*, 33. 463–472. <https://doi.org/10.3724/SP.J.1141.2012.05463>
- Cheng, L. – Lu, C. – Wang, L. – Li, C. – Yu, X. (2020): Coexistence of three divergent mtDNA lineages in northeast Asia provides new insights into phylogeography of Goldfish (*Carassius auratus*). *Animals*, 10. 1785. <https://doi.org/10.3390/ani10101785>
- Diallo, I. (2020): *Labeobarbus petitjeani*. The IUCN Red List of Threatened Species 2020: e.T182776A134931992. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-3.RLTS.T182776A134931992.en>
- Excoffier, L. – Lischer, H. E. L. (2010): Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol. Ecol. Resour.*, 10. 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
- Garg, S. (2021): Computational methods for chromosome-scale haplotype reconstruction. *Genome Biol.*, 22. 101. <https://doi.org/10.1186/s13059-021-02328-9>
- Gharbi, K. – Gautier, A. – Danzmann, R. G. – Gharbi, S. – Sakamoto, T. – Høyheim, B. – Taggart, J. B. – Cairney, M. – Powell, R. – Krieg, F. – Okamoto, N. – Ferguson, M. M. – Holm, L. E. – Guyomard, R. (2006): A linkage map for brown trout (*Salmo trutta*): chromosome homeologies and comparative genome organization with other salmonid fish. *Genetics*, 172. 2405–2419. <https://doi.org/10.1534/genetics.105.048330>
- Guegan, J. F. – Rab, P. – Machordom, A. – Doadrio, I. (1995): New evidence of hexaploidy in 'large' African *Barbus* with some considerations on the origin of hexaploidy. *J. Fish Biol.*, 47. 192–198. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.1995.tb01888.x>
- Horváth, Á. – Bokor, Z. – Bernáth, G. – Csenki, Z. – Gorjan, A. – Herráez, M. P. – Urbányi, B. – Jesenšek, D. (2015): Very low sperm-egg ratios result in successful fertilization using cryopreserved sperm in the Adriatic grayling (*Thymallus thymallus*). *Aquaculture*, 435. 75–77. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2014.09.032>
- Kang, D.-W. – Thamavongseng, P. – Lee, H. Y. – Choi, S.-H. (2016): Fish fauna in the Bolaven Plateau and trophic polymorphism of *Poropuntius bolovenensis* in Laos. *Korean J. Environ. Ecol.*, 30. 369–375. <https://doi.org/10.13047/KJEE.2016.30.3.369>
- Kapli, P. – Yang, Z. – Telford, M. J. (2020): Phylogenetic tree building in the genomic age. *Nat. Rev. Genet.*, 21. 428–444. <https://doi.org/10.1038/s41576-020-0233-0>

- Kottelat, M. (2000): Diagnoses of a new genus and 64 new species of fishes from Laos (Teleostei: Cyprinidae, Balitoridae, Bagridae, Syngnathidae, Chaudhuriidae and Tetraodontidae). *J. South Asian Nat. Hist.*, 5. 37–82.
- Kuang, Y.-Y. – Zheng, X.-H. – Li, C.-Y. – Li, X.-M. – Cao, D.-C. – Tong, G.-X. – Lv, W.-H. – Xu, W. – Zhou, Y. – Zhang, X.-F. – Sun, Z.-P. – Mahboob, S. – Al-Ghanim, K. A. – Li, J.-T. – Sun, X.-W. (2016): The genetic map of goldfish (*Carassius auratus*) provided insights to the divergent genome evolutions in the Cyprinidae family. *Sci. Rep.*, 6. 34849. <https://doi.org/10.1038/srep34849>
- Kumar, S. – Stecher, G. – Li, M. – Nklyaz, C. – Tamura, K. (2018): MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.*, 35. 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lassmann, T. (2020): Kalign 3: Multiple sequence alignment of large datasets. *Bioinformatics*, 36. 1928–1929. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz795>
- Levin, B. A. – Gandlin, A. A. – Simonov, E. S. – Levina, M. A. – Barmintseva, A. E. – Japoshvili, B. – Mugue, N. S. – Mumladze, L. – Mustafayev, N. J. – Pashkov, A. N. – Roubenyan, H. R. – Shapovalov, M. I. – Doadrio, I. (2019): Phylogeny, phylogeography and hybridization of Caucasian barbels of the genus *Barbus* (Actinopterygii, Cyprinidae). *Mol. Phylogenet. Evol.*, 135. 31–44. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.02.025>
- Liu, S. – Martin, K. E. – Gao, G. – Long, R. – Evenhuis, J. P. – Leeds, T. D. – Wiens G. D. – Palti, Y. (2022): Identification of haplotypes associated with resistance to bacterial cold water disease in rainbow trout using whole-genome resequencing. *Front. Genet.*, 13. 936806. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.936806>
- Ma, Q. – He, K. – Wang, X. – Jiang, J. – Zhang, X. – Song, Z. (2020): Better resolution for cytochrome *b* than cytochrome *c* oxidase subunit I to identify *Schizothorax* species (Teleostei: Cyprinidae) from the Tibetan Plateau and its adjacent area. *DNA Cell. Biol.*, 39. 579–598. <https://doi.org/10.1089/dna.2019.5031>
- Marinović, Z. – Lujčić, J. – Bajec, S. S. – Djurdjević, I. – Snoj, A. – Hoitsy, G. – Urbányi, B. – Horváth, Á. (2022): Evaluation of triploid rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* as a surrogate parent for brown trout *Salmo trutta m. fario* and grayling *Thymallus thymallus*. *Aquac. Rep.*, 24. 101163. <https://doi.org/10.1016/j.aqrep.2022.101163>
- Miller, M. R. – Brunelli, J. P. – Wheeler, P. A. – Liu, S. – Rexroad III, C. E. – Palti, Y. – Doe, C. Q. – Thorgaard, G. H. (2012): A conserved haplotype controls parallel adaptation in geographically distant salmonid populations. *Mol. Ecol.*, 21. 237–249. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05305.x>
- Moriyama, Y. – Koshihara-Takeuchi, K. (2018): Significance of whole-genome duplications on the emergence of evolutionary novelties. *Brief. Funct. Genom.*, 17. 329–338. <https://doi.org/10.1093/bfpg/ely007>
- Müller, T. – Ács, É. – Beliczky, G. – Makk, J. – Földi, A. – Kucska, B. – Horváth L. – Ittész Á. – Hegyi, Á. – Szabó, T. – Urbányi, B. – Nguyen, N. Q. – Orbán, L. – Havasi, M. (2020): New observations about the fertilisation capacity and latency time of sperm inseminated into the ovary of African catfish (*Clarias gariepinus*), an oviparous model fish. *Aquaculture*, 522. 735109. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735109>
- Parhi, J. – Tripathy, P. S. – Priyadarshi, H. – Mandal, S. C. – Pandey, P. K. (2019): Diagnosis of mitogenome for robust phylogeny: A case of Cypriniformes fish group. *Gene*, 713. 143967. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2019.143967>
- Raguž, L. – Buj, I. – Marčić, Z. – Veble, V. – Ivić, L. – Zanella, D. – Horvatić, S. – Mustafić, P. – Čaleta, M. – Sabolić, M. (2021): First look into the evolutionary history, phylogeographic and population genetic structure of the Danube barbel in Croatia. *Knowl. Manag. Aquat. Ecosyst.*, 422. 13. <https://doi.org/10.1051/kmae/2021011>
- Ren, L. – Gao, X. – Cui, J. – Zhang, C. – Dai, H. – Luo, M. – He, S. – Qin, Q. – Luo, K. – Tao, M. – Xiao, J. – Wang, J. – Zhang, H. – Zhang, X. – Zhou, Y. – Wang, J. – Zhao, X. – Liu, G. – Wang, G. – Huo, L. – Wang, S. – Hu, F. – Zhao, R. – Zhou, R. – Wang, Y. – Liu, Q. – Yan, X. – Wu, C. – Yang,

- C. – Tang, C. – Duan, W. – Liu, S. (2022): Symmetric subgenomes and balanced homoeolog expression stabilize the establishment of allopolyploidy in cyprinid fish. *BMC Biol.*, 20. 200. <https://doi.org/10.1186/s12915-022-01401-4>
- Roberts, T. R. (1998): Review of the tropical Asian cyprinid fish genus *Poropuntius*, with descriptions of new species and trophic morphs. *Nat. Hist. Bull. Siam. Soc.*, 46. 105–135.
- Rozas, J. – Ferrer-Mata, A. – Sánchez-DelBarrio, J. C. – Guirao-Rico, S. – Librado, P. – Ramos-Onsins, S. E. – Sánchez-Gracia, A. (2017): DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Mol. Biol. Evol.*, 34. 3299–3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- Piferrer, F. – Beaumont, A. – Falguière, J. C. – Flajšhans, M. – Haffray, P. – Colombo, L. (2009): Polyploid fish and shellfish: production, biology and applications to aquaculture for performance improvement and genetic containment. *Aquaculture*, 293. 125–156. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2009.04.036>
- Rylková, K. – Kalous, L. – Šlechtová, V. – Bohlen, J. (2010): Many branches, one root: first evidence for a monophyly of the morphologically highly diverse goldfish (*Carassius auratus*). *Aquaculture*, 302. 36–41. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2010.02.003>
- Sayers, E. W. – Bolton, E. E. – Brister, J. R. – Canese, K. – Chan, J. – Comeau, D. C. – Connor, R. – Funk, K. – Kelly, C. – Kim, S. – Madej, T. – Marchler-Bauer, A. – Lanczycki, C. – Lathrop, S. – Lu, Z. – Thibaud-Nissen, F. – Murphy, T. – Phan, L. – Skripchenko, Y. – Tse, T. – Wang, J. – Williams, R. – Trawick, B. W. – Pruitt, K. D. – Sherry, S. T. (2022): Database resources of the national center for biotechnology information. *Nucleic Acids Res.*, 50. D20–D26. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab1112>
- Shao, F. – Han, M. – Peng, Z. (2019): Evolution and diversity of transposable elements in fish genomes. *Sci. Rep.*, 9. 15399. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51888-1>
- Stout, C. C. – Tan, M. – Lemmon, A. R. – Lemmon, E. M. – Armbruster, J. W. (2016): Resolving Cypriniformes relationships using an anchored enrichment approach. *BMC Evol. Biol.*, 16. 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12862-016-0819-5>
- Sudasinghe, H. – Rüber, L. – Meegaskumbura, M. (2023): Molecular phylogeny and systematics of the South Asian freshwater-fish genus *Puntius* (Teleostei: Cyprinidae). *Zool. Scr.*, 52. 571–587. <https://doi.org/10.1111/zsc.12618>
- Sun, C. H. – Huang, Q. – Gu, Y. L. – Huang, X. Y. – Du, H. W. – Lao, Y. L. – Huang, J. L. – Zhang, Q. (2023): Genetic diversity and population structure of *Saurida undosquamis* in the South China Sea based on *Cytb* and the control region. *Glob. Ecol. Conserv.*, 48. e02740. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2023.e02740>
- Tamura, K. – Nei, M. (1993): Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol. Biol. Evol.*, 10. 512–526. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040023>
- Tan, M. – Armbruster, J. W. (2018): Phylogenetic classification of extant genera of fishes of the order Cypriniformes (Teleostei: Ostariophysii). *Zootaxa*, 4476. 6–39. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4476.1.4>
- Tian, F. – Liu, S. – Zhou, B. – Tang, Y. – Zhang, Y. – Zhang, C. – Zhao, K. (2022): Chromosome-level genome of Tibetan naked carp (*Gymnocypris przewalskii*) provides insights into Tibetan highland adaptation. *DNA Res.*, 29. 1–11. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsac025>
- Tóth, B. – Khosravi, R. – Ashrafzadeh, M. R. – Bagi, Z. – Fehér, M. – Bársony, P. – Kovács, Gy. – Kusza, S. (2020): Genetic diversity and structure of common carp (*Cyprinus carpio* L.) in the Centre of Carpathian Basin: Implications for conservation. *Genes*, 11. 1268. <https://doi.org/10.3390/genes11111268>
- Tóth, B. – Ashrafzadeh, M. R. – Khosravi, R. – Bagi, Z. – Fehér, M. – Bársony, P. – Kovács, Gy. – Kusza, S. (2022): Insights into mitochondrial DNA variation of common carp *Cyprinus carpio* strains in the Centre of Carpathian Basin. *Aquaculture*, 554. 738116. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2022.738116>

- Vasil'eva, E. D. – Vasil'ev, V. P. – Nemkova, G. A. – Shedko, S. V. (2022): Phylogenetic relationships and taxonomy of the carp fish of genus *Hemiculter* (Cyprinidae, Xenocypridinae): Species of the group *H. leucisculus*. J. Ichthyol., 62. 1–15. <https://doi.org/10.1134/S0032945222010131>
- Volff, J.-N. (2005): Genome evolution and biodiversity in teleost fish. Heredity, 94. 280–294. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800635>
- Wang, X. – Gan, X. – Li, J. – Mayden, R. L. – He, S. (2012): Cyprinid phylogeny based on Bayesian and maximum likelihood analyses of partitioned data: Implications for Cyprinidae systematics. Sci. China Life Sci., 55. 761–773. <https://doi.org/10.1007/s11427-012-4366-z>
- Wang, Y. – Li, X. Y. – Xu, W. J. – Wang, K. – Wu, B. – Xu, M. – Chen, Y. – Miao, L. J. – Wang, Z. W. – Li, Zhi – Zhang, X. J. – Yin, Z. – Zhou, B. T. – Yang, Y. L. – Zhu, C. L. – Hu, M. L. – Zheng, J. M. – Feng, C. G. – Qiu, Q. – Tian, L. T. – Lu, M. – Peng, F. – Lu, W. J. – Tong, J. F. – Tong, J. G. – Fu, B. D. – Yu, P. – Ding, M. – Gan, R. H. – Zhang, Q. Q. – Jian, J. B. – Zhang, C. – He, W. M. – Yang, W. – Zhao, Z. C. – Zhang, Q. Q. – Gao, Q. – Xu, J. Y. – Bai, M. Z. – Zhang, Y. P. – Yang, H. M. – Fang, X. D. – Wang, W. – Zhou L. – Gui, J. F. (2022): Comparative genome anatomy reveals evolutionary insights into a unique amphitriploid fish. Nat. Ecol. Evol., 6. 1354–1366. <https://doi.org/10.1038/s41559-022-01813-z>
- Wen, Y. ling – Chai, J. – Ma, W. – Murphy, R. W. – He, S. – Chen, Z. – Zhang, Y. – Lu, X. (2020): Polyploidization, hybridization, and maternal and paternal lineages in Cyprinids (Teleostei: Cypriniformes). Res. Sq. [Preprint]. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-119099/v1>
- Xu, P. – Xu, J. – Liu, G. – Chen, L. – Zhou, Z. – Peng, W. – Jiang, Y. – Zhao, Z. – Jia, Z. – Sun, Y. – Wu, Y. – Chen, B. – Pu, F. – Feng, J. – Luo, J. – Chai, J. – Zhang, H. – Wang, H. – Dong, C. – Jiang W. – Sun, X. (2019): The allotetraploid origin and asymmetrical genome evolution of the common carp *Cyprinus carpio*. Nat. Commun., 10. 4625. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-12644-1>
- Yang, L. – Sado, T. – Vincent Hirt, M. – Pasco-Viel, E. – Arunachalam, M. – Li, J. – Wang, X. – Freyhof, J. – Saitoh, K. – Simons, A. M. – Miya, M. – He, S. – Mayden, R. L. (2015): Phylogeny and polyploidy: Resolving the classification of cyprinine fishes (Teleostei: Cypriniformes). Mol. Phylogenet. Evol., 85. 97–116. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2015.01.014>
- Zhou, L. – Gui, J. F. (2002): Karyotypic diversity in polyploid Gibel carp, *Carassius auratus gibelio* Bloch. Genetica, 115. 223–232. <https://doi.org/10.1023/A:1020102409270>
- Zhou, L. – Gui, J. (2017): Natural and artificial polyploids in aquaculture. Aquac. Fish., 2. 103–111. <https://doi.org/10.1016/j.aaf.2017.04.003>

8. Supplementary files

Supplementary files are available from the Authors and on the journal's website.

Arrived: May 2024

Authors' address: *Hegedűs, B.*

Centre of Agricultural Genomics and Biotechnology, Doctoral School of Animal Science, University of Debrecen

Szerzők címe:

Debreceni Egyetem, Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ;
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.

*Bagi, Z. – Kusza, Sz.**

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

*corresponding author, e-mail: kusza@agr.unideb.hu

A kókuszosolaj kiegészítés hatásai a brojlercsirkék termelési mutatóira és egészségére

Effects of coconut oil supplementation on the production performance and health of broiler chickens

HETÉNYI Nikoletta

ÖSSZEFOGLALÁS

Az összefoglaló célja a kókuszosolaj élettani hatásainak áttekintése és gyakorlati alkalmazási lehetőségeinek bemutatása a brojlercsirkék takarmányozásában. A kókuszosolaj zsírsavösszetételében dominálnak a közepes szénláncú zsírsavak (MCFA = medium-chain fatty acid), mint a kapronsav (C6), kaprilsav (C8), kaprinsav (C10) és laurinsav (C12). A kókuszosolajat nagyjából 60%-ban alkotó MCFA-k közös jellemzője az erős antimikrobiális tulajdonság. Hatékonyak lehetnek számos humán- és baromfi egészségügyi szempontból jelentős baktérium (pl.: *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*, *Listeria monocytogenes*), valamint vírus, gomba és parazita ellen is. A kókuszosolaj használatával érvényesülhet az MCFA-szinergista hatása, ami erősítheti az antimikrobiális tulajdonságot. A kókuszosolaj kedvezően befolyásolhatja a bélmikrobiom összetételét, pl.: fokozza a tejsavtermelő baktériumok számát. Alkalmazása ellensúlyozhatja a hőstressz következményeként megfigyelhető termelésnövekedést, a vakcinázás hatékonyságát, valamint a fertőzött madarak ellenállóképességét. A kókuszosolaj kiegészítés javíthatja a brojlercsirkék súlygyarapodását, takarmányértékesítését és egészségi állapotát, de az optimális alkalmazási mennyiség megállapítása még további vizsgálatokat igényel.

Kulcsszavak: antimikrobiális, brojler, zsírsav, mikrobiom, takarmányértékesítés

SUMMARY

Objective. Coconut oil mainly comprises medium-chain fatty acids (MCFA), having 6-12 carbon atoms, such as caproic acid, caprylic acid, capric acid, and lauric acid. Palm- and palm kernel oil, and fat of the black soldier fly larvae (*Hermetia illucens*) are also rich in these fatty acids. MCFAs are esterified to a glycerol backbone forming the medium-chain-triglycerides (MCT). This review aims to give an overview of the effects of coconut oil supplementation on the growth performance and health of broiler chickens.

Results. MCFAs display antibacterial activity against important zoonotic pathogens e.g.: *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis*, *Clostridium perfringens*, *Campylobacter jejuni*, *Listeria monocytogenes*, however, the *in vivo* results are not as promising as the *in vitro* experiment. This might be explained by the different sampling times. Besides that, MCFAs are absorbed rapidly from the small intestine thus, they do not reach the large intestine. The synergetic effects of different MCFAs in coconut oil may improve its antimicrobial effect. The coconut oil supplementation may also be effective against fungi (e.g.: *Candida albicans*), parasites (e.g.: *Eimeria* sp.), and viruses (e.g.: avian influenza virus). However, MCFAs are not effective against enveloped viruses. Coconut oil can enhance the effects of vaccination against the avian influenza virus and resilience in case of artificial infection. It may also improve the performance of heat-stressed-broiler chickens. Coconut oil impacts the gut microbiota by decreasing the count of pathogenic and/or facultative pathogenic bacteria and increasing the occurrence of *Lactobacillus* spp. MCFAs also have a positive and significant impact on the morphology of the small intestine. The increased villus height/crypt depth ratio enhances nutrient absorption while the increased number of goblet cells and mucin production strengthens the gut barrier function. Bile is not needed for the hydrolysis of the MCFAs, thus they are directly transported via the hepatic portal vein to the liver. These fatty acids can enter the mitochondria without L-carnitine, accordingly, they are quickly metabolized in the body as an immediate energy source. MCFAs also have an anti-inflammatory effect.

Conclusions. Studies on poultry showed that coconut oil supplementation might improve weight gain, feed conversion ratio, gut microbiota, and gut morphology. However, the optimal inclusion level for the physiological effect requires further research.

Keywords: antimicrobial, broiler, fatty acid, microbiome, feed conversion ratio

1. Bevezetés

A 6-12 szénatommal rendelkező közepes szénláncú zsírsavak (medium-chain fatty acid [MCFA]), - elsősorban a kapronsav (C6:0), a kaprilsav (C8:0), a kaprinsav (C10:0) és a laurinsav (C12:0) - antibakteriális hatással rendelkeznek, sőt akár a vírusok, gombák és paraziták elleni védekezésben is felhasználhatók (Nitbani és mtsai, 2016; Ripon és mtsai, 2019; Borrelli és mtsai, 2021; Casillas-Vargas és mtsai, 2021; Tejaswi és mtsai, 2021; Szabó és mtsai, 2023). Forrásuk többek között a kókuszolaj, a pálmamag olaj és a fekete katonalégy lárvából (*Hermetia illucens*) kivont zsiradék (1. táblázat). A MCFA-k glicerinnel alkotott észterei a közepes szénláncú trigliceridek (medium-chain triglycerides, MCT). Az összefoglaló célja, hogy ismertesse a kókuszolaj kiegészítés hatását a brojlercsirkék termelési mutatóira és egészségügyi állapotára.

1. táblázat

A kókuszolaj zsírsavösszetétele

Zsírsav (1)	Kókuszolaj (2)	Szűz kókuszolaj (3)
Kapronsav (C6:0)	4 g/kg	5-10 g/kg
Kaprilsav (C8:0)	65 g/kg	50-100 g/kg
Kaprinsav (C10:0)	56 g/kg	40-80 g/kg
Laurinsav (C12:0)	485 g/kg	420-520 g/kg
Mirisztinsav (C14:0)	181 g/kg	160-210 g/kg
Palmitinsav (C16:0)	95 g/kg	70-100 g/kg
Sztearinsav (C18:0)	39 g/kg	20-40 g/kg
Arachidonsav (C20:0)	–	–
Palmitoleinsav (C16:1)	–	nyomokban
Olajsav (C18:1)	61 g/kg	50-80 g/kg
Linolsav (C18:2)	15 g/kg	10-30 g/kg
Linolénsav (C18:3)	–	≤ 2 g/kg

Forrás (4): Nitbani és mtsai (2016), Hafeez és mtsai (2020)

Table 1: Fatty acid composition of coconut oil

fatty acid (1); coconut oil (2); virgin coconut oil (3); source (4)

2. A termelési mutatókra gyakorolt hatás

Irodalmi adatok alapján a kókuszolajat alkotó MCFA kiegészítés kedvezően hathat a termelési mutatókra. A MCFA-ok 2,5-60 g/kg-os bekeverési arányban a kontrollhoz képest jobb súlygyarapodást, vágósúlyt, illetve takarmányértékesítés eredményezhetnek. Ezen túlmenően javulhat a takarmány emészthetősége,

valamint csökkenhet az izomzat és a test zsírtartalma is (2. táblázat). A 2 g/kg mennyiségben adagolt MCFA keverék hatására csökkent a mortalitás és a talpfekély előfordulása, illetve súlyossága, valamint javultak a termelési mutatók (Khosravinia, 2015).

Ugyanakkor még azonos típusú és mennyiségű zsírsav alkalmazásakor sem minden kísérletben sikerült javítani a súlygyarapodást vagy a takarmányértékesítést (Zimborán és mtsai, 2021). Józsefiak és mtsai (2014) 1-14 napos kor között 24 g/kg majd 14-42 napos kor között 43 g/kg kókuszolaj kiegészítés alkalmazásakor a kukorica-, szója- és pálmamag olaj csoportokkal megegyező eredményeket kaptak. Kanakri és mtsai (2018) a 40 g/kg-ban etetett kókuszolajat, lenmag olajat vagy kukorica olajat és nem tapasztaltak eltérést a súlygyarapodásban.

2. táblázat

A kókuszolaj kiegészítés hatása a brojlercsirkék takarmányfelvételére és takarmányértékesítésére (1-42. nap)

Kókuszolaj a takarmányban (1)	Takarmányfelvétel (g/nap) (2)	Súlygyarapodás (g/nap) (3)	Takarmányértékesítés (kg/kg) (4)
15 g/kg	91,1	57,0	1,6
15 g/kg	73,8	48,5	1,5
24 g/kg (1-14. nap) és 43 g/kg (14-42. nap) (5)	98,9	59,4	1,7

Forrás (6): Wang és mtsai (2015); Attia és mtsai (2020), Józsefiak és mtsai (2014)

Table 2: Effects of coconut oil supplementation on the feed intake and feed conversion ratio of broiler chickens (day 1-42)

coconut oil in the feed (1); feed intake (g/day) (2); body weight gain (3), feed conversion ratio (4); 24 g/kg (1-14 day) and 43 g/kg (14-42 day); source (6)

Elewa és mtsai (2023) megállapították, hogy az 1-1,5 g/kg kókuszolaj kiegészítés szignifikánsan növelte a brojlercsirkék súlygyarapodását és takarmányértékesítését. Egy másik vizsgálatban a kókuszolaj 10 g/kg mennyiségben azonos eredményeket mutatott a citrommag olaj és az avokádó olaj kiegészítéshez, valamint a kontrollhoz képest (Oyebanji és mtsai, 2020). Seifi és mtsai (2020) által végzett kísérletben a 49 g/kg-os kókuszolaj kiegészítés 24°C-os környezeti hőmérséklet esetében nem, de hőstressz (36°C) esetén szignifikánsan javította a brojlercsirkék súlygyarapodását és takarmányértékesítését (3. táblázat). Ennek hátterében - a hosszú szénláncú zsírsavakhoz képest - a MCFA-k gyorsabb oxidációja és energiaforrásként való felhasználhatósága állhat. Az is lehetséges, hogy az olajkiegészítés hatására módosuló sejtmembrán az elektrontranszportláncban egyes enzimeinek megváltozott aktivitásához vezet.

Dauksiene és mtsai (2021) kísérletében a MCFA keverék (2 g/kg) hatására több illózsírsav képződött a vakbélben, mint a kontroll- és a szerves savakat tartalmazó csoportok esetében. Az illózsírsavak energiaforrásként szolgálnak a bélflóra hasznos baktériumai és a bélhámsejtek számára, így hozzájárulnak az emésztőrendszer egészségének megőrzéséhez.

A takarmány zsírsavösszetétele befolyásolja a hús zsírsavösszetételét. A hús pH-értékére kifejtett hatás kimutatható, de nem minden vizsgálat szerint

szignifikáns (Ogunwole és mtsai, 2016; Szabó és mtsai, 2023). A kókuszolaj kiegészítés jellemzően nagyobb sütési veszteséggel jár és sötétebb színt eredményez, mint a pálmaolaj (Kanakri és mtsai, 2018; Szabó és mtsai, 2023). Kanaki és mtsai (2018) 40 g/kg-ban alkalmaztak kókusz-, lenmag- vagy kukorica olajat. A kókuszolaj hatására szignifikánsan nőtt a mellizom és a combizom telített zsírsav tartalma. Összességében elmondható, hogy a kókuszolajnak nincs szignifikáns hatása a hús állagára, ízére, illetve annak élvezeti értékére (Dauksiene és mtsai, 2021).

3. táblázat

Különböző növényi olajok hatása a brojlercsirkék termelési mutatóira (32-42. nap között)

Hőmérséklet (1)	Olaj 49 g/kg-os kiegészítés (2)	Záró testsúly (g) (3)	Súlygyarapodás (g) (4)	Takarmányfelvétel (g) (5)	Takarmányértékesítés (kg/kg) (6)
24°C	olívaolaj (8)	2865,9 ^a	1281,0 ^a	2309,0 ^a	1,8
	szójaolaj (9)	2881,4 ^a	1204,5 ^a	2202,5 ^{ab}	1,8
	kókuszolaj (10)	2930,6 ^a	1278,5 ^a	2366,6 ^a	1,6
36°C	olívaolaj	1910,0 ^c	402,14 ^c	1687,0 ^c	4,4
	szójaolaj	1940,0 ^c	369,17 ^c	1420,0 ^d	3,87 ^{ab}
	kókuszolaj	2137,9 ^{bc}	605,71 ^b	1947,0 ^{bc}	3,2
SEM		68,62	37,076	64,398	0,2
p érték (7)	hőmérséklet	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001
	olaj (11)	0,1812	0,0023	0,0001	0,007
	hőmérséklet x olaj	0,0051	0,0020	0,0104	0,003

Forrás (12): Seifi és mtsai (2020); az oszlopon belül különböző betűkkel jelzett adatok között szignifikáns a különbség (p<0,05) (13)

Table 3: Effects of different fat sources on the performance of broiler chickens (between days 32-42) temperature (1); fat source (2); final body weight (3); weight gain (4); feed intake (5); feed conversion ratio (6); p-value (7); olive oil (8); soybean oil (9); coconut oil (10); oil (11); source (12); within columns, means with different superscripts are statistically different (p>0.05) (13)

3. Antimikrobiális hatás

A MCFA-k antimikrobiális hatásához jelentős mértékben hozzájárul, hogy hidrofíli és lipofíli tulajdonsággal is rendelkeznek. Nem disszociált formában áthaladnak a sejtfalon, növelik a sejtmembrán permeabilitását és a sejten belüli pH csökkentésével gátolják a citoplazmaenzimek működését, ami a sejt pusztulásához vezet (Nitbani és mtsai, 2016; Szabó és mtsai, 2023). Akadályozhatják egyes virulenciáért felelős gének kifejeződését és a vírusfehérjék kötődését a gazdasejtekhez, de a nem burkos vírusok ellen hatástalanok (Kollanoor-Johny és mtsai, 2012; Nitbani és mtsai, 2016; Jackman és mtsai, 2020; Jadhav és Annapure, 2023; Szabó és mtsai, 2023). A kókuszolaj használatával, mivel többféle MCFA-t tartalmaz, érvényesülhet ezen zsírsavak szinergista hatása, ami erősítheti az antimikrobiális tulajdonságot. Megfigyelhető, hogy az *in vitro* vizsgálatok hatékonyságát nem

mindig igazolják az *in vivo* kísérletek. A 4. táblázat ismerteti a kókuszolaj *in vitro* antibakteriális hatását.

Példaként említhető, hogy *in vitro* a kókuszolaj kifejezetten hatékonynak bizonyult a *Listeria monocytogenes* ellen, amely súlyos kimenetelű humán fertőzéseket okozhat. *Clostridium perfringens* esetében az *in vitro* vizsgálatok biztatóak (pl.: C8-12 különböző kombinációja 0,3-10,0 g/kg) és a laurinsav hatékonyabbnak tűnik, mint a kapril vagy a kaprinsav de az *in vivo* kísérletek nem minden esetben bizonyították egyértelműen az erős antibakteriális hatást (Józefiak és mtsai, 2014; Benzertiha és mtsai, 2020; Szabó és mtsai, 2023). Hasonlóan ellentmondásosak az *E. coli*-val kapcsolatos eredmények is, ami háttérben az is állhat, hogy a különböző kísérletekben eltérő időpontokban vették a mintákat és különböző mennyiségben adagolták a MCFA/MCT kiegészítőket (Józefiak és mtsai, 2014; Kim és Rhee, 2016; Hovorková és mtsai, 2018; Skřivan és mtsai, 2018; Jadhav és mtsai, 2021) (5. táblázat). Példaként említhető, hogy Ripon és mtsai (2021) a kókuszolaj és pálmaolaj keverékének (2-10 g/kg) etetésekora a 21. napon még nem, de a 42-en már szignifikánsan kisebb *E. coli* számot mértek, mint a kontrollcsoportban. Ezen túlmenően a nem védett formában adagolt MCFA-k gyorsan felszívódnak a vékonybélből és a vastagbélben már nem feltétlenül érnek el hatást.

4. táblázat

A kókuszolaj antimikrobiális hatására vonatkozó *in vitro* vizsgálati eredmények

Baktérium (1)	Gátlási zóna (mm) (2)		Minimális gátló koncentráció (g/kg) (3)	
	Kontroll	Kókuszolaj	Kontroll	Kókuszolaj
<i>Staphylococcus aureus</i>	20 ± 0,44 ^a	14 ± 0,55 ^b	0,2 ^a	8,43 ^d
<i>Bacillus cereus</i>	20 ± 0,28 ^a	13 ± 2,6 ^c	0,2 ^a	6,32 ^b
<i>Escherichia coli</i>	20 ± 0,31 ^a	10 ± 0,95 ^c	0,2 ^a	3,15 ^b

Forrás (4): Selvarajan és mtsai (2023); kontroll = klóramfenikol (5); a különböző betűvel jelzett adatok között szignifikáns a különbség ($p < 0,05$) (6)

Table 4: *In vitro* antimicrobial effects of coconut oil

bacteria (1); zone of inhibition (2); minimum inhibitory concentration (3); source (4); control = chloramphenicol (5); treatments with different letters are statistically different ($p < 0.05$) (6)

Zimborán és mtsai (2022) az alomanyag koliformok és a *Clostridium perfringens* számának mérése alapján vizsgálták az 50 g/kg-os kókuszolaj antibakteriális hatását. A *Clostridium perfringens* jelenléte az alomanyagban csökkent, míg a kólifformok esetében nem igazolódott az antibakteriális hatás. *In vitro* vizsgálatokban a MCFA-k hatékonyak lehetnek a növényi patogén gombák (pl.: *Fusarium* spp.) és a *Candida albicans* ellen is (Tejaswi és mtsai, 2021; Guimarães és Venâncio, 2022). Ezzel szemben Lee és mtsai (2015) a 0,5-1-2 g/kg-ban etetett szerves savakkal (170 g/kg fumársav, 130 g/kg citomsav, 100 g/kg almasav) mikrokapszulázott MCFA keveréket (12 g/kg) hatékonyak találták az *E. coli* ellen tojótúrók esetében. Itt azonban felmerül a kérdés, hogy ebben az egyes összetevők milyen arányban játszottak szerepet.

A kókuszolaj és egyéb MCT/MCFA források fokozzák a tejsavtermelő baktériumok jelenlétét (Lee és mtsai, 2015; Wallace, 2019; Joshi és mtsai, 2020; Oyebanji

A közepes szénláncú zsírsavak *in vivo* antibakteriális hatása

Baktérium (1)	Szignifikáns hatást elérő kiegészítők (2)
<i>Campylobacter jejuni</i> †	3,4 g/kg C8; 2,5-2,5 g/kg C8+C10; 2,5-2,5 g/kg C10+C12; 10 g/kg MCFA (560 g/kg C10+300 g/kg C8+100 g/kg C12)
<i>Salmonella typhimurium</i> *	3 g/kg kereskedelmi MCFA keverék
<i>Salmonella enteritidis</i> *	3 g/kg C6; 0,8 és 1,2 g/kg MCFA keverék; 7 és 10 g/kg C8
<i>E. coli</i> *	0,5-1-2 g/kg mikrokapszulázott MCFA + szerves sav

Forrás (3): *Solis de Los Santos és mtsai* (2008)[†], *Skřivan és mtsai.*, (2018)[†], van Gerwe és mtsai (2010)[†], *Evans és mtsai* (2017)*, *Deschepper és mtsai* (2003) *, *Van Immerseel és mtsai* (2004) *, *Kollanoor-Johny és mtsai* (2012) *, *Ripon és mtsai* (2021)*, *Çenesiz és Çiftci* (2020)[†]*, *Jadhav és mtsai* (2021)*, C6 = kapronsav (4); C8 = kaprilsav (5); C10 = kaprinsav (6); C12 = laurinsav (7); MCFA = közepes szénláncú zsírsav (7)

Table 5: *In vivo* antibacterial activity of medium-chain fatty acids

bacteria (1); supplement with significant effect (2); source (3); C6 = caproic acid (4); C8 = caprylic acid (5); C10 = capric acid (6); C12 = lauric acid (7); MCFA = medium chain fatty acid (8)

és mtsai, 2020; *Dauksiene és mtsai*, 2021; *Huang és mtsai*, 2021; *Roopashree és mtsai*, 2021). *Oyebanji és mtsai* (2020) kísérletében a kókuszolaj (4 g/kg) tartalmú takarmány szignifikánsan növelte a vakbélben a *Lactobacillus* számot. A 49 g/kg-os kókuszolaj kiegészítés ellensúlyozhatja a hőstressz következményeként megfigyelhető termelés-csökkenést (*Seifi és mtsai*, 2020).

4. Egyéb élettani hatások

A kókuszolajat alkotó MCFA-k gyulladáscsökkentő hatásúak. Az immunrendszer működésére kifejtett hatásukat is számos humán- és állatkísérlet vizsgálta (*Joshi és mtsai*, 2020). A 10 g/kg mennyiségben adagolt szűz kókuszolaj kiegészítés a limfocita és a T-helper (CD4) sejtek számának fokozásával növelte a madárinfluenza elleni vakcinázás hatékonyságát, valamint a madárinfluenza vírusával mesterségesen fertőzött madarak ellenálló képességét (*Yuniwanti és mtsai*, 2012, 2015). *Attia és mtsai* (2020) szintén megállapították a kókuszolaj (15 g/kg) hatására, vakcinázást követően a baromfipestis és a madárinfluenza elleni ellenanyagok szignifikáns emelkedését a hal-, repce-, illetve a három olaj keverékével szemben. A takarmánykiegészítőként is elérhető glicerín monolaurát a laurinsav glicerín észtere. *Amer és mtsai* (2021) kísérletében az 1, 3 vagy 5 g/kg-ban alkalmazva növelte a szérum IgM és IL-10 szintjét, de a súlygyarapodásra nem volt hatása. Ezzel szemben *Liu és mtsai* (2020) 0,3, 0,45 vagy 0,6 g/kg glicerín-monolaurát alkalmazásával javították a 28-56 napos brojlercsirkék súlygyarapodását, továbbá növekedett az izomszövet aminosav-tartalma és a bélflóra összetételére is kedvezően hatott. A szűz kókuszolaj 10 és 20 g/kg-ban alkalmazva az élettani tartományban tartja az *Eimeria tenella*-val fertőzött brojlercsirkék fehérvérsejt számát, ami a hatékonyabb immunválasz egyik jelének tekinthető (*Faradilla*, 2020).

Az egyik legfontosabb tulajdonságuk, amely által jelentősen javíthatják a termelési mutatókat az a vékonybél morfológiára és a bélflóra összetételére kifejtett hatás. A bélboholy hosszának növekedése és a sekélyebb kripták hatására javul a

táplálóanyagok felszívódása, a kehelysejtek számának fokozása pedig - az emelkedő mucintermelődés következtében - erősíti bélnyálkahártya barrierfunkcióját (Hafeez és mtsai, 2020; Liu és mtsai, 2023). Hafeez és mtsai (2020) 20 g/kg kókuszolaj adagolásával javítani tudták a kokcidiózis csirkék vékonybelében a bélbolyhok állapotát. Sadurni és mtsai (2022) szintén hatékonynak találták az MCFA kiegészítést a kokcidiózis csirkék esetében.

A MCFA-k elsősorban a vázizom- és a májsejtekben növelik a sejtek inzulinérzékenységet és csökkentik az oxidatív stresszt, ezáltal kedvezően befolyásolják a cukoranyagcserét (Huang és mtsai, 2021; Roopashree és mtsai, 2021). A MCT-k elfogyasztásuk után rövid időn belül energiaforrásként felhasználhatók a szervezet számára, mivel emulzifikálásukhoz nem szükséges epesav és a nagyobb fokú vízdoldhatóságuk következtében gyorsan hidrolizálódnak (Huang és mtsai, 2021). A portális vénán át a májba jutnak és L-karnitin jelenléte nélkül kerülnek a mitokondriumokba. A MCFA-k metabolitjai, a ketontestek - a lipolízis gátlásával - csökkentik a vérkeringésben lévő zsírsavak és trigliceridek mennyiségét, ezáltal szerepet játszanak a zsíryanagcserében is. Ezen túlmenően a MCFA-k jelátvivő molekulaként részt vesznek a különböző sejtfolyamatokat szabályozásában is (Huang és mtsai, 2021).

A 4 g/kg-ban adagolt kókuszolaj az avokádó- és a citromolaj kiegészítéshez képest növelte a vér összes fehérvérsejt számát, hematokrit-értékét, lymphocyta és vörösvérsejt számát, de a biokémiai paraméterekben nem volt eltérés (Oyebanji és mtsai, 2020). Az 15 g/kg kókuszolaj kiegészítés kedvezően hat a májenzimek (aszpartát aminotranszferáz, alanin aminotranszferáz, alkalikus foszfatáz) aktivitására a vérplazmában és csökkentheti a triglicerid- és VLDL-szintet. Nincs hatással a LDL és HDL értékekre, de az utóbbi állítással kapcsolatban vannak eltérések (Attia és mtsai, 2020; Jayawardena és mtsai, 2021). A kókuszolaj 1 és 1,5 g/kg mennyiségben fokozta az antioxidáns enzimek, mint a szuperoxid-dizmutáz és a glutation reduktáz szérumbeli aktivitását is (Elewa és mtsai, 2023). Demirci és mtsai (2023) kísérletében az azonos (4 g/kg) mennyiségben adagolt kókuszolaj, kaprinsav és laurinsav közül a kókuszolaj bizonyult a leghatékonyabb antioxidánsnak. Attia és mtsai (2020) szintén az 15 g/kg-ban alkalmazott kókuszolaj kiegészítés esetén mérték a legnagyobb antioxidáns kapacitást a repce-, hal-, illetve a három olaj keverékéhez képest.

5. Következtetések

Az ellentmondásos kísérleti eredmények nehezítik a kókuszolaj gyakorlati alkalmazását. Mivel a hagyományos növényi olajoknál drágább alapanyagról van szó, az adott célhoz minimálisan hatékony dózis meghatározás nélkülözhetetlen lenne, ehhez azonban további vizsgálatok szükségesek. Az idézett tanulmányok egy részében egy vagy több MCFA-ot tartalmazó takarmányt etettek, míg másokban MCFA-ban gazdag olajokat, mint a kókuszolaj, ami megnehezíti az eredmények összehasonlítását. Az utóbbi előnye lehet, hogy érvényesülhet a zsírsavak közötti szinergista hatás. Az eredmények alapján a kókuszolaj kiegészítés kedvezően befolyásolhatja a brojlercsirkék termelési eredményeit és egészségi állapotát.

6. Köszönetnyilvánítás

A tanulmányt az Állatorvostudományi Egyetem tudományos kutatási alapja támogatta (SRF-001 számú pályázat).

7. Felhasznált Irodalom

- Attia, Y. A. – Al-Harhi, M. A. – El-Maaty, H. M. A. (2020): The effects of different oil Sources on performance, digestive enzymes, carcass traits, biochemical, immunological, antioxidant, and morphometric responses of broiler chicks. *Front. Vet. Sci.*, 7. 181. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00181>
- Benzertiha, A. – Kierończyk, B. – Rawski, M. – Mikołajczak, Z. – Urbański, A. – Nogowski, L. – Józefiak, D. (2020): Insect fat in animal nutrition – A review. *Ann. Anim. Sci.*, 4. 1217–40. <https://doi.org/10.2478/aoas-2020-0076>
- Casillas-Vargas, G. – Ocasio-Malavé, C. – Medina, S. – Morales-Guzmán, C. – Del Valle, R. G. – Carballeira, N. M. – Sanabria-Ríos, D. J. (2021): Antibacterial fatty acids: An update of possible mechanisms of action and implications in the development of the next-generation of antibacterial agents. *Prog. Lipid. Res.*, 82. 101093. <https://doi.org/10.1016/j.plipres.2021.101093>
- Çenesiz, A. A. – Çiftçi, İ. (2020): Modulatory effects of medium chain fatty acids in poultry nutrition and health. *J. World's Poult. Sci.*, 76. 234–48. <https://doi.org/10.1080/00439339.2020.1739595>
- Dauksiene, A. – Ruzauskas, M. – Gruzauskas, R. – Zavistanaviciute, P. – Starkute, V. – Lele-Klupsaite, V. D. – Klementaviciute, J. – Bartkiene, E. (2021): A comparison study of the caecum microbial profiles, productivity and production quality of broiler chickens fed supplements based on medium chain fatty and organic acids. *Animals*, 11. 610. <https://doi.org/10.3390/ani11030610>
- Demirci, M. – Evcî, Ş. – Karslı, M. A. – Şenol, A. (2023). Effects of free capric acid, lauric acid, and coconut oil supplementation on performance, carcass, and some blood biochemical parameters of broiler chickens. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, 47. 138–45. <https://doi.org/10.55730/1300-0128.4278>
- Deschepper, K. – Lippens, M. – Huyghebaert, G. – Molly, K. (2003): The effect of aromabiotic and/or orgallid on technical performances and intestinal morphology of broilers. In 14th European Symposium on Poultry Nutrition, Lillehammer, Norway: 191–192.
- Elewa, M. S. – Abou-Kassem, D. E. – El-Hindawy, M. M. – Madkour, M. – Elsharkawy, M. S. – Affi M. – Alagawany, M. (2023) Effect of coconut oil on growth performance, carcass criteria, liver and kidney functions, antioxidants and Immunity, and lipid profile of broilers. *Sci. Rep.*, 13. 13974. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-41018-3>
- Evans, N. P. – Collins, D. A. – Pierson, F. W. – Mahsoub, H. M. – Sriranganathan, N. – Persia, M. E. – Karnezos, T. P. – Sims, M. D. – Dalloul, R. A. (2017): Investigation of medium chain fatty acid feed supplementation for reducing *Salmonella Typhimurium* colonization in Turkey poults. *Foodborne Pathog. Dis.*, 14. 531–536. <https://doi.org/10.1089/fpd.2016.2273>
- Faradilla, Z. S. – Yunnus, M. – Hermadi, H. A. (2020): The effect of dietary administration of virgin coconut oil on differential leukocytes in infected chicken with *Eimeria Tenella*. *J. World's Poult. Res.*, 10. 615–622. <https://doi.org/10.36380/jwpr.2020.70>
- Guimarães, A. – Venâncio, A. (2022): The potential of fatty acids and their derivatives as antifungal agents: A review. *Toxin*, 14. 188. <https://doi.org/10.3390/toxins14030188>
- Hafeez, A. – Ullah, Z. – Khan, R. U. – Ullah, Q. – Naz, S. (2020): Effect of diet supplemented with coconut essential oil on performance and villus histomorphology in broiler exposed to avian coccidiosis. *Trop. Anim. Health Prod.*, 52. 2499–2504. <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02279-6>
- Hovorková, P. – Laloučková, K. – Skřivanová, E. (2018): Determination of in vitro antibacterial activity of plant oils containing medium-chain fatty acids against Gram-positive pathogenic and gut commensal bacteria. *Czech J. Anim. Sci.*, 63. 119–125. <https://doi.org/10.17221/70/2017-CJAS>

- Huang, L. – Gao, L. – Chen, C. (2021): Role of medium-chain fatty acids in healthy metabolism: A clinical perspective. *Trends Endocrin. Met.*, 32. 351–66. <https://doi.org/10.1016/j.tem.2021.03.002>
- Jackman, J. A. – Hakobyan, A. – Zakaryan, H. – Elrod, C. C. (2020): Inhibition of African swine fever virus in liquid and feed by medium-chain fatty acids and glycerol monolaurate. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 11. 114. <https://doi.org/10.1186/s40104-020-00517-3>
- Jadhav, P. S. – Khose, M. K. – Wade, M. – Gole, M. – Langote, G. (2021): Effect of medium chain fatty acids as replacement to antibiotics in diets on growth performance and gut health in broiler chicken. *Indian J. Anim. Res.*, 55. 894–899. <https://doi.org/10.18805/IJAR.B-4188>
- Jadhav, H. B. – Annature, U. S. (2023): Triglycerides of medium-chain fatty acids: a concise review. *J Food Sci Technol.*, 60. 2143–2152. <https://doi.org/10.1007/s13197-022-05499-w>
- Joshi, S. – Kaushik, V. – Gode, V. – Mhaskar, S. (2020): Coconut oil and immunity: What do we really know about it so far? *J. Assoc. Physicians. India.*, 68. 67–72.
- Józefiak, D. – Kierończyk, B. – Rawski, M. – Hejdysz, M. – Rutkowski, A. – Engberg, R. M. – Højberg, O. (2014): *Clostridium perfringens* challenge and dietary fat type affect broiler chicken performance and fermentation in the gastrointestinal tract. *Animal*, 8. 912–922. <https://doi.org/10.1017/S1751731114000536>
- Kanakri, K. – Carragher, J. – Hughes, R. – Muhlhausler, B. – Gibson, R. (2018): The effect of different dietary fats on the fatty acid composition of several tissues in broiler chickens. *Eur. J. Lipid Sci. Technol.*, 120: 1700237. <https://doi.org/10.1002/ejlt.201700237>
- Khosravinia, H. (2015): Effect of dietary supplementation of medium-chain fatty acids on growth performance and prevalence of carcass defects in broiler chickens raised in different stocking densities. *J. Appl. Poult. Res.*, 24. 1–9. <https://doi.org/10.3382/japr/pfu001>
- Kim, S. A. – Rhee, M. S. (2016): Highly enhanced bactericidal effects of medium chain fatty acids (caprylic, capric, and lauric acid) combined with edible plant essential oils (carvacrol, eugenol, β -resorcylic acid, trans-cinnamaldehyde, thymol, and vanillin) against *Escherichia coli* O157:H7. *Food Control*, 60. 447–454. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.08.022>
- Kollanoor-Johny, A. – Mattson, T. – Baskaran, S. A. – Amalaradjou, M. A. – Hoagland, T. A. – Darre, M. J. – Khan, M. I. – Schreiber, D. T. – Donoghue, A. M. – Donoghue, D. J. – Venkitanarayanan, K. (2012): Caprylic acid reduces *Salmonella Enteritidis* populations in various segments of digestive tract and internal organs of 3- and 6-week-old broiler chickens, therapeutically. *Poult. Sci.*, 91. 1686–1694. <https://doi.org/10.3382/ps.2011-01716>
- Lee, S. I. – Kim, H. S. – Kim, I. (2015): Microencapsulated organic acid blend with MCFAs can be used as an alternative to antibiotics for laying hens. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, 39. 520–527. <https://doi.org/10.3906/vet-1505-36>
- Liu, X. – Chen, X. – Wang, H. – Yang, Q. – Rehman, U. K. – Li, W. – Cai, M. – Li, Q. – Mazza, L. – Zhang, J. – Yu, Z. – Zheng, L. (2017): Dynamic changes of nutrient composition throughout the entire life cycle of black soldier fly. *PLoS One*, 12. e0182601. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0182601>
- Liu, T. – Ruan, S. – Mo, Q. – Zhao, M. – Wang, J. – Ye, Z. – Chen, L. – Feng, F. (2023): Evaluation of dynamic effects of dietary medium-chain monoglycerides on performance, intestinal development and gut microbiota of broilers in large-scale production. *Anim. Nutr.*, 14. 269–280. <https://doi.org/10.1007/s00253-020-10919-y>
- Liu, T. – Tang, J. – Feng, F. (2020): Glycerol Monolaurate improves performance, intestinal development, and muscle amino acids in yellow-feathered broilers via manipulating gut microbiota. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 104. 10279–10291. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2023.05.003>
- Mancini, A. – Imperlini, E. – Nigro, E. – Montagnese, C. – Daniele, A. – Orrù, S. – Buono, P. (2015): Biological and nutritional properties of palm oil and palmitic acid: effects on health. *Molecules.*, 20. 17339–17361. <https://doi.org/10.3390/molecules200917339>
- Nitbani, F. O. – Siswanta, J. D. – Solikhah, E. N. (2016): Isolation and antibacterial activity test of lauric acid from crude coconut oil (*Cocos nucifera* L.). *Procedia Chem.*, 18. 132–140. <https://doi.org/10.1016/j.proche.2016.01.021>

- Ogunwole, O. A. – Abokede, T. V. – Olawale, B. O. (2016): Quality attributes of meat from broiler chickens fed diets containing three oil types and varying levels of calcium. *J. Agricult. Prod. Techn.*, 5. 18–29.
- Oyebanji, B. O. – Aderinoye, V. A. – Adeniyi, A. A. – Akinnadeju, O. L. (2020): Effects of coconut oil (*Cocos nucifera*), avocado oil (*Persea americana*), melon seed oil (*Citrullus colocynthis* L.) on growth performance, blood, biochemical, Haematological parameters, and total microbial loads of Noiler birds. *Folia Vet.*, 64. 27–36. <https://doi.org/10.2478/fv-2020-0034>
- Roopashree, P. G. – Shetty, S. S. – Kumari, N. S. (2021): Effect of medium chain fatty acid in human health and disease. *J. Funct. Foods*, 87. 104724. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2021.104724>
- Ripon, M. M. R. – Rashid, M. H. – Rahman, M. M. – Ferdous, M. F. – Arefin, M. S. – Sani, A. A. – Hossain, M. T. – Ahammad, M. U. – Rafiq, K. (2019): Dose-dependent response to phytobiotic supplementation in feed on growth, hematology, intestinal pH, and gut bacterial load in broiler chicken. *J. Adv. Vet. Anim. Res.*, 6. 253259. <https://doi.org/10.5455/javar.2019.f341>
- Sadurní, M. – Barroeta, A. C. – Sala, R. – Sol, C. – Puyalto, M. – Castillejos, L. (2022): Impact of dietary supplementation with sodium sutyrate protected by medium-chain fatty acid salts on gut health of broiler chickens. *Animals*, 12. 2496. <https://doi.org/10.3390/ani12192496>
- Seifi, K. – Rezaei, M. – Yansari, A. T. – Zamiri, M. J. – Riazi, G. H. – Heidari, R. (2020): Short chain fatty acids may improve hepatic mitochondrial energy efficiency in heat stressed-broilers. *J. Therm. Biol.*, 89. 102520. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2020.102520>
- Selvarajan, V. S. – Selvarajan, R. – Pandiyan, J. – Abia, A. L. K. (2023): Unveiling the potency and harnessing the antibacterial activities of plant oils against foodborne pathogens. *Microbiol. Res.*, 14. 1291–1300. <https://doi.org/10.3390/microbiolres14030087>
- Skřivan, M. – Marounek, M. – Englmaierová, M. – Čermák, L. – Vlčková, J. – Skřivanová, E. (2018): Effect of dietary fat type on intestinal digestibility of fatty acids, fatty acid profiles of breast meat and abdominal fat, and mRNA expression of lipid-related genes in broiler chickens. *PLoS One*, 13. e0196035. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196035>
- Solis de Los Santos, F. – Donoghue, A. M. – Venkitanarayanan, K. – Dirain, M. L. – Reyes-Herrera, I. – Blore, P. J. – Donoghue D. J. (2008): Caprylic acid supplemented in feed reduces enteric *Campylobacter jejuni* colonization in ten-day-old broiler chickens. *Poult. Sci.*, 87. 800–804. <https://doi.org/10.3382/ps.2007-00280>
- Szabó, R. T. – Kovács-Weber, M. – Zimborán, Á. – Kovács, L. – Erdélyi, M. (2023): Effects of short- and medium-chain fatty acids on production, meat quality and microbial attributes. A review. *Molecules*, 28. 4956. <https://doi.org/10.3390/molecules28134956>
- Tejaswi, A. S. – Nagaraja, A. – Ravikanth, M. – Raj, K. N. G. R. – Kalyan, Y. – Divya, D. (2021): Antifungal efficacy of lauric acid and caprylic acid - Derivatives of virgin coconut oil against *Candida Albicans*. *BBRJ*, 5. 229–234. https://doi.org/10.4103/bbrj.bbrj_65_21
- van Gerwe, T. – Bouma, A. – Klinkenberg, D. – Wagenaar, J. A. – Jacobs-Reitsma, W. F. – Stegeman, A. (2010): Medium chain fatty acid feed supplementation reduces the probability of *Campylobacter jejuni* colonization in broilers. *Vet. Microbiol.*, 143. 314–8. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.11.029>
- Van Immerseel, F. – De Buck, J. – Boyen, F. – Bohez, L. – Pasmans, F. – Volf, J. – Sevcik, M. – Rychlik, I. – Haesebrouck, F. – Ducatelle, R. (2004): Medium-chain fatty acids decrease colonization and invasion through hiiA suppression shortly after infection of chickens with *Salmonella enterica* serovar *Enteritidis*. *Appl. Environ. Microbiol.*, 70. 3582–3587. <https://doi.org/10.1128/aem.70.6.3582-3587.2004>
- Wallace, T. C. (2019): Health effects of coconut oil - A narrative review of current evidence. *J. Am. Coll. Nutr.*, 38. 97–107. <https://doi.org/10.1080/07315724.2018.1497562>
- Wang, J. – Wang, X. – Li, J. – Chen, Y. – Yang, W. – Zhang, L. (2015): Effects of Dietary Coconut Oil as a Medium-chain Fatty Acid Source on Performance, Carcass Composition and Serum Lipids in Male Broilers. *Asian-Australas J. Anim. Sci.*, 28. 223–30. <https://doi.org/10.5713/ajas.14.0328>

- Yuniwarti, E. Y. W. – Asmara, W. – Artama, W. T. – Tabbu, C. R. (2012): The effect of virgin coconut oil on lymphocyte and CD4 in chicken vaccinated against avian Influenza virus. *J. Indones. Trop. Anim. Agric.*, 37. 64–69. <https://doi.org/10.3923/ajpsaj.2015.106.111>
- Yuniwarti, E. Y. W. – Asmara, W. – Artama, W. T. – Tabbu, C. R. (2015): Virgin coconut oil supplementation increased the survival of avian influenza virus (H5N1) infected chicken. *Asian J. Poult. Sci.*, 9. 106–111. <https://doi.org/10.3923/ajpsaj.2015.106.111>
- Zimborán, A. – Erdélyi, M. – Szabó, R. T. – Weber, M. (2022): Effects of medium chain fatty acid supplementation in broiler diet on microbiological quality of litter. *Braz. J. Poult. Sci.*, 24. eRBCA-2020-1369. <https://doi.org/10.1590/1806-9061-2020-1441>
- Zimborán, A. – Weber, M. – Szabó, S. – Szabó, R.T. – Drobnyák, Á. – Erdélyi M. (2021): Effect of different oils supplementation on broiler chicken performance. *Anim. Nutr. Feed Tech.*, 21. 205–211. <https://doi.org/10.5958/0974-181X.2021.00017.2>

Érkezett: 2024. április

Szerzők címe: Hetényi, N.*
Állatorvostudományi Egyetem, Állattenyésztési, Takarmányozástani
és Laborállat-tudományi Intézet, Takarmányozástani és Klinikai Dietetikai Tanszék

Authors' address: University of Veterinary Medicine Budapest, Institute for Animal Breeding,
Nutrition and Laboratory Animal Science, Department of Animal Nutrition
and Clinical Dietetics
H-1078 Budapest, István u. 2.
*levelező szerző, e-mail: hetenyi.nikoletta@univet.hu

A modern holstein-fríz tehén tenyésztésének és tartásának néhány fenntarthatósági szempontja (Irodalmi áttekintés)

Some sustainability aspects for the breeding and management of modern Holstein cow (Literature review)

BOGNÁR László – KÖRÖSI Zsolt Jenő – BENE Szabolcs – SZABÓ Ferenc

ÖSSZEFOGLALÁS

A dolgozat a „modern” holstein-fríz tehének tenyésztését és tartását tárgyalja a fenntarthatóság és rugalmasság szemszögéből vizsgálva. A tejtermelés növelése globális követelmény, de egyre inkább elvárás az ágazat fejlesztése és a környezetre gyakorolt hatása közötti egyensúly megteremtése is. A genomikai módszerek és a célzott tenyésztési stratégiák integrálása a tejtermelésben jelentősen javíthatják az ágazat hatékonyságát és fenntarthatóságát. A genomikai szelekció, amely DNS-markereket és nukleotid polimorfizmus (SNP) információkat használ az egyed genetikai értékének előre jelzésére, lehetővé teszi a tenyésztők számára bizonyos fenntarthatósággal kapcsolatos tulajdonságokra, mint például a betegség ellenálló-képességre, a hosszú hasznos élettartamra, a termékenységre, a takarmányértékesítő képességre irányuló szelekciót. Mindez nemcsak a termelés növekedését eredményezi, hanem egyben csökkenti a környezeti terhelést is. A célzott tenyésztési stratégiák alkalmazása egyik fontos eszköze lehet az ágazat hosszú távú fenntarthatóságának. A genomikai szelekcióra alapozott „modern holstein tehén” tenyésztési stratégia javíthatja az állatok ellenálló képességét, az állatjólét helyzetét, csökkentheti a környezeti terhelést, mindemellett biztosíthatja a tejtermelő üzemek hosszú távú gazdaságos működését úgy, hogy a tejipar igényei is megvalósuljanak. Fontos továbbá, hogy az alkalmazott tartástechnológiában a korszerű takarmányozási módszerek, az állatjóléti, állatvédelmi, a trágya- és hulladékkezelési, az energia- és víztakarékos megoldások kerüljenek alkalmazásra. A tehenészetek üzemeltetéséhez továbbá a naprakész tenyésztési és technológiai információk is elengedhetetlenek.

Kulcsszavak: genomszelekció, technológia, környezethatás

SUMMARY

As global demand for dairy products continues to grow, it is increasingly important to balance the development of the dairy industry with environmental protection. Integrating genomics and targeted breeding strategies in dairy production can significantly improve sustainability and efficiency. Genomic selection uses deoxyribonucleic acid (DNA) markers and single nucleotide polymorphism (SNP) information to predict the genetic value of an animal, allowing breeders to select beneficial traits such as disease resistance, longevity, fertility, and feed efficiency. This not only increases productivity but also reduces environmental burden. Tailored breeding strategies can improve herd health and productivity and ultimately reduce the environmental footprint per unit of milk. Managing “modern” Holstein cows with a focus on sustainability and resilience means implementing practices that promote animal welfare, minimise environmental impacts, and ensure the long-term viability of the dairy farm. In the context of modern Holstein cows, the term modern refers to Holstein cows that have been selectively bred and managed using contemporary agricultural practices and scientific advancements. These practices include the application of genomics, precision breeding programs, advanced dairy cattle health care techniques, and updated herd management practices. Modern Holstein cows have been adapted and bred to meet the demands of today’s dairy industry, considering factors like economic milk production, disease resistance, and environmental sustainability. The outcome of integrating genomics-targeted breeding and feeding strategies in Holstein cow management aims to enhance sustainability, productivity, and animal welfare, which would result in a more efficient and environmentally responsible dairy industry.

Keywords: genomic selection, management, environmental effect

1. Bevezetés

A holstein-fríz tejhasznosítású szarvasmarha meghatározó és domináns fajta a világon és hazánkban, a populáció méretét, a termelés színvonalát és a globális tejpiacon betöltött szerepét tekintve egyaránt. A holstein-fríz használatát a kiemelkedő színvonalú tejtermelésének előnyei mellett számos szakértő és nem elsősorban szakértő kritizálja a szektor üvegházhatású gázkibocsátásával és a globális felmelegedéshez való jelentős hozzájárulásával kapcsolatban (*Naranjo és mtsai, 2020.*) Számos tudományos munka mutat rá arra, hogy a klímaváltozás és a globális felmelegedés tekintetében a fenntarthatóság nézőpontjából jelentős változások várhatók (*Peterson és Mitloehner, 2021*). Néhány tanulmány arról számol be, hogy az állati termék előállítás, amely magában foglalja a szállítást, a feldolgozást és a fogyasztást is, relatíve nagy befolyást gyakorol a klímaváltozás alakulására (*Milani és mtsai, 2011*). Az Európai Környezetvédelmi Ügynökség (EEA) szerint az EU-27 tagországok üvegházhatású gázkibocsátásának mértéke 2021-ben 378,430 kt CO₂ egyenérték volt, ez 11%-a a teljes kibocsátásnak. Az állattenyésztés részesedése ebből 245,448 kt CO₂ egyenérték (64,85%) amelyből a szarvasmarhák emésztéséből eredő fermentációja 155,937 kt CO₂ egyenérték (63,53 %) és a trágyakezelésből eredő 28,613 kt egyenérték (11,65%). Magyarországon a mezőgazdaság 12,55%-kal járul hozzá a teljes ÜHG kibocsátáshoz, ami 7,202 kt CO₂ egyenérték. Ezen belül az állattenyésztés részesedése 3,506 kt CO₂ egyenérték (42,43%) amiből a szarvasmarhák fermentációjából fakadó kibocsátás 1,966 kt CO₂ egyenérték (56,07%), a trágyakezelésből és egyéb eredetű 591 kt CO₂ egyenérték (16,85%). Átfogó kutatási és gyakorlati tapasztalatok azt mutatják, hogy a fajta tejtermelésének előmozdítása a fenntarthatóság szempontjából döntő szerepet játszhat a klímaváltozás mérséklésében. Ezért nélkülözhetetlen fókuszálni a holstein tehének tartására, biztosítani a magas színvonalú termelést, a jövőbeni fenntarthatóság érdekében. Bár számos kiadvány foglalkozik az intenzív tejtermelés fenntarthatóságával, a többség elsősorban az éghajlatváltozásra gyakorolt hatására összpontosít. Kétségtelenül fontos ez a hatás, azonban a fenntarthatóság számos egyéb tényezőt is felölel, közülük néhányuk akár korlátozó is lehet. Emiatt a feladat céltudatos megközelítésre van szükség, amely egyszerre több tényezőt vesz figyelembe. A fenntarthatóság érdekében a genetikai, a genomikai szelekció, a szakszerű takarmányozás, a takarmánykezelés, az állategészségügy, az állatjólét, a trágyakezelés, a hulladékkezelés, az energiahatékonyság, a víztakarékosság és a tudásmegosztás szintén kiemelt fontosságú.

2. Genetikai szelekció

Hosszú ideig a holstein fajta genetikai szelekciójának célja a tejhozam, a tejszír- és fehérjetartalom növelése volt. Azonban bizonyos tulajdonságok közötti kedvezőtlen genetikai kapcsolatok miatt, mint pl. a tejmennyiség és a termékenység, vagy az állatjólét, nem fordítódott kellő figyelem néhány fontos tulajdonságra. Emiatt felmerült a hatékonyabb tenyésztési stratégiák kidolgozása a tejhasznosítású szarvasmarha-ágazat hosszú távú fenntarthatóságának növelése érdekében (*Cole és VanRaden, 2018*). Később a termelési célkitűzéseket kiegészítették a küllemi és funkcionális tulajdonságokkal, mint a hosszú hasznos élettartam, vagy

a könnyű ellés (*Brito és mtsai, 2021*). Az intenzív tenyésztés mellett jelentős egyéb fejlesztésekre, technológiai áttörésekre is sor került, melyben a hagyományos genetikai szelekció jelentős szerepet játszott az elmúlt évtizedekben (*Miglior és mtsai, 2017*).

Annak ellenére, hogy a tejágazat nagy hangsúlyt fektet az élelmiszerbiztonság megteremtésére és fejlesztésére, a jobb termelékenység aggodalmakat támaszt más fenntarthatósági dimenziókkal kapcsolatban (*Clay és mtsai, 2020*). Ez a helyzet új tenyésztési stratégiát igényel, amely a termelékenység mellett olyan funkcionális tulajdonságokat és szempontokat is figyelembe vesz, mint az alkalmazkodóképesség, az állatjólét és az ellenálló-képesség. Bár jelentős előre lépések történtek a termelékenység terén, a tejágazat hosszú távú sikere a fenntartható tenyésztési célok és irányítási gyakorlatok elfogadásától függ, különösen agro-ökológiai szempontból (*Bito és mtsai, 2021*). A tejtermelő ágazat hosszú távú fenntarthatósága azon múlik, hogy kiegyensúlyozott tenyésztési célokat fejlesszenek ki, amelyek egyszerre javítják az állat egészségét és jóllétét, a termelékenységet, a környezeti hatást, az élelmiszer minőségét és biztonságát, miközben minimalizálják a genetikai változatosság veszteségét (*Cole és VanRaden, 2018*). A genetikai szelekció ma modern megoldásokon, DNS-analízisen és genomikai tenyészértékbecslésen alapul, amely lehetővé teszi számunkra, hogy a termelés, a tej összetétel (zsír, fehérje) és a funkcionális küllemi tulajdonságok mellett egyéb gyengén öröklődő tulajdonságok, mint az egészség- és jólléti tulajdonságok, hőtűrő-képesség, alkalmazkodó-képesség, és az üvegház hatású gázkibocsátással kapcsolatos tulajdonságok is figyelembe vételre kerüljenek a tenyész kiválasztás során. A fiatal állatokat már korán, röviddel születés után lehet genotipizálni, pl. szőrminták vételével és analizálásával, vagy akár még a születés előtt in vitro körülmények között embriómosással és embrio-sejtanyag biopszia eljárás alkalmazásával.

A minták DNS elemzésével, és az SNP információk felhasználásával lehet becsülni a genomikai tenyészértéket az említett tulajdonságokra. Az SNP információ megbízható eszközként szolgál a fiatal állatok jövőbeni teljesítményének előrejelzéséhez, ami segíti a tenyésztői döntések meghozatalát. A mínusz variáns nőivarú egyedeket hústípusú bikákkal lehet termékenyíteni a „*Beef on Dairy*” program keretében, míg a jobb genetikai képességgel rendelkezőket, beállítják a selejtezett tehének helyére. Ezek az egyedek képesek a hatékonyabb tejtermelésre, csökkentve ezzel a tejtermelés környezeti lábnyomát.

A szelekciós index (Holstein Global Index) a termelési tulajdonságokon (zsír és fehérje) kívül egészségi és menedzsment tulajdonságokat is tartalmaz, mint például a szomatikus sejtszám, hosszú hasznos élettartam, láb-, lábvég tulajdonságok, és elléslefolyás. Az index alkalmazása során minden tulajdonságra külön tenyészértéket becsülnék, amely a kiválasztás alapjául szolgál. Ez a szelekciós módszer hozzájárulhat a fenntarthatóság és az alkalmazkodó képesség követelményeinek teljesítéséhez. A holstein teheneket korábban a nagy tejhozam elérése érdekében tenyésztették. Azonban, ha a szelekció csak a tejhozamra összpontosít, kedvezőtlen helyzet következhet be a reprodukciós élettartam tulajdonságokban, ami az ágazat fenntarthatósága és az alkalmazkodó képessége szempontjából kedvezőtlen. Fontos egyensúlyt tartani a termelési tulajdonságok és olyan tényezők között, mint az egészség, termékenység és hosszú hasznos élettartam.

A tenyésztési programoknak olyan teheneket kell eredményezniük, amelyek kellő alkalmazkodóképességgel rendelkeznek a különböző környezeti adottságokhoz, jó immunrendszerrel rendelkeznek, és természetes viselkedést mutatnak. A genetikai szelekció jelentős mértékben hozzájárulhat a tejelő tehen termékenységének, hosszú élettartamának és hatékonyságának növekedéséhez, tovább csökkentve a tejtermelés egységére jutó környezeti lábnyomot (Pryce és Haile-Mariam, 2020). A Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete sikeresen működteti a genetikai alapú szelekciós rendszert az abban résztvevő tenyésztői számára, a HUNGENOM projekt keretében. 73 aktív tenyészetet és 52975 DNS-mintát (szőr) vizsgált meg a program 2019-es kezdete óta, és 51165 tenyésztértéket publikált amelyek a tenyésztési/szelekciós vagy keresztezési döntések meghozatalának alapjaként szolgáltak.

3. Takarmányozás

A tejelő tehenek takarmányozása gazdasági és környezeti szempontból is jelentős. A takarmányozási stratégiák és módszerek fontos eszközök a tejtermelés hatékonyságának javításában, valamint az üvegházhatású gázok kibocsátásának csökkentésében, a fenntarthatóság és az állatjólét érdekében. Sok ígéretes lehetőség áll rendelkezésre a kibocsátások további csökkentésére, a fenntarthatóság elősegítésére takarmány és melléktermék anyagok szakszerű felhasználása révén (Martin és mtsai, 2017). A tejelő tehenek takarmányozásában jelentős javulást eredményezett a komplett takarmányadag (TMR) használata, amelyeket az egyes állatok korához és laktációs stádiumához igazítanak táplálóanyag- és energiaigényük alapján (National Research Council, 2001). Az energiadúsabb, vagy könnyebben emészthető takarmányok további energiát biztosítanak az állatnak, és kevesebb erjedésből származó metánt (CH_4) termelnek (Knapp és mtsai, 2014). A takarmányok keményítőtartalmának növelése, például a koncentrációszint növelésével, jobb takarmányhasznosítást eredményez és csökkenti a CH_4 -termelést (Johnson és Johnson, 1995). A nagyobb keményítő tartalmú étrend alkalmazása hatással van a gabonatermesztésre, ami további fosszilis tüzelőanyag- és műtrágya-felhasználást eredményez, növelve a N_2O és CO_2 kibocsátást (Johnson és mtsai, 2002), ami azonban ellensúlyozza a CH_4 kibocsátás jelentős csökkenését (Lovett és mtsai, 2006). A gabonaféléket tartalmazó takarmányok etetése a magasabb keményítőtartalmuk miatt előnyös lehet a propionsav termelésben és a CH_4 kibocsátás csökkentésében (Beauchemin és mtsai, 2009). A lucerna és más pillangós virágú takarmányok nagyobb mennyisége a takarmányadagban, a fű alapú takarmányokhoz viszonyítva, összességében csökkenti a CH_4 kibocsátást (McCaughey és mtsai, 1999).

A takarmány betakarításának ideje is jelentős hatással van az üvegházhatású gázok kibocsátásra. A késői betakarítás eredményeként a takarmány több lignint tartalmaz, ami rontja az emészthetőségét, és nagyobb emissziót eredményez (Pinares-Patiño és mtsai, 2003). A takarmány, az abrak összetételének és arányának szakszerű beállítása mellett a tejelő tehenek étrendjében történő lipid kiegészítés is enyhítheti a kibocsátásokat (Hristov és mtsai, 2013a). Az abraktakarmány lipidekkel történő kiegészítése csökkenti a mikrobák által a bendőben fermentált mennyiséget, és csökkentheti az összes protozoon és metanogén populációt

(Ivan és mtsai, 2004). A nagy olajtartalmú melléktermékek, például szeszipari melléktermékek és olajos magvak etetése csökkentheti a CH_4 -kibocsátást (Hristov és mtsai, 2013b). Az silózott takarmányok kibocsátásra gyakorolt hatásáról kevesebb a kutatási eredmény, bár feltételezhető, hogy a kukoricaszilázs csökkenti a kibocsátást a viszonylag nagy keményítőtartalma miatt (Gerber és mtsai, 2013). A fűszilázs és a kukoricaszilázs közvetlen, együtt etetése során a nagyobb arányú kukoricaszilázs várhatóan csökkenti a CH_4 kibocsátást (Doreau és mtsai, 2012). Az említettek mellett még számos egyéb takarmányozási stratégia, takarmánykomponens, TMR összetétel áll rendelkezésre az üvegház hatású gáz kibocsátás csökkentésére (Hristov és mtsai, 2015). A szakszerű takarmányozás nemcsak az üvegházhatású gáz kibocsátás szempontjából, hanem természetesen a holstein tehének egészségi állapota, termelése szempontjából is fontos.

4. Állategészségügy, állatjóllét

A fogyasztókat érdekli a tejtermékek biztonsága és minősége (Drake, 2007). Ugyanakkor az utóbbi időben növekedett az érdeklődés a tejet termelő tehének gondozása és tartása iránt is (Keyserlingk és mtsai, 2013). A nagy mennyiségű és jó minőségű tejtermék előállításának alapvető feltétele, hogy a tehének egészségi és állatjólléti állapota megfelelő legyen. A tehenészet méretének, a tejtermelés színvonalának, a tehének egészségi és állatjólléti állapotának a kapcsolata összetett és számos tényezőtől függ (Chapinal és mtsai, 2014a), beleértve a vezetési gyakorlatot, az üzem növekedési ütemét, az épületeket, a személyzet képzettségét és tapasztalatát, valamint a gondozók figyelmét az állatokkal kapcsolatban. Barkema és mtsai (2015) bizonyítékot szolgáltatott arra, hogy az Egyesült Államokban és Kínában is a nagyobb gazdaságokban a lábproblémák kisebb arányúak, mint máshol, amit Chapinal és mtsai (2014b) is megerősítettek. Azonban Anastácio és mtsai (2014) szerint a fertőző betegségek állomány-szintű és a tenyészetben belüli előfordulási gyakorisága az ilyen tehenészetekben nagyobb mértékű. Hasonlóan vélekednek Wolf és mtsai (2014) is. Ennek oka azonban sokkal inkább a tehének több helyről történő vásárlásában és azok keveredésében keresendő, mint a tenyészet méretében. Számos európai országban a betegségellenőrzési programok működnek, melynek keretében szűrővizsgálatokat végeznek (Houe és mtsai, 2006), ugyanis a holstein tehének jóllétének biztosítása elengedhetetlen. Az említettek mellett a részletes állategészségügyi kezelési protokollok kényelmes tartási környezetet biztosítanak, amelyek lehetővé teszik a természetes viselkedést a tehen kényelme érdekében, mint például a megfelelően szellőző istállók, elegendő tér, megfelelő alom és tiszta víz stb.

5. Trágya- és hulladékkezelés

A holstein tehen nagy mennyiségű trágyát termel, aminek környezeti hatása lehet, ha nem megfelelően kezelik. Ez a hulladék jelentős nitrogén és foszfor forrás, amely, ha a növényi igényeknél többet használnak fel a trágyázásra, a felszíni vizek szennyeződését okozhatja (Knowlton és Cobb, 2006). A felesleges N a lemosódás révén akár a talajvízbe is kerülhet, ami problémát jelent az emberi és állati egészség szempontjából, mivel az ivóvízből származó nitrát a béltrak-

tusban nitrített alakul és mérgező lehet. A tejelő tehenek trágyájából származó egyik vegyület, amely befolyásolja a levegő minőségét, az ammónia (NH_3). Ez akkor keletkezik, amikor az állat vizeletéből származó karbamidot a trágyában jelen lévő ureáz enzim lebontja (Place és Mitloehner, 2010). A tejelő tehenek trágyájából származó jelentős üvegházhatású gáz a metán (CH_4), amely szintén a tejelő állatok trágyájából származik. Ennek mennyisége a bélsárban lévő szén, hidrogén és oxigén mennyiségétől, a trágyatárolási rendszertől, a takarmányozástól és az alomtól is függ (Place és Mitloehner, 2010). Hatékony trágyakezelés alkalmazása segíthet a trágya tápanyagainak megkötésében és felhasználásában, minimalizálva a vízszennyezést és csökkentve az üvegházhatású gázok kibocsátását. Kimutatták azt is, hogy a termelés növekedése az üvegházhatású gáz kibocsátás növekedésének meghatározó tényezője (Kim és Kim, 2012), míg az új energiaforrások használata, különösen a megújuló energiaforrások alkalmazása csökkenti a kibocsátást (Marques és mtsai, 2019).

6. Energiahatékonyság, megújuló energia

A jó minőségű tej termelése, az alacsony csiraszám biztosítása, a hűtés és egyéb feladatok miatt jelentős energia igényvel jár. A hűtőrendszerek jelentős energiafelhasználók. Az energiafelhasználási adatok egyéb technológiai megoldásoktól függően is nagy változatosságot mutatnak, pl. hagyományos fejőrendszerek (CM) esetében 6,4-33,4 Wh/kg tej, automatikus fejőrendszerek (AMS) esetében, 6,4-től 38,7 Wh/kg tej értékűek (Upton és mtsai, 2013). A tejtermelési technológiák meleg vizet is igényelnek például az elletési eszközök, anyagok, berendezések, és épületek tisztításához. A vízmelegítő rendszerek főleg elektromos, vagy földgázzal fűtött kazánok. Az elektronikus kazánok esetében az adatok 3,3-22,8 Wh/kg tej értékűek a finn tejtermelő gazdaságokban (Rajaniemi és mtsai, 2017). A világítás is energiafogyasztó, amire szükség van a termelékenység és a biztonság szempontjából a tejelő tehenészetben. A mért értékek a világításra vonatkozóan 1,4 Wh/kg tej (Shine és mtsai, 2018) és 32,1 Wh/kg tej a hagyományos izzók esetében (Houston és mtsai, 2014). A fent említett mellett más villamosenergia-felhasználás is gyakori a tehenészetekben. Az adatok az egyéb energia felhasználás esetében 4,1-től 38,8 Wh/kg tej értékek között változnak. Bár sok információ van az irodalomban a napkollektorok pozitív hatásairól és a fosszilis energia használatának csökkentéséről, de kevés ismeret áll rendelkezésre arról, hogy a napkollektorokat használó tejgazdaságok mennyivel energiatakarékosabbak (Houston és mtsai, 2014). A fosszilis fűtőanyagok által termelt energia felhasználás mérséklése fontos az üvegházhatású gázok kibocsátásának csökkentése érdekében, amelynek kiváltására a napenergia jöhet számításba a tejágazat klímaállóbbá tételében. Ugyanakkor nagyobb figyelmet célszerű fordítani a napenergia alkalmazásának egyéb következményeire is, amelyek egyéb energiafelhasználás növekedésében jelentkezhetnek (Qiu és mtsai, 2019). Ugyanakkor nagyon fontos csökkenteni a tejtermelés környezeti lábnyomát az energiahatékony megoldások alkalmazásával.

7. Víztakarékoság

A vizet különböző célokból használjuk a tejtermelő tehenészetekben. Az állattenyésztés összes vízfelhasználásának 19%-át a tejágazat teszi ki. Ennél többet (33%) csak a marhahús szektor fogyaszt. A becslések szerint a tejtermelés teljes vízlábnyoma 1 m³/kg tej (*Mekonnen és Hoekstra, 2012*). Ez jelentős mennyiségű víz, amely részben megőrizhető a gazdaságban a termelés során (*House és mtsai, 2014*). *Robinson és mtsai (2016)* átfogó tanulmányuk alapján arra a következtetésre jutottak, hogy az automatizált fejési rendszerek napi vízfelhasználása nagyobb, mint az a kötött tartási rendszerű istállóval rendelkező üzemek esetében. Ez azt jelenti, hogy a fejési mód kulcsfontosságú tényező a vízfelhasználásban. Mivel a robotrendszerek, amelyek egyre gyakoribbá válnak a fejés-technológiában, nagy mennyiségű vizet használnak, a tejágazatnak hatékony vízhasználati stratégiákat kell kidolgoznia ezen rendszerek számára. A lefolyók és szennyvizek megfelelő kezelése segíthet megelőzni a vízszennyezést és megvédeni a helyi vízforrásokat.

8. Tudásmegosztás

Ahhoz, hogy információkban is naprakész legyen a fenntartható tejtermelési gyakorlat, az új technológiák alkalmazása kulcsfontosságú az ágazatban. Ehhez a szakértőkkel, a kutatókkal és a tenyésztőtársakkal való együttműködés elengedhetetlen. A fenntartható mezőgazdaság iránt elkötelezett gazdákhöz vagy szervezetekhez való csatlakozás lehetőséget ad a tapasztalatok megosztására, a kollégáktól történő tanulásra és a fenntarthatósági célok közös elérésére. A tenyésztő szervezetek és az egyéb tejtermelési szervezetek által rendezett agrárkiállítások, találkozók és más események kiváló helyszíneket jelenthetnek a fontos és értékes információk cseréjére.

9. Összegzés

A fentiek elemzéséből leszűrhető, hogy a tejtermelés fenntarthatóságának, az ágazat alkalmazkodó képességének a kulcselemei és a velük kapcsolatos feladatok az alábbiak lehetnek:

- **Genetikai szelekció:** Kiegyensúlyozott termelési tulajdonságok javítására irányul, mint az egészség, termékenység és hosszú élettartam. Olyan teheneket kell kitenyészteni, amelyek jó alkalmazkodóképességgel rendelkeznek különböző környezeti tényezőkhöz, jó az immunrendszerük, és természetes viselkedést mutatnak.
- **Takarmányozás:** Fenntartható takarmányozási gyakorlat bevezetése, például helyi forrásból származó takarmányok felhasználása, az importált takarmányokra való támaszkodás csökkentése, és a takarmány-összetétel optimalizálása a termelés fenntartása és a környezeti hatás minimalizálása érdekében.
- **Állategészség és állatjóllét:** Teljes körű állategészségügyi protokollok bevezetése, oltási programok, rendszeres állatorvosi ellátás és megelőző intézkedések a gyakori betegségek ellen.
- **Trágya- és hulladékkezelés:** Hatékony trágyakezelési stratégiák, anaerob erjesztő-rendszerek, komposztálás és tápanyag-kezelési tervek bevezetése.

Energiatakarékosság és megújuló energia: A tejtermelés környezeti lábnyomának csökkentése érdekében energiatakarékos gyakorlatok bevezetése. Az energiahatékony megoldások alkalmazása istállókban, fejőházakban és egyéb létesítményekben hatékony világítás, szellőzés révén.

- *Víztakarékosság:* Víztakarékos megoldások bevezetése, hatékony öntözési rendszerek, szivárgás észlelése és javítása, felelős vízfelhasználás.
- *Tudásmegosztás:* A tejágazatban a céltudatos tudásmegosztás létfontosságú a termelés optimalizálása, a fenntarthatóság javítása és a szektor változó kihívásainak és lehetőségeinek kezelése érdekében.

10. Következtetések

A felelős holstein-fríz tenyésztés újszerű megközelítést igényel, ami több tényező együttes kezelését jelenti a fenntarthatóság szempontjából. A különböző tényezők egyensúlyban tartása jelentősen növelheti a holstein-fríz fajtára alapozott tejtermelés fenntarthatóságát és rugalmasságát. A genomikai információ és a genomikai szelekciós rendszerek alkalmazása lehetővé teszi, hogy a tehének kevesebb takarmányból több tejet termeljenek, minimalizálva ezzel a környezeti hatást. Ezek a stratégiák, kiegészítve azzal, hogy az állatjólléti, állategészségügyi, élettartam szempontok is szerepelnek a tenyésztési programban, mindenképpen segítik az ágazat fenntarthatóságát. Bár az említettek érvényesítésének előnyei nem feltétlenül rövid távon jelentkeznek, integrálásuk egy átfogó stratégiai tervbe hosszabb távon nagyban javíthatja a tejtermelő gazdaság tartósságát és sikerét. Fontos, hogy feltárjuk a különböző menedzsment elemeket, amelyek hozzájárulnak a holstein tehén tejtermelésének fenntarthatóságához és az ágazat jobb alkalmazkodó képességéhez. Ezeknek az elemeknek az együttes kezelésével a holstein-fríz fajtára alapozott tejtermelés környezeti lábnyoma is tovább csökkenthető.

11. Köszönetnyilvánítás

A 2023-2.1.2-KDP-2023-00017 számú projekt a Kulturális és Innovációs Minisztérium Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból nyújtott támogatásával, a KDP-2023. pályázati program finanszírozásában valósult meg.

12. Felhasznált irodalom

- Anastácio, S. – Carolino, N. – Sidi-Boumedine, K. – Da Silva, G. J. (2014): Q fever dairy herd status determination based on serological and molecular analysis of bulk tank milk. *Transbound. Emerg. Dis.*, 63. 293–300. <https://doi.org/10.1111/tbed.12275>
- Barkema, H. W. – Keyserlingk, M. A. G. – Kastelic, J. P. – Lam, T. J. G. M. – Luby, C. – Roy, J. P. (2015): Invited review: Changes in the dairy industry affecting dairy cattle health and welfare. *J. Dairy Sci.*, 98. 7426–7445. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-9377>
- Beauchemin, K. A. – McAllister, T. A. – McGinn, S. M. (2009): Dietary mitigation of enteric methane from cattle. *CAB Reviews*, 4. 1–18.
- Brito, L. F. – Bedere, N. – Douhard, F. – Oliveira, H. R. – Arnal, M. – Peñagaricano, F. – Schinckel, A. P. – Baes, C. F. – Miglior, F. (2021): Review: Genetic selection of high-yielding dairy cattle toward sustainable farming systems in a rapidly changing world. *Animal*, 15. 100292. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100292>

- Chapinal, N. – Liang, Y. – Weary, D. M. – Wang, Y. – Keyserlingk, M. A. G. (2014a): Risk factors for lameness and hock injuries in Holstein herds in China. *J. Dairy Sci.*, 97. 4309–4316. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8089>
- Chapinal, N. – Weary, D. M. – Collins, L. – Keyserlingk, M. A. G. (2014b): Lameness and hock injuries improve on farms participating in an assessment program. *Vet. J.*, 202. 646–648. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2014.09.018>
- Clay, N. – Garnett, T. – Lorimer, J. (2020): Dairy intensification: Drivers, impacts and alternatives. *Ambio*, 49. 35–48. <https://doi.org/10.1007/s13280-019-01177-y>
- Cole, J. B. – VanRaden, P. M. (2018): Symposium review: Possibilities in an age of genomics: The future of selection indices. *J. Dairy Sci.*, 101. 3686–3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>
- Doreau, M. – Rochette, Y. – Martin, C. (2012): Effect of type of forage (maize silage vs grass silage) and protein source (soybean meal vs dehydrated lucerne) in dairy cow diet on methane emission and on nitrogen losses. In: *Hassouna, M. – Guingand, N. (Eds), Proc. International Symposium on Emission of Gas and Dust from Livestock, 10-13 June 2012, Saint-Malo, France, 4.*
- Drake, M. A. (2007): Invited review: Sensory analysis of dairy foods. *J. Dairy Sci.*, 90. 4925–4937. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0332>
- Gerber, P. J. – Henderson, B. – Makkar, H. P. (Eds) (2013): Mitigation of greenhouse gas emissions in livestock production: A review of technical options for non-CO2 emissions, *FAO Animal Production and Health Papers. 177.* Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy.
- Hoque, H. – Lindberg, A. – Moennig, V. É. (2006): Test strategies in bovine viral diarrhoea virus control and eradication campaigns in Europe. *J. Vet. Diagn. Invest.*, 18. 427–436. <https://doi.org/10.1177/104063870601800501>
- House, H. K. – Hawkins, B. C. – Barkes, B. C. (2014): Measuring and characterizing on-farm milking centre washwater volumes. *ASABE Paper, No 1908138, ASABE, 13-16 July 2014, Montreal, Quebec, Canada.*
- Houston, C. – Gyamfi, S. – Whale, J. É. (2014): Evaluation of energy efficiency and renewable energy generation opportunities for small scale dairy farms: A case study in Prince Edward residential solar panel adoption. *J. Environ. Econ. Manag.*, 96. 310–341. <https://doi.org/10.1016/j.renene.2013.11.040>
- Hristov, A. N. – Lee, C. – Cassidy, T. – Heyler, K. – Tekippe, J. A. – Varga, G. A. – Corl, B. – Brandt, R. C. (2013a): Effect of *Origanum vulgare* L. leaves on rumen fermentation, production, and milk fatty acid composition in lactating dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 96. 1189–1202. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-5975>
- Hristov, A. N. – Oh, J. – Firkins, J. L. – Dijkstra, J. – Kebreab, E. – Waghorn, G. – Makkar, H. P. S. – Adesogan, A. T. – Yang, W. – Lee, C. – Gerber, P. J. – Henderson, B. – Tricarico, J. M. (2013b): Special topics – Mitigation of methane and nitrous oxide emissions from animal operations: I. A review of enteric methane mitigation options. *J. of Anim. Sci.*, 91. 5045–5069. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6583>
- Hristov, A. N. – Oh, J. – Giallongo, F. – Frederick, T. W. – Harper, M. T. – Weeks, H. L. – Branco, A. F. – Moate P. J. – Deighton, M. H. – Williams, S. R. O. – Kindermann, M. – Duval, S. (2015): An inhibitor persistently decreased enteric methane emission from dairy cows with no negative effect on milk production. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112. 10663–10668.
- Ivan, M. – Mir, P. – Mir, Z. – Entz, T. – He, M. L. – McAllister, T. A. (2004): Effects of dietary sunflower seeds on rumen protozoa and growth of lambs. *Br. J. Nutr.*, 92. 303–310. <https://doi.org/10.1079/BJN20041178>
- Johnson, K. A. – Johnson, D. E. (1995): Methane emissions from cattle. *J. Anim. Sci.*, 73. 2483–2492. <https://doi.org/10.2527/1995.7382483x>

- Johnson, D. – Phetteplace, H. – Seidl, A. (2002): Methane, nitrous oxide and carbon dioxide emissions from ruminant livestock production systems, In: *Takahashi, J. – Young, B. A. – Soliva, C. R. – Kreuzer, M.* (Eds): Greenhouse gases and animal agriculture. Proceedings of the 1st International Conference on Greenhouse Gases and Animal Agriculture, Obihiro, Japan. 7–11 November, 2001, Elsevier, Amsterdam, The Netherlands, 77–85.
- Keyserlingk, M. A. G. – Martin, N. P. – Kebreab, E. – Knowlton, K. F. – Grant, R. J. – Stephenson, M. – Sniffen, C. J. – Harner, J. P. – Wright, A. D. – Smith, S. I. (2013): Invited review: Sustainability of the US dairy industry. *J. Dairy Sci.*, 96. 5405–5425. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-6354>
- Kim, K. – Kim, Y. (2012): International comparison of industrial CO₂ emission trends and the energy efficiency paradox utilizing production-based decomposition. *Energy Econ.*, 34. 1724–1741. <https://doi.org/10.1016/j.eneco.2012.02.009>
- Knapp, J. R. – Laur, G. – Vadas, P. A. – Weiss, W. P. – Tricarico, J. M. É. (2014): Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. *J. Dairy Sci.*, 97. 3231–3261. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7234>
- Knowlton, K. – Cobb, T. D. (2006): ADSA Foundation Scholar Award: Implementing waste solutions for dairy and livestock farms. *J. Dairy Sci.*, 89. 1372–1383. [https://doi.org/10.3168/jds.s0022-0302\(06\)72205-6](https://doi.org/10.3168/jds.s0022-0302(06)72205-6)
- Lovett, D. – Shalloo, L. – Dillon, P. – O'Mara, F. P. (2006): A systems approach to quantify greenhouse gas fluxes from pastoral dairy production as affected by management regime. *Agric. Syst.*, 88. 156–179. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2005.03.006>
- Martin, N. P. – Russelle, M. P. – Powell, J. M. – Sniffen, C. J. – Smith, S. I. – Tricarico, J. M., – Grant, R. J. (2017): Sustainable forage and grain crop production for the US dairy industry. *J. Dairy Sci.*, 100. 9479–9494. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13080>
- Marques, A. C. – Fuinhas, J. A. – Tomas, C. (2019): Energy efficiency and sustainable growth in industrial sectors in EU countries: A non-linear ARDL approach. *J. Clean. Prod.*, 239. 118045. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2019.118045>
- McCaughey, W. – Wittenberg, K. – Corrigan, D. É. (1999): Impact of pasture type on methane production by lactating beef cows. *Can. J. Anim. Sci.*, 79. 221–226.
- Mekonnen, M. M. – Hoekstra, A. Y. (2012): A global assessment of the water footprint of farm animal products. *Ecosystems*, 15. 401–415. <https://doi.org/10.1007/s10021-011-9517-8>
- Miglior, F. – Fleming, A. – Malchiodi, F. – Brito, L. F. – Martin, P. – Baes, C. F. (2017): 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 100. 10251–10271. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12968>
- Milani, F. – Nutter, D. – Thoma, G. É. (2011): Invited review: environmental impacts of dairy processing and products: a review. *J. Dairy Sci.*, 94. 4243–4254. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3955>
- Naranjo, A. – Johnson, A. – Rossow, H. – Kebreab, E. (2020): Greenhouse gas, water, and land footprint per unit of production of the California dairy industry over 50 years. *J. Dairy Sci.*, 103. 3760–3773. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-16576>
- National Research Council (2001): Nutrient requirements of dairy cattle. 7th Revised Edition. The National Academies Press, Washington, DC, United States.
- Peterson, C. B. – Mitloehner, F. M. (2021): Sustainability of the dairy industry: Emissions and mitigation opportunities. *Front. Anim. Sci.*, 2. 760310. <https://doi.org/10.3389/fanim.2021.760310>
- Pinares-Patiño, C. – Baumont, R. – Martin, C. É. (2003): Methane emissions by Charolais cows grazing a monospecific pasture of timothy at four stages of maturity. *Can. J. Anim. Sci.*, 83. 769–777. <https://doi.org/10.4141/A03-034>
- Place, S. E. – Mitloehner, F. M. (2010): Invited review: Contemporary environmental issues: A review of the dairy industry's role in climate change and air quality and the potential of mitigation through improved production efficiency. *J. Dairy Sci.*, 93. 3407–3416 <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2719>

- Pryce, J. E. – Haile-Mariam, M. (2020): Symposium review: Genomic selection for reducing environmental impact and adapting to climate change. *J. Dairy Sci.*, 103. 5366–5375. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17732>
- Qiu, Y. – Kahn, M. E. – Xing, B. (2019): Quantifying the rebound effects of residential solar panel adoption. *J. Environ. Econ. Manag.*, 96. 310–341. <https://doi.org/10.1016/j.jeem.2019.06.003>
- Rajaniemi, M. – Jokiniemi, T. – Alakukku, L. – Ahokas, J. (2017): Electric energy consumption on some Finnish dairy farms. *Agr. Food Sci.*, 26. 160–172. <https://doi.org/10.23986/afsci.63275>
- Robinson, A. D. – Gordon, R. J. – VanderZaag, A. C. – Rennie, T. J. – Osborne, V. R. (2016): Usage and attitudes of water conservation on Ontario dairy farms. *Prof. Anim. Scie.*, 32. 236–242. <https://doi.org/10.15232/pas.2015-01468>
- Shine, P. – Scully, T. – Upton, J. – Shalloo, L. – Murphy, M. D. É. (2018): Electricity and direct water consumption on Irish pasture based dairy farms: A statistical analysis. *Appl. Energy*, 210. 529–537. <https://doi.org/10.1016/j.apenergy.2017.07.029>
- Upton, J. – Humpreys, J. – Groot Koerkamp, P.W. G. – French, P. – Dillon, P. – De Boer, I. J. M. (2013): Energy demand on dairy farms in Ireland. *J. Dairy Sci.*, 96. 6489–6498. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-6874>
- Wolf, R. – Barkema, H. W. – De Buck, J. – Slomp, M. – Flaig, J. – Hauptstein D. – Pickel, C. – Orsel, K. (2014): High herd-level prevalence of *Mycobacterium avium* subspecies *paratuberculosis* in Western Canadian dairy farms, based on environmental sampling. *J. Dairy Sci.*, 97. 6250–6259. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8101>

Érkezett: 2024. április

Szerzők címe: Bognár, L. - Kőrösi, Zs. J.

Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders

H-1134 Budapest, Lőportár u. 16.

Bene, Sz.*

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Georgikon Campus

H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.

*levelező szerző, e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

Szabó, F.

Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

Széchenyi István University, Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Egyes tényezők hatása első ellésű lacaune anyajuhok tőgytulajdonságaira

Effect of certain factors on udder morphology parameters of primiparous Lacaune ewes

MÁRTA Krisztina – MOLNÁR Ágoston – GULYÁS László – BODNÁR Ákos –
PÓTI Péter – PAJOR Ferenc

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők lacaune fajtájú első ellésű anyajuhok (n=64) tőgytulajdonságait, és a tőgytulajdonságokat befolyásoló egyes tényezőket (tenyésztésbevitel ideje – 9 vagy 18 hónap, báránynevelési idő hossza – 55 napnál rövidebb vagy hosszabb, választott bárányok száma – 0, 1 vagy 2 bárány) értékelték egy Győr-Moson-Sopron megyei juhtenyészetben. A vizsgálatok során a laktáció első harmadában, egy esti befejeséskor 1-9 pontos skálán értékelték az anyajuhok tőgytulajdonságait (tőgymélység, tőgy elülso illesztés, tőgyalak, tőgyfüggesztés, tőgyalap illesztés, tőgyszimmetria, tőgybimbó helyeződés, és tőgybimbó hossz). Az állatok tenyésztésbevitel idejének nem volt érdemi hatása a tőgytulajdonságok alakulására. A báránynevelési időszak hossza mérsékelt hatással volt a tőgytulajdonságokra, kedvezőbb tőgymélységgel és tőgyfüggesztéssel rendelkeztek a rövidebb báránynevelési időszakkal rendelkező anyák. Ezzel szemben a választott bárányok száma jelentős hatással voltak a vizsgált tőgytulajdonságok közül a tőgymélységre, a tőgyfüggesztésre, a tőgy szimmetriára és a tőgybimbó hossza. Azon anyajuhoknak volt a legkedvezőbb tőgytulajdonságai, amelyek alapvetően rövidebb ideig szoptatták az utódjaikat. Ha az állat rövidebb ideig szoptatott, előnyösebbek a tőgytulajdonságai, és ez kedvezően befolyásolhatja a választás utáni tejtermelését.

Kulcsszavak: juh, tőgytulajdonságok, tenyésztésbevitel, báránynevelés, választott bárányszám

SUMMARY

Objective: The authors evaluated the udder parameters of the primiparous Lacaune ewes (n=64) (no detected clinical mastitis symptoms, as swelling, heat, redness, or pain), and some factors influencing the udder characteristics (breeding period – 9 or 18 months, length of lamb rearing period – shorter or longer than 55 days, number of weaned lambs – 0, 1 or 2 lambs), in a nucleus farm in Győr-Moson-Sopron County.

Methods: The first third of lactation, during the evening milking, the ewes evaluated their udder properties on a 1–9-point scale (udder depth, fore udder attachment, udder shape, udder cleft, udder attachment, udder floor, teat placement, and teat length). After weaning, all ewes were milked twice a day (at 5:00 and 17:00) by Hungarolact milking system with 2×24 parallel stands.

Results: The breeding time of the animals had no significant effect on the development of udder properties. The length of the lamb rearing period had a moderate effect on udder characteristics, ewes with a shorter lamb rearing period had better udder depth and udder cleft. On the other hand, the number of weaned lambs had a significant effect on udder parameters. Mother ewes reared two lambs had the worst udder depth, udder cleft, udder floor, and teat length, compared to others.

Conclusions: Those ewes that basically reared their lambs for a shorter period had the most favourable udder characteristics. If the animal has been suckling for a shorter period, its udder properties are more advantageous, and this can favourably affect its milk production after weaning.

Key words: sheep, udder properties, breeding time, lamb rearing, number of weaned lamb

1. Bevezetés

Jól ismert, hogy a tejhasznosítású állományokban az elsődleges bevételi forrást a tej értékesítése jelenti, de a vágóbárányok eladásából származó bevétel is hozzájárulhat a tejtermelő gazdaságok jövedelemtermelő képességének növeléséhez (Jávor, 2005). A tejtermelés javításához a jelenlegi állomány összetételének megváltoztatására (tejhasznú állományok kialakítása), illetve tejelő fajtákkal történő célirányos, nagyarányú keresztezésekre van szükség (Jávor, 1994). A hazai juhtej termelésben rejlő kedvező lehetőségeket már korábban is felismerték (Kukovics, 1990; Kukovics és Nagy, 2000; Nagy és mtsai, 2008; Gáspárdy és mtsai, 2016). Egyes becslések szerint 5 és 10 millió liter juhtej között lenne az a szint, amely még gond nélkül feldolgozható, jó áron eladható mind a belföldi, mind a külföldi piacokon egyaránt (Gulyás és mtsai, 2008). A jelenlegi hazai tejtermelés (1,5 millió liter; FAO, 2024) viszont messze elmarad az előzőek során bemutatott értékektől.

A gazdaságos juhtejtermelés alapvető feltétele a megfelelő minőségben és mennyiségben előállított tej. Hazánkban a juhtejtermelés egyik fő problémája a rendkívül alacsony termelési színvonal, ami önmagában jelentős hatást gyakorol az ágazat gazdaságosságára. A tejtermelést befolyásoló egyik tényező a tőgytulajdonságok alakulása, viszont hazánkban a tejelőjuh állományokban a különböző tőgymorfológiai tulajdonságokra történő szelekció, ahogyan korábban sem, jelenleg sem szerepel kellő hangsúllyal a tenyészkiválasztási kritériumok között (Kukovics és mtsai, 1993; Kukovics és Soós, 1999).

A sima, finoman érezett, rugalmas tőgybőr és a jó tőgymirigyesség kiváló termelésre utal, a hibás tőgyalakulás, illetve az egyenlőtlen tőgyfelek csökkentik a tejtermelést (Brem, 2003). A tőgy és tőgybimbó alaktani tulajdonságai általában közepesen, illetve jól öröklődnek, így már akár egy-két nemzedék alatt is jelentősen javíthatóak az eredmények (Juozaitiene és mtsai, 2006).

A tejelő szarvasmarhákna a tőgytulajdonságokat 9 pontos lineáris skálán értékelik, amely alkalmas ezen tulajdonságok genetikai értékekére BLUP állatmodell alkalmazásával (Schaeffer és mtsai, 1985; Meyer és mtsai, 1987; Visscher és Goddard, 1995). A lineáris pontozási módszert a juhok tőgytulajdonságainak értékeléséhez *de la Fuente* javasolta 1996-ban (Casu és mtsai, 2006).

Vizsgálatunk célja első ellésű lacaune anyajuhok tőgytulajdonságait befolyásoló egyes tényezők (tenyésztésbevétel ideje, báránynevelési idő hossza, választott bárányok száma) hatásainak értékelése volt.

2. Anyag és módszer

2.1. A vizsgálat leírása

Győr-Moson-Sopron vármegyében, Mórchida településen végeztük a vizsgálatunkat egy lacaune törzsállományban, ahol 64 első ellésű anyajuh tőgytulajdonságait értékeltük. Az állatok fejése napi két alkalommal történt egy 2x24 állásos, párhuzamos fejőházban. A vizsgálatban résztvevő állatok két életkorban lettek tenyésztésbe véve: átlagosan 9 és 18 hónapos korban. Az átlagos báránynevelési időszak hossza 55 nap volt. Két csoportot alakítottunk ki: első csoportba kerültek azok az anyák, amelyeknek az átlagos báránynevelési időszaka az átlaghoz képest

rövidebb volt (átlagos báránynevelési időtartam 45 nap), a másik csoportba azok kerültek, amelyeknek az átlagos báránynevelési időszaka hosszabb volt (átlagos báránynevelési időtartam 68 nap). A választott bárányok esetén három csoportot különböztettünk meg a bárányok száma szerint: az elsőbe 9 egyed került, amelyeknek választásig elhullott a bárányuk, a másodikba 47 egyed került, amelyek egy bárányt ellettek és neveltek a fel a választásig. A harmadik csoportba 8 egyed került, amelyek 2 bárányt ellettek és neveltek a választásig tartó időszak alatt.

Az anyajuhok tőgye 1-9 pontos lineáris skálán kerültek a pontozásra, amit az anyák laktációjának első befejeésekor végeztünk el. A tejtermelési teljesítményvizsgálat a *Juh teljesítményvizsgálati kódex* (2013) szerint lett elvégezve. A pontozásban az alábbi tulajdonságokat vettük figyelembe: tőgymélység, tőgy elülső illesztése, tőgy alakja, tőgy függesztése, tőgyalap illesztése, tőgy szimmetriája, tőgybimbó helyeződése, és tőgybimbó hossza.

A tőgymélység bírálatok a hátulsó függesztés és a hasfal közti távolságot értékeljük, ahol referenciaként a csánk vonalát vesszük figyelembe (*de la Fuente és mtsai*, 1996). Az 1 pont, ha nagyon sekély a tőgy, 9 pont, ha nagyon mély.

A tőgy elülső illesztésének bírálatok során az elülső függesztés és a hasfal által bezárt szög alapján bíráljuk. Az 1 pont kis szöget, laza illesztést jelent, a 9 pont pedig egy nagy szöget, feszes illesztést (*de la Fuente és mtsai*, 1996).

A függesztőszalag bírálatok során annak feszesességét és magasságát bíráljuk. 1 pont, ha a függesztő szalag nem látszik, 9 pont, ha erős, feszes, magas a tőgy függesztése (*Casu és mtsai*, 2006).

A tőgyalap illesztése 9 pont, ha nagy, széles területen csatlakozik, 1 pont, ha a tőgyalap keskeny, szűk (*Eurosheep*, 2018).

A tőgy szimmetriája során bíráljuk, hogy a két mirigytest mennyire hasonló egymásra alakját és hosszúságát tekintve. 9 pont adható, ha a két fél tükörképe egymásnak (*Margatho és mtsai*, 2020).

A tőgybimbó helyeződésének vizsgálata során a tőgybimbókat a tőgyön való elhelyezkedésük alapján pontszámmal értékeljük. Ideális a 9 pont, ez lefelé irányuló, függőleges tőgybimbókat jelent. A majdnem vízszintes tőgybimbó állás nem kedvező, 1 pontot ér (*de la Fuente és mtsai*, 1996).

A tőgybimbó hossza esetén a gépi fejéshez ideális tőgybimbó 3 cm hosszú, körülbelül ez a hosszúság kap 5 pontot. Az 1 pont túl rövid, a 9 pont túl hosszú tőgybimbót jelent (*de la Fuente és mtsai*, 1996).

A tőgy összképe, az összes tőgytulajdonságot figyelembe veszi. Az ideális pontszámot a 9-es pont jelöli (*de la Fuente és mtsai*, 1996).

2.2 Statisztikai analízis

Az adatok statisztikai kiértékelését az SPSS 29.0 programcsomaggal végeztük (normalitás és homogenitás vizsgálat, átlag, szórás, F és t-teszt, Mann-Whitney teszt, Levene teszt, varianciaanalízis, Tukey post hoc teszt, Kruskal-Wallis teszt). Az adatok normalitás vizsgálatát Kolmogorov-Smirnov tesztel végeztük el. Az adatok normáloszlást mutattak. A többtényezős varianciaanalízis során az anyajuhok tejtermelését befolyásoló tényezőket (tenyésztésbevitel ideje, báránynevelési idő hossza, választott bárányok száma) vizsgáltuk.

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + C_k + e_{ijk}$$

Y_{ijk} = vizsgált tulajdonság; μ = átlag, A_i = a tenyésztésbevitel hatása (fix hatások: 2 osztály: 1. és 2. év), B_j = választási idő hatása (fix hatás: 2 osztály: korai és kései választás), C_k = választott bárányok számának hatása (fix hatások: 3 osztály: elpusztult, egyes és ikerbárány), e_{ijk} = hiba. Vizsgáltuk az egyes tényezők kölcsönhatásait is, de mivel ezek nem voltak szignifikáns hatásúak, ezért továbbiakban csak a fő tényezőket mutatjuk be.

3. Eredmények és értékelésük

A vizsgált anyajuhok különböző tőgytulajdonság-pontszámainak az átlagát, egyéb statisztikai mutatóit, valamint az adott tőgytulajdonsághoz tartozó optimális pontszámot az 1. táblázat foglalja össze. A tőgymélység átlagpontszáma 4,92, ennél a tulajdonságnál az optimális az 5 pont. A többi tulajdonságnál a 9 pont a kedvező. Az elülső illesztés átlaga 4,30 pont, a tőgyalaké 5,03 pont, a tőgy függesztése 4,05 pontot, a tőgyalap illesztés 5,98 pontot, és a tőgyszimmetria 5,54 pontot volt. A tőgymélységet kivéve, a többi tulajdonság értékei jelentősen elmaradtak az optimális pontszámtól.

1. táblázat

A vizsgált első ellésű anyajuhok tőgypontozásának eredményei (n=64)

Mutató (1)	Tőgymélység (5)	Elülső tőgyillesztés (6)	Tőgyalak (7)	Tőgy függesztés (8)	Tőgyalap illesztés (9)	Tőgyszimmetria (10)
Átlag (2)	4,92	4,30	5,03	4,05	5,98	5,54
SD (3)	±2,07	±2,02	±1,71	±2,38	±1,57	±2,75
Medián	5	4	5	4	6	7
Minimum	1	1	1	1	2	1
Maximum	9	9	8	8	9	9
Optimális pont (4)	5	9	9	9	9	9

Table 1: Results of udder scoring of primiparous Lacaune ewes (n=64)

item (1); mean (2); standard deviation (3); optimal score (4); udder depth (5); fore udder attachment (6); udder shape (7); udder cleft (8); udder attachment (9); udder floor (10)

A vizsgált anyajuhok tőgybimbó helyeződés és a tőgybimbó hossz pontszámának az átlagát, egyéb statisztikai mutatóit, valamint az adott tulajdonsághoz tartozó optimális pontszámot a 2. táblázat mutatja be.

A tőgybimbó helyeződés átlagos értéke 2,65 volt, míg a tőgybimbó hosszának átlagos pontszáma 4,32 volt. A tőgybimbó helyeződésnél az optimális pont a 9, míg a tőgybimbó hosszánál ez 5 pont. Csak a tőgybimbó hossza közelítette meg az optimális pontszámot. A tőgytulajdonságokra adott átlagos pontszámok megközelítik a korábbi külföldi és hazai vizsgálatok eredményeit (*de la Fuente és mtsai, 1996; Kapusi és mtsai, 2015; Crump és mtsai, 2019*), kivéve a tőgybimbó helyeződést, ahol is a vizsgált állományban elért 2,65 pont jelentősen eltér a korábbi eredményektől. A vizsgált anyák tőgybimbó helyeződésének pontszá-

A vizsgált első ellésű anyajuhok tőgypontozásának eredményei (n=64)

Mutató (1)	Tőgybimbó helyeződés (5)	Tőgybimbó hossz (6)
Átlag (2)	2,65	4,32
SD (3)	±1,48	±1,29
Medián	2	4
Minimum	1	1
Maximum	7	8
Optimális pont (4)	9	5

Table 2: Results of teat scoring of primiparous Lacaune ewes (n=64)

item (1); mean (2); standard deviation (3); optimal score (4); teat placement (5); teat length (6)

mai az sugallják, hogy azok jelentősen oldalra irányultak, a kedvező függőleges irányultságtól messze elmaradva.

Továbbá, jelentősnek mondható a vizsgált tulajdonságok szórás értékei, vagyis az állomány egyedei között jelentős eltérés tapasztalható, aminek a hátterében az állhat, hogy a vizsgált állatok fiatal anyák voltak. Más szerzők is beszámoltak arról, hogy a fiatal anyák tőgytulajdonságaik szempontjából jelentősen változékonyak, azaz nagy szórást mutatnak (McLaren és mtsai, 2018; Crump és mtsai, 2019).

A hasfalhoz erősen illeszkedő tőgy és a függőleges tőgybimbók kevésbé vannak kitéve a fejkelyhek leesésének és kedvezőbb a fejhetőségük is (Casu és mtsai, 2006), ezzel szemben, ha a tőgybimbók vízszintesek, akkor bizonyos mennyiségű tej visszamaradhat a tőgyben (Sagi és Morag, 1974; Bruckmaier és mtsai, 1997). A vízszintes tőgybimbók is hajlamosabbak a gépi fejés során bekövetkező torzulásokra. Ez gátolja a tejleadási reflexet, és ezáltal növeli az alveoláris tejvisszatartást (Labussiere, 1988). A mély tőgy esetén a fejés során a tej egy része a tejmedencében visszatartódhat, így a fejés befejezéséhez manuális beavatkozásra van szükség (Casu és mtsai, 2006). A tejtermelés javítása mellett a tőgygyulladás elleni szelektációs munka miatt is fontos a tőgy és a tőgybimbó tulajdonságok bírálata és ezen tulajdonságok javítása (Makoviczky és mtsai, 2013, 2014). Mindazonáltal a kedvező tőgyalakulás kedvezően befolyásolja a bárányelhullás mértékét és a bárányok növekedését (Smith és mtsai, 2023).

Az anyajuhok tőgytulajdonságainak a tenyésztésbevitel idejének szerinti alakulását a 3. táblázat mutatja be.

A különböző életkorban tenyésztésbe vett anyajuhok közül 48 egyedet 9 hónapos életkorában, valamint 16 egyedet 18 hónapos életkorban vettek tenyésztésbe. A tenyésztésbevitel időpontjának nem volt jelentős hatással a tőgytulajdonságokra, kivétel a tőgymélység alakulása, amely különbözött a két csoport között. A 9 hónapos életkorban tenyésztésbe vett anyajuhok tőgymélysége átlagosan 4,51 pont volt, míg a 18 hónaposan tenyésztésbe vett állatoké nagyobb, 6,36 pont volt ($p < 0,01$). Valószínűsíthetően a fiatalabb anyák tőgye még kevésbé volt fejlett, mint a későbbi tenyésztésbe vett anyáké.

Az anyajuhok tőgytulajdonságainak a báránynevelés időtartama szerinti alakulását a 4. táblázat foglalja össze. A rövid (átlagos választási idő 45 nap) és a hosszú (átlagos választási idő 68 nap) báránynevelési időtartama alapján kialakított

3. táblázat

A tőgy- és tőgybimbó tulajdonságok alakulása az anyák tenyésztésbevétele szerint

Hónap (1)	Tőgy-mélység (2)	Elülős illesztés (3)	Tőgy-alak (4)	Tőgy függesztés (5)	Tőgyalap illesztés (6)	Tőgy szimmetria (7)	Tőgy-bimbó helyeződés (8)	Tőgy-bimbó hossz (9)
9 (n=48)	4,51	4,02	4,96	4,13	5,91	5,55	2,77	4,30
SD	±2,00	±1,91	±1,81	±2,45	±1,64	±2,92	±1,58	±1,30
18 (n=16)	6,36	5,00	5,21	3,64	6,00	5,36	2,07	4,29
SD	±1,95	±2,35	±1,48	±2,41	±1,41	±2,31	±1,00	±1,38
P	**	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS

** = p<0,01; NS = nincs szignifikáns különbség (10)

Table 3: Evaluation of udder and teat parameters of primiparous Lacaune ewes by breeding time months (1); udder depth (2); fore udder attachment (3); udder shape (4); udder cleft (5); udder attachment (6); udder floor (7); teat placement (8); teat length (9); not significant difference (10)

4. táblázat:

A tőgy- és tőgybimbó tulajdonságok alakulása a báránynyelés időtartama szerint

Báránynyelési időszak (1)	Tőgy-mélység (4)	Elülős illesztés (5)	Tőgyalak (6)	Tőgy függesztés (7)	Tőgyalap illesztés (8)	Tőgy szimmetria (9)	Tőgybimbó helyeződés (10)	Tőgybimbó hossz (11)
Rövid (2) (n=34)	4,36	4,12	5,30	4,85	6,06	5,88	2,82	4,18
SD	±1,93	±1,87	±1,86	±2,53	±1,60	±2,69	±1,49	±1,04
Hosszú (3) (n=30)	5,57	4,39	4,68	3,04	5,79	5,07	2,36	4,43
SD	±2,08	±2,25	±1,52	±1,91	±1,57	±2,85	±1,47	±1,57
P	*	NS	NS	**	NS	NS	NS	NS

Rövid = átlagos választási idő: 45 nap (12); Hosszú = átlagos választási idő: 68 nap (13); * = p<0,05; ** = p<0,01; NS = nincs szignifikáns különbség (14)

Table 4: Evaluation of udder and teat parameters of primiparous Lacaune ewes by length of lamb rearing period lamb rearing period (1); short (2); long (3); udder depth (4); fore udder attachment (5); udder shape (6); udder cleft (7); udder attachment (8); udder floor (9); teat placement (10); teat length (11); mean weaning time: 45 days (12); mean weaning time: 68 days (13); not significant difference (14)

két csoport között szignifikáns eltérés volt a tőgymélység és a tőgyfüggesztés tulajdonságok pontszáma között. Azok az anyajuhok, melyeknek rövidebb ideig szoptattak átlagosan 4,36 pontot kaptak a tőgymélységre, és 4,85-at a függesztésre. A hosszabb ideig szoptató anyajuhok a tőgymélységre nagyobb pontszámot kaptak, 5,57-et átlagosan, azaz a tőgyük mélyebb volt a másik csoporthoz képest. Valamint a tőgy függesztésére adott pontszámuk is kisebb volt, 3,04 pont, azaz ezek az anyajuhoknak a tőgyében lévő függesztőszalag nem volt annyira feszes, kevésbé látszott.

Az anyajuhok tőgytulajdonságainak a választott bárányok száma szerinti alakulását az 5. táblázat foglalja össze. A választott bárányok száma jelentős hatást gyakorolt az anyák tőgytulajdonságainak alakulására. A választott bárányok száma alapján a csoportok között szignifikáns eltérés volt a tőgymélység, a tőgyfüggesztés, a tőgyszimmetria, és a tőgybimbó hossza között. Szignifikáns eltérés volt kimutatható a tőgymélység tekintetében a nulladik és második csoport között. Míg az első csoportba tartozó anyák átlagosan 4,13 pontot kaptak erre a tulajdonságra, addig a harmadik csoport anyái 6,47 pontot kaptak. A tőgyfüggesztés pontszáma között is jelentős volt az eltérés, az első csoport anyái átlagosan 6,29 pontot kaptak, a harmadik csoportba tartozók csak 3,17 pontot. Tőgyszimmetriát tekintve az első csoport 5,71 átlagpontszáma és a második csoport 5,96 átlagpontszáma között mutattunk ki szignifikáns eltérést. Az első és a harmadik csoport között a tőgybimbó hosszban is kimutatható volt jelentős különbség. Az első csoport anyajuhai erre a tulajdonságra átlagosan 3,5 pontot kaptak, míg a harmadik csoportba tartozó egyedek pedig 5,43 pontot. A tőgymélységre a két utódot nevelő anyajuhok több pontot kaptak, azaz a tőgyük mélyebben lelógott, mint azok az anyajuhok, melyeknek az utódja elhullott a nevelési időszak alatt. A tőgy függesztése esetén is kedvezőtlenebb pontot kaptak a kétbárányos anyajuhok, az első csoportba sorolt anyajuhokhoz képest. A tőgybimbó hossza szignifikánsan nagyobb volt a második csoportban, az első csoporthoz képest. A tőgy szimmetriáját tekintve is szignifikáns eltérést találtunk a különböző csoportok között. Az eredményeinkhez hasonlólt talált több szerző is, vagyis kettő (vagy több) bárány nevelése esetén az anyajuhok tőgytulajdonságai kedvezőtlenebbek (pl. mélyebb tőgymélység, kedvezőtlenebb tőgybimbó helyeződés), mint az egy bárányt nevelő társaiknak (*Horstick és Distl, 2002; Fahr és mtsai, 2004; Iñiquez és mtsai, 2009; Prpic és mtsai, 2013*).

4. Következtetések

A telepen lévő anyajuhok tőgytulajdonságainak javítására jelentős szelekciót kell végezni, különösen az elülső tőgyillesztésre, a tőgyfüggesztésre és a tőgybimbó helyeződésre.

Azon anyajuhoknak volt a legkedvezőbb tőgytulajdonságai, amelyek alapvetően rövidebb ideig szoptatták az utódjaikat. Ha az állat rövidebb ideig szoptatott, előnyösebbek a tőgytulajdonságai, és ez kedvezően befolyásolhatja a választás utáni tejtermelését.

5. táblázat

A tőgy- és tőgybimbó tulajdonságok alakulása a választott bárányok száma szerint

Választott bárányok száma (1)	Tőgy-mélység (2)	Elülso illesztés (3)	Tőgyalak (4)	Tőgy függesztés (5)	Tőgyalap illesztés (6)	Tőgy szimmetria (7)	Tőgybimbó helyeződés (8)	Tőgybimbó hossz (9)
0 (n=9)	4,13 ^a	3,71	5,29	6,29 ^b	4,86	5,71 ^a	3,29	3,50 ^b
SD	±1,46	±2,14	±1,38	±2,14	±1,57	±2,75	±1,98	±1,40
1 (n=47)	4,74	4,41	5,24	3,93	6,20	5,96 ^b	2,57	4,33
SD	±2,13	±2,01	±1,69	±2,27	±1,47	±2,61	±1,44	±1,19
2 (n=8)	6,47 ^b	4,50	4,00	3,17 ^a	5,50	2,50	2,50	5,43 ^b
SD	±1,47	±2,07	±1,67	±2,64	±2,07	±1,87	±1,38	±1,63
P	*	NS	NS	*	NS	*	NS	*

ab = eltérő betűk szignifikáns különbséget jelölnek (p<0,05) (10); * = p<0,05, NS= nincs szignifikáns különbség (11)

Table 5. Evaluation of udder and teat parameters of primiparous Lacaune ewes by number of weaned lambs

number of weaned lambs (1); udder depth (2); fore udder attachment (3); udder shape (4); udder cleft (5); udder attachment (6); udder floor (7); teat placement (8); teat length (9); ab = p<0.05 - different letters in a row mean significant differences (10); not significant difference (11)

5. Köszönetnyilvánítás

Köszönjük a mórchidai tenyészet dolgozóinak a vizsgálatunkhoz nyújtott segítségüket.

6. Felhasznált irodalom

- Brem G.* (2003): A gazdasági állatok küllemi bírálata, Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- Bruckmaier, R. M. – Paul, G. – Mayer, H. – Schams, D.* (1997): Machine milking of Ostfriesian and Lacaune dairy sheep: Udder anatomy, milk ejection and milking characteristics. *J. Dairy Res.*, 64. 163–172.
- Casu S. – Pernazza, I. – Carta A.* (2006): Feasibility of a linear scoring method of udder morphology for the selection scheme of Sardinian sheep. *J. Dairy Sci.*, 89. 2200–2209. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72290-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72290-1)
- Crump, R. E. – Cooper, S. – Smith, E. M. – Grant, C. – Green, L. E.* (2019): Heritability of phenotypic udder traits to improve resilience to mastitis in Texel ewes. *Animal*, 13. 1570–1575. <https://doi.org/10.1017/S1751731118002951>
- De la Fuente, L. F. – Fernández, G. – San Primitivo, F.* (1996): A linear evaluation system for udder traits of dairy ewes. *Liv. Prod. Sci.*, 45. 171–178. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(96\)00003-6](https://doi.org/10.1016/0301-6226(96)00003-6)
- Eurosheep* (2018): Udder morphology, Posted by NF-UK | Oct 29, 2018 | Dairy, Factsheets, Improve flock management, Improve Health, Meat, Reduce lamb mortality, Spain, United Kingdom. <https://eurosheep.network/udder-morphology/>
- Fahr, R. D. – Schulz, J. – Süß, R. – Al-Hamoud, A. R.* (2004): Physical examination of the mammary gland and milk indicators of udder health in East Friesian milk sheep. *Tierarztl. Prax.*, 32. 133–139.
- FAO* (2024): Food and Agriculture Organisation of the United Nations. <https://www.fao.org/faostat/en/#home> (utolsó letöltés: 2024. 03. 06.)
- Gáspárdy A. – Simon Cs. – Andrásófszky E. – Sáfár L. – Kósa E.* (2016): Az őshonos cigája tejelékenységének történeti összehasonlító értékelése. *Állatteny. Tak.*, 65. 24–36.
- Gulyás L. – Gergátz E. – Mihályfi S. – Németh A. – Nagy Zs.* (2008): A hazai juhtenyésztés versenyképességének javítása lacaune fajta felhasználásával. A juhtenyésztés jelene és jövője az EU-ban. In.: *Kukovics S. és Jávora A.* (szerk.) Magyar Juhtejgazdasági Egyesület (Herceghalom) és Debreceni Egyetem Agrár és Műszaki Tudományok Centruma (Debrecen) 193–218.
- Horstick, A. – Distl, O.* (2002): Influence of systematic environmental and genetic effects on udder traits in East Friesian and black-brown milk sheep. *Tierarztl. Prax.*, 30. 315–322.
- Iñiguez, L. – Hilali, M. – Thomas, D. L. – Jesry, G.* (2009): Udder measurements and milk production in two Awassi sheep genotypes and their crosses. *J. Dairy Sci.*, 92. 4613–4620. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1950>
- Jávora A.* (1994): A tejelő keresztezett juhok legeltetése. *Természetes Állattartás*, 4. 13–47.
- Jávora A.* (2005): A magyar juhtenyésztés „zászlóshajói” (VI.). *Magyar Mezőgazdaság Melléklete, Magyar Juhtenyésztés és Kecsketenyésztés*. 14. 9. 2–5.
- Juh Teljesítményvizsgálati Kódex* (9. kiadás) (2013): https://portal.nebih.gov.hu/documents/10182/43858/JUH_TELJESITMENYVIZSGALATI_KODEX_2013.pdf/db820d53-01f6-43d6-bf91-140a8a73d72f (utolsó letöltés: 2024. 04. 05.)
- Juozaitiene, V. – Juozaitis, A. – Micikeviciene, R.* (2006): Relationship between somatic cell count and milk production or morphological traits of udder in black-and-white cows. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, 30. 47–51.
- Kapusi, V. B. – Gulyás, L. – Gergátz, E. – Póti, P. – Tóth, G. – Pajor, F.* (2015): Egyes tőgytulajdonságok vizsgálata hazai lacaune juhállományokban. *AWETH*, 11. 53–58. <https://doi.org/10.17205/SZIE.AWETH.2015.1.53>
- Kukovics S.* (1990): A juhtej minőségét befolyásoló beltartalmi értékek alakulása a mennyiség függvényében. *Tejipar*, 40. 54–55.

- Kukovics S. – Nagy A. – Molnár A. – Ábrahám M. (1993): A tőgytípusok és a relatív tőgyméret, valamint ezek összefüggése a tejtermeléssel, illetve ezen tulajdonságok változása az egymást követő laktációkban. *Állatteny. Tak.*, 42. 2. 17–29.
- Kukovics S. – Nagy Z. (2000): A juhtej, nem mint melléktermék. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 49. 1. 51–61.
- Kukovics S. – Soós F. (1999): Juhtejtermelés technológiája - fejés, fejhetőség, tőgytulajdonságok, elapasztás. *Állattenyésztési és Takarmányozási Kutatóintézet kiadványa, Herceghalom.*
- Labussiere, J. (1988): Review of the physiological and anatomical factors influencing the milking ability of ewes and the organization of milking. *Liv. Prod. Sci.*, 18, 253–274.
- Makoviczky, P. A. – Nagy, M. – Makoviczky, P. E. (2013): Comparison of external udder measurements of the sheep breeds Improved Valachian, Tsigai, Lacaune and their crosses. *Chil. J. Agr. Res.*, 73. 366–371. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392013000400006>
- Makoviczky, P. A. – Nagy, M. – Makoviczky, P. E. (2014): The comparison of ewe udder morphology traits of Improved Valachian, Tsigai, Lacaune breeds and their crosses. *Mljekarstvo*, 64. 86–93.
- Margatho, G. – Quintas, H. – Rodriguez-Estévez, V. – Simões, J. (2020): Udder morphometry and its relationship with intramammary infections and somatic cell count in Serrana goats. *Animals*, 10. 1534. <https://doi.org/10.3390/ani10091534>
- McLaren, A. – Kaseja, K. – Yates, J. – Mucha, S. – Lambe, N. R. – Conington, J. (2018): New mastitis phenotypes suitable for genomic selection in meat sheep and their genetic relationships with udder conformation and lamb live weights. *Animal*, 12. 2470–2479. <https://doi.org/10.1017/S1751731118000393>
- Meyer, K. – Brotherstone, S. – Hill, W. G. – Edwards, M. R. (1987): Inheritance of linear type traits in dairy cattle and correlations with milk production. *Anim. Prod.*, 44. 1–10. <https://doi.org/10.1017/S0003356100028014>
- Nagy Zs. – Toldi Gy. – Sáfár L. – Kukovics S. (2008): A tejelő cigája versenyképessége hazai tejtermelési és vágóbárány-előállítási feltételek között. *Állatteny. Tak.*, 57. 339–356.
- Prpić, Z. – Mioč, B. – Vnučec, I. – Držaić, V. – Pavić, V. (2013): Nongenetic factors of udder morphology traits in Istrian ewes. *Mljekarstvo*, 63. 72–80.
- Sagi, R. – Morag, M. (1974): Udder conformation, milk yield and milk fractioning in dairy ewe. *Ann. Zootech.*, 23. 185–192. <https://doi.org/10.1051/animres:19740207>
- Schaeffer, G. B. – Vinson, W. E. – Person, R. E. – Long, R. G. (1985): Genetic and phenotypic relationships among type traits linearly scored in Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 68. 2987–2988. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(85\)81193-0](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(85)81193-0)
- Smith, E. G. – Hine, B. C. – Acton, G. A. – Bell, A. M. – Doyle, E. K. – Smith, J. L. (2023): Ewe udder and teat traits as potential selection criteria for improvement of Merio lamb survival and growth. *Small Rum. Res.*, 225. 107019. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2023.107019>
- Visscher, P. M. – Goddard, M. E. (1995): Genetic parameters for milk yield, survival, workability and type traits for Australian dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 78. 205–220. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(95\)76630-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(95)76630-9)

Érkezett: 2024. március

Szerzők címe: Márta, K. – Molnár, Á. – Bodnár, Á. – Póti, P. – Pajor, F.*

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Állattenyésztési Tudományok Intézet
Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Institute of Animal Sciences
H-2100 Gödöllő, Páter Károly utca 1.

*levelező szerző, e-mail: pajor.ferenc@uni-mate.hu

Gulyás, L.

Széchenyi István Egyetem Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar
Albert Kázmér Faculty of Agricultural and Food Sciences of Széchenyi István
University in Mosonmagyaróvár
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Néhány miosztatin mutáció előfordulása és kapcsolata bizonyos hústermelési tulajdonságokkal hazai charolais húsmarha állományokban

Occurrence of some myostatin (MSTN) mutations and their effect on some beef related traits in Charolais cattle

BENE Szabolcs – CSÜRHÉS Tamás – HOLLÓ Gabriella – MIKÓ Edit – TÖRÖK Márton – POLGÁR J. Péter – SZABÓ Ferenc

ÖSSZEFOGLALÁS

A vizsgálat során öt miosztatin gén mutáció (*F94L*, *Q204X*, *nt267*, *nt324* és *nt414*) előfordulását és a születési súllyal, az ellési nehézséggel, a 205-napos választási súllyal és a hústermelésre utaló küllemi tulajdonságokkal való kapcsolatát értékeltük a Magyar Charolais Tenyésztők Egyesületének adatbázisán, választott borjakon. Az értékeléshez többtényezős variancia analízist és lineáris regressziós modellt használtunk. A *Q204X* változatot heterozigóta formában hordozó borjak 0,14-el ($p < 0,05$) nagyobb pontszámot értek a hát izmoltságában, a hát szélességben, a comb kerekességben, 1,2%-kal jobb eredményt mutattak az általános izmoltsági pontszámában, továbbá a választási súlyuk 8,56 kg-mal több volt, mint a nem hordozó egyedeké. Az *F94L* változatot hordozó egyedek választási súlya 4,08 kg-mal nagyobb volt, de a különbség nem mutatkozott szignifikánsnak. A többi változat esetében nem volt számottevő különbség.

Kulcsszavak: charolais, miosztatin, ellés lefolyás, választási súly, izmoltság, trend

SUMMARY

Objective: This study is aimed to investigate the occurrence of some myostatin mutations such as *F94L* and *Q204X* and others (*nt267*, *nt324* and *nt414*) on birth weight (SZS), calving ease (ELP), 205-day weaning weight (KVS) and muscle score of some body parts - shoulder (VIZ), back (HSZ), thigh (CKE) and loin (FSZT, IVA) - and overall muscularity (ÖIF) showing muscle development and trend of these traits in the Charolais beef cattle population in Hungary.

Methods: The molecular genetic information of the 2046 weaned calves (born between 2015 and 2021) was determined with the Weatherbys Scientific Bovine VersaSNP 50K chip. Multi-trait analysis of variance (GLM) and weighted linear regression analysis were used to process the data. Among the nine evaluated traits, Pearson's phenotypic correlation values (r) were also determined.

Results: Calves carrying the *Q204X* variant in heterozygous form achieved approximately 0.14 points higher HSZ, CKE and IVA and 1.2% higher ÖIF and gained 8.56 kg more KVS than their counter 1.2% parts not carrying the allele ($p < 0.05$). As for the *F94L* variant, there was a difference of 4.08 kg in KVS of the heterozygous animals, but this difference could not be proved statistically. The other mutations had no significant effect on the evaluated traits.

Conclusions: Since *Q204X* had appreciable effect on calving, weaning and muscularity-related traits, it is advisable to pay attention to this allele in the breeding strategy. By increasing the proportion of carriers in the population the abovementioned traits of Charolais population could be modified.

Keywords: Charolais, myostatin, calving ease, weaning weight, muscularity, trend

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A hústermelő állatok, így a vágómarhák váróértékét és húsminőségét legmegbízhatóbban vágásuk után értékelhetjük. A gyakorlatban azonban kereskedelmi és tenyésztési szempontok miatt gyakran vagyunk kénytelenek a vágóértéket és a húsminőséget élő állaton becsülni. A becslés az állat szemrevételezésével, különböző nem invazív mérésekkel, vagy molekuláris genetikai vizsgálatokkal (stb.) lehetséges.

Számos kutatási eredmény támasztja alá, hogy a vágómarha életkora, ivara, tápláltsági állapota, kondíciója, külleme, izmoltsága megbízható információt ad annak a tényleges értékéről (*Cunningham és mtsai, 2005*). Az említettek nagy része viszonylag egyszerűen, pontozással minősíthető. Ugyanakkor különböző vizsgálatok számos nagyhatású gént, génmutációt találtak, amelyek hatással vannak a vágóértékre és a húsminőségre (*Georges és mtsai, 1998; Stinckens és mtsai, 2008*). Az ilyen gének, DNS szakaszok, pontmutációk (stb.) viszonylag könnyen vizsgálhatók élőállatokból vett szövetmintákból (szőr, vér, fülporc stb.). Az említett molekuláris genetikai vizsgálatok óriási előnye, hogy az állat fiatal korában elvégezhető, aminek tenyésztési szempontból különös jelentősége van.

A fentiek alapján a vágóérték és a húsminőség fontos indikátora lehet a *miosztatin* gén, amely a vázizomzat növekedését szabályozza (*Mirhoseini és Zare, 2012; Elkina és mtsai, 2015*). *Sellick és mtsai (2007)* különböző miosztatin mutációkat vizsgálva azt tapasztalták, hogy az *F94L* változatot hordozó állatok izmoltsága kedvezőbb volt, mint a nem hordozóké. *Wiener és mtsai, (2009)* south devon marhákkal végzett vizsgálata során a *myostatin 11-bp deletion (MH)* több, hústermeléssel kapcsolatos tulajdonságot befolyásolt. *Allais és mtsai (2013)* azt tapasztalták, hogy a *Q204X*, vagy az *nt821* mutációt hordozó charolais és limousin fajtájú vágómarhák hasított test tulajdonságai jobbak voltak, mint a nem hordozó egyedeké. *Hales és mtsai (2020)* arról számoltak be, hogy az *F94L* mutációt homozigóta formában hordozó limousin üszők súlygyarapodása kedvezőbb volt, mint a nem hordozóké. *Ceccobelli és mtsai, (2022)* szerint a miosztatin mutációt heterozigóta formában hordozó marchigiana bikák vágott test tulajdonságai valamivel kedvezőbbek voltak, mint a homozigótáké, bár a különbség nem minden esetben volt szignifikáns.

A trémakörrel kapcsolatos releváns irodalmi forrásmunkákból megállapítható, hogy a miosztatin hatását elsősorban a túlizmolt szarvasmarhákon vizsgálták (*Grobet és mtsai, 1997; Casas és mtsai, 1999*). E tekintetben viszonylag kevés információval rendelkezünk a charolais fajáról. Előzetes adatok (*Short és mtsai, 2002; Mosher és mtsai, 2007; Tozaki és mtsai, 2010*) alapján úgy tűnik, hogy a miosztatin mutációt hordozó és nem hordozó egyedek fenotípusos teljesítményében szignifikáns különbség lehet (*Lines és mtsai, 2009*).

A fentiekből kiindulva vizsgálatunk célja az volt, hogy értékeljük különböző miosztatin mutációk (*F94L, Q204X, nt267, nt324 és nt414*) előfordulását és hatását a borjak születési súlyára, 205-napos választási súlyára, az ellési lefolyására, valamint a választott borjak különböző testtájainak (váll, hát, comb, ágyék) izmoltságára hazai charolais állományokban.

2. Anyag és módszer

2.1. Az adatbázis

A munka során feldolgozott adatok a Magyar Charolais Tenyésztők Egyesületének törzskönyvi adatbázisából kerültek gyűjtésre. A rendelkezésre álló kiindulási adatbázis 2046 választott borjú származási, választási, küllemi és molekuláris genetikai adatait tartalmazta. Az értékelésbe vont borjak közül 688 bika és 1358 pedig üsző volt, és 2015-2021 között születtek.

2.2. A vizsgált tulajdonságok

Valamennyi borjú esetén rendelkezésre állt a születési súly (SZS), a 205 napra korrigált választási súly (KVS), az ellés lefolyási pontszám (ELP), valamint a választáskor elvégzett küllemi bírálat 18 tulajdonságra kiterjedő pontozásos adatbázisa. Munkánk során ezek közül az izomfejléssel összefüggő küllemi tulajdonságokat értékeltük, melyek a következők voltak: vállizmoltság (VIZ), hátszélesség (HSZ), comb kerekedtség (CKE), farszélesség (FSZ), ill. izomvastagság az ágyékon (IVA). Az összesített izomfejléset (ÖIF) az alábbi képlet segítségével számítottuk ki:

$$\text{ÖIF} = (\text{VIZ} + \text{HSZ} + \text{CKE} + \text{FSZ} + 2 \times \text{IVA}) / 60$$

Az egyes küllemi paraméterek felvételének a módját, valamint a pontozás részletes szempontrendszerét a Magyar Charolais Tenyésztők Egyesületének a Küllemi Bírálata Szabályzata (*Domokos és Tózsér, 2004*) részletesen ismerteti, így azt itt nem részletezzük.

2.3. A rendelkezésre álló molekuláris genetikai információk

A vizsgálatba vont borjak genetikai információinak meghatározása *Weatherbys Scientific Bovine VersaSNP 50K* chip segítségével történt. A módszer leírását, valamint az eredmények értelmezésének lehetőségeit *Kusza és mtsai (2020)* részletesen ismertették.

A genetikai adatbázis 117 különböző allélra vonatkozóan tartalmazott információt. Munkánk során ezek közül a miosztatin fehérjét kódoló gén (GDF8 - *growth differentiation factor 8*) legjelentősebbnek vélt alléljait (*Q204X, F94L, nt267, nt324* és *nt414*) vizsgáltuk. A meglévő információk (*Dunner és mtsai, 2003; Esmailizadeh és mtsai, 2008; Aiello és mtsai, 2018*) alapján úgy tűnik, ezek jelentős hatással lehetnek az izomnövekedésre, így az izmoltság alakulására is.

Az adatbázisban minden esetben jelölve volt, hogy az egyedek az említett allélokot homozigóta, vagy heterozigóta formában hordozzák, illetve nem hordozzák. Ennek ivaronkénti eloszlását az *1. táblázatban* mutatjuk be.

2.4. A különböző tényezők hatásának vizsgálata

Az adatbázis kiértékelése előtt kiszámítottuk a vizsgált tulajdonságok alapstatisztikai paramétereit (átlag, szórás, cv%, stb.). Az adatok normál eloszlásának ellenőrzésére *Kolgomorov-Smirnov* tesztet, a variancia homogenitásának vizsgálatára *Levene* tesztet használtunk (*2. táblázat*).

Az adatbázis kiértékeléséhez többtényezős varianciaanalízist (*General Linear Model*) (Bene és mtsai, 2022) alkalmaztunk. A munka során a borjak születési éve és ivara, valamint a (fent említett) miosztatin allélok alapján meghatározott genotípus fix hatásként került be a modellbe (Lines és mtsai, 2009). A kilenc vizsgált tulajdonságot egymástól külön kezeltük, és mind a 9 esetben külön modellszámítást végeztünk. A felhasznált modellek általános alakja a következő volt:

$$\hat{y}_{hijklmn} = \mu + Y_h + S_i + F_j + Q_k + N_l + M_m + T_n + e_{hijklmn}$$

(ahol $\hat{y}_{hijklmn}$ = a választott borjú értékmérő tulajdonsága, mely „h” évben, „i” ivarban született, és „j” F94L, „k” Q204X, „l” nt267, „m” nt324 and „n” nt414 genotípusú volt; μ = az összes megfigyelés főátlaga; Y_h = a borjú születési évének hatása; S_i = a borjú ivarának a hatása; F_j = az F94L allél hatása; Q_k = a Q204X allél hatása; N_l = az nt324 allél hatása; M_m = az nt324 allél hatása; T_n = az nt414 allél hatása; $e_{hijklmn}$ = véletlen hiba).

1. táblázat

Miosztatin allélok előfordulása a vizsgált populációban

Miosztatin allél (1)	Genotípus (2)	Bika borjú (3)	Üsző borjú (4)	Összesen (5)
		Létszám (6)		
F94L	Nem hordozó (7)	651	1282	1933
	Heterozigóta (8)	37	76	113
	Homozigóta (9)	0	0	0
Q204X	Nem hordozó	606	1185	1791
	Heterozigóta	82	173	255
	Homozigóta	0	0	0
nt267	Nem hordozó	633	1318	1981
	Heterozigóta	25	40	65
	Homozigóta	0	0	0
nt324	Nem hordozó	547	1060	1607
	Heterozigóta	132	277	409
	Homozigóta	9	21	30
nt414	Nem hordozó	357	705	1062
	Heterozigóta	277	548	825
	Homozigóta	54	105	159
Összesen (5)		688	1358	2046

Table 1: Occurrence of myostatin alleles in the examined population

myostatin allele (1); genotype (2); male calves (3); female calves (4); total (5); number of animals (6); non carrier (7); heterozygous (8); homozygous (9)

2. táblázat

A vizsgált tulajdonságok alapstatisztikai mutatói (N = 2046)

Tulajdonság (1)	Átlag (2)	SD	CV%	Min	Max	Norm*	Hom [#]
SZS (kg)	43,63	5,99	13,74	21	70	0,07	0,11
ELP (pont) (14)	1,16	0,45	38,55	1	3	0,51	0,00
KVS (kg)	258,15	44,30	17,16	125	404	0,03	0,00
VIZ (pont)	5,54	1,10	19,91	2	9	0,18	0,06
HSZ (pont)	5,13	1,05	20,39	2	8	0,19	0,02
CKE (pont)	5,36	1,16	21,71	2	10	0,17	0,27
FSZ (pont)	5,35	1,12	21,01	2	9	0,18	0,33
IVA (pont)	5,26	1,07	20,45	2	9	0,18	0,13
ÖIF (átlag pont)	53,15	9,62	18,10	20	87	0,05	0,04

SZS = születési súly (3); ELP = ellés lefolyási pontszám (4); KVS = 205 napra korrigált választási súly (5); VIZ = vállizmoltság (6); HSZ = hátszélesség (7); CKE = comb kerekedettségg (8); FSZ = farszélesség (9), IVA = izomvastagság az ágyékon (10); ÖIF = összesített izomfejlettség (11); *normalitás vizsgálat: ha $p > 0,05$, a normál eloszlás igazolt (12); #homogenitás teszt: ha $p > 0,05$, a homogenitás igazolt (13)

Table 2. Basic statistics of the examined traits (number of animals for each trait 2046)

trait (1); mean (2); SZS = birth weight (3); ELP = calving ease (4); KVS = 205-day weaning weight (5); VIZ = muscle score of shoulder (6); HSZ = muscle score of back (7); CKE = muscle score of thigh (8); FSZ = roundness score of thigh (9); IVA = loin thickness score (10); ÖIF = overall muscle development point (11); *normality test: if $p > 0.05$, the normal distribution is confirmed (12); #homogeneity test: if $p > 0.05$, the homogeneity is confirmed (13); point (14)

2.5. A fenotípusos korrelációk és a fenotípusos trendek becslése

Az azonos évben született borjak mind a kilenc tulajdonságát külön-külön átlagoltuk. Súlyozott egytényezős lineáris regressziós analízist alkalmaztunk a fenotípusos trendek becslésére. A modellben a függő változó az értékelte tulajdonság volt, a borjak születési évét független változónak, az évi egyedszámot pedig súlynak tekintettük.

A kilenc értékelte tulajdonság között a *Pearson*-féle fenotípusos korrelációs értékeket (r) is meghatároztuk.

2.6. A felhasznált szoftverek

Az adatok előkészítését Microsoft Excel 2003 és Word 2003 programokkal végeztük. Az adatbázis kiértékelése az SPSS 27.0 (2020) statisztikai szoftver-csomagot használtuk.

3. Eredmények és értékelés

A vizsgált tényezők hatását az ellési, választási és izmoltsági tulajdonságokra a 3. táblázatban mutatjuk be.

3. táblázat

A vizsgált tényezők hatása az ellési, választási és izmoltsági tulajdonságokra

Tényező (1)	Tulajdonság (6)								
	SZS	ELP	KVS	VSZ	HSZ	CKE	FSZ	IVA	ÖIF
	p								
Borjú születési éve (2)	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01
Borjú ivara (3)	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01
F94L	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
Q204X	NS	NS	<0,01	NS	<0,05	<0,05	NS	<0,05	<0,05
nt267	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
nt324	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
nt414	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
Tényező	A vizsgált tényezők aránya a fenotípusban (%) (7)								
Borjú születési éve	8,53	19,19	3,84	1,95	1,26	1,52	6,63	2,44	1,97
Borjú ivara	90,37	62,27	87,90	96,18	96,74	94,43	92,32	95,53	96,49
F94L	0,24	1,39	0,68	0,12	0,39	0,01	0,21	0,50	0,24
Q204X	0,00	2,05	5,29	0,63	1,04	1,79	0,04	1,07	0,81
nt267	0,01	6,12	0,03	0,10	0,03	1,30	0,07	0,10	0,16
nt324	0,07	1,02	1,17	0,35	0,06	0,24	0,07	0,08	0,03
nt414	0,16	4,54	0,38	0,40	0,21	0,19	0,28	0,03	0,07
Hiba (4)	0,62	3,42	0,71	0,27	0,27	0,52	0,38	0,25	0,23
Összesen (5)	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00

SZS = születési súly (8); ELP = ellés lefolyási pontszám (9); KVS = 205 napra korrigált választási súly (10); VSZ = vállizmoltság (11); HSZ = hátszélesség (12); CKE = comb kerekedettsége (13); FSZ = farszélesség (14); IVA = izomvastagság az ágyékon (15); ÖIF = összesített izomfejlettség (16)

Table 3. Effect of the examined factors on the calving, weaning and the muscularity traits
 factors (1); birth year of calves (2); sex of calves (3); error (4); total (5); traits (6); the ratio of the examined factors in phenotype (7); SZS = birth weight (8); ELP = calving ease (9); KVS = 205-day weaning weight (10); VSZ = muscle score of shoulder (11); HSZ = muscle score of back (12); CKE = muscle score of thigh (13); FSZ = roundness score of thigh (14); IVA = loin thickness score (15); ÖIF = overall muscle development point (16)

A borjak ivarának hatása szignifikáns ($p < 0,01$) volt, és meghatározó szerepet (62,27-96,74%) játszott a fenotípus alakításában. A vizsgált tulajdonságokban ugyancsak szignifikáns ($p < 0,01$) különbség mutatkozott a borjak születési évjáratától függően. A különböző miosztatin mutációk közül a Q204X hatása volt statisztikailag igazolható ($p < 0,01$, ill. $p < 0,05$) a KVS, HSZ, CKE, IVA és ÖIF tulajdonságok alakulására. A többi miosztatin mutációnak nem volt statisztikailag kimutatható hatása a vizsgált tulajdonságokra. A munkánk során tapasztalt évjárat- és ivari különbségek a választási tulajdonságok esetén nagyon jól ismertek a szakirodalomban (Lee és mtsai, 1997; Teixeira és mtsai, 2018). Ezzel szemben

a charolais borjak izmoltsági paramétereinek ilyen jellegű értékelésére nem találtunk adatokat.

A vizsgált tulajdonságok átlagértékei (\pm SE) a következők voltak: SZS = $43,65 \pm 0,63$ kg; ELP = $1,12 \pm 0,05$ pont; KVS = $269,07 \pm 4,73$ kg; VÍZ = $5,90 \pm 0,11$ pont; HSZ = $5,39 \pm 0,11$ pont; CKE = $5,65 \pm 0,12$ pont; FSZ = $5,54 \pm 0,12$ pont; IVA = $5,52 \pm 0,11$ pont; ÖIF $55,86 \pm 0,96$ pont (4. és 5. táblázat).

A charolais borjak választási eredményére vonatkozó megállításaink hasonló számos publikációban közölt eredményhez (Dodenhoff és mtsai, 1999; Donoghue és Bertrand, 2003; Fördös és mtsai, 2010). Az ellés módjára vonatkozó vizsgálatunk során a hazai charolais állományban kevesebb nehéz ellést tapasztaltunk, mint amennyiről a vonatkozó irodalmi forrásmunkák (Phocas és mtsai, 1998; Erikson és mtsai, 2004) charolais fajta esetén beszámoltak.

A szakirodalomban meglehetősen kevés információt találtunk a charolais borjak izmoltságával kapcsolatos küllemi tulajdonságokról. Arango és mtsai (2002), valamint Vallée és mtsai (2013) közöltek ilyen jellegű adatokat fajtatizsra és keresztezett charolais állományokról, de az alkalmazott eltérő vizsgálati módszer miatt ezek nem hasonlíthatók össze a saját eredményeinkkel.

A KVS tekintetében a vizsgált populációban a Q204X változatot heterozigóta formában hordozó borjak 8,56 kg-mal nagyobb súlyt értek el, mint az allélt nem hordozó társaik. Az F94L mutáció esetében 4,08 kg volt a különbség a heterozigóta egyedek javára, de ez a különbség statisztikailag nem volt igazolható. Az nt324 és az nt414 változatokat homozigóta formában hordozó egyedek KVS-a jelentősen meghaladta (10,43 kg, ill. 2,92 kg) a nem hordozókat, azonban ezek a különbségek sem voltak szignifikánsak.

Az izmoltsági pontszámok tekintetében megállapítható volt, hogy a Q204X változatot heterozigóta formában hordozó borjak mintegy 0,14 ponttal nagyobb HSZ, CKE és IVA pontszámot, valamint 1,2%-kal nagyobb ÖIF értéket értek el, mint a nem hordozó társaik. Annak ellenére, hogy az F94L változatnak nem volt statisztikailag igazolható hatása az izmoltsági paraméterekre, szembeűnő volt, hogy a nem hordozó borjak szinte valamennyi izmoltsági pontszámában nagyobb értékeket mutattak, mint a heterozigóta hordozók. Az nt267, az nt324 és az nt414 mutációk esetén a heterozigóta, de még inkább a homozigóta hordozó borjak esetén az izmoltsági pontszám - ugyan nem szignifikáns mértékben, de - nagyobb volt, mint a nem hordozó egyedeké.

Eredményeinket számos korábbi megállapítás (Charlier és mtsai, 1995; Dunner és mtsai, 2003; Allais és mtsai, 2013) is alátámasztja, melyek szerint a Q204X mutáció statisztikailag igazolható volt a hústermeléssel kapcsolatos fontosabb tulajdonságokra. Azonban vizsgálati eredményünktől eltérően néhány szerző (Lines és mtsai, 2009; Sellick és mtsai, 2007) az F94L változat hatását is szignifikánsnak találta több tulajdonság esetében. Az nt821 változat hatásáról túlizmolt állatokon végzett vizsgálatok eredményei alapján többen (Miranda és mtsai, 2002; Bellinge és mtsai, 2005; González-Berrios és mtsai, 2016), beszámoltak, bár ennek hatását charolais fajtában nem vizsgálták. Az nt267, nt324 és nt414 változatokat korábban vizsgálták (Dunner és mtsai, 2003), de ezeknek a fenotípusra gyakorolt hatásáról nem tettek említést.

Munkánk eredményei hasonlók Casas és mtsai (1999) megállapításaihoz, mely szerint a miosztatin mutációk heterozigóta formában kedvezően hathatnak

4. táblázat

Különböző tényezők hatása az ellési és választási tulajdonságokra

Tényező (1)	N	Ellési és választási tulajdonságok (10)		
		SZS (kg)	ELP (pont) (11)	KVS (kg)
Becsült főátlag (±SE) (2)	2046	43,65±0,63	1,12±0,05	269,07±4,73
		Eltérés a főátlagtól (12)		
Borjú születési éve (3)				
- 2015	195	-0,98	+0,16	-6,02
- 2016	51	-0,37	-0,10	-9,20
- 2017	139	-2,36	-0,02	-4,12
- 2018	296	+0,46	+0,00	-2,01
- 2019	540	-0,06	+0,04	+4,67
- 2020	597	+0,76	-0,02	+6,93
- 2021	228	+2,54	-0,05	+9,74
Borjú ivara (4)				
- bika (5)	688	+1,67	+0,05	+11,54
- üsző (6)	1358	-1,67	-0,05	-11,54
F94L				
- nem hordozó (7)	1933	+0,17	+0,01	-2,04
- heterozigóta (8)	113	-0,17	-0,01	+2,04
Q204X				
- nem hordozó	1791	-0,01	-0,01	-4,28
- heterozigóta	255	+0,01	+0,01	+4,28
nt267				
- nem hordozó	1981	-0,05	+0,04	-0,54
- heterozigóta	65	+0,05	-0,04	+0,54
nt324				
- nem hordozó	1607	+0,08	+0,00	-4,58
- heterozigóta	409	-0,07	-0,02	-1,27
- homozigóta (9)	30	+0,00	+0,02	+5,85
nt414				
- nem hordozó	1062	+0,13	+0,02	-0,67
- heterozigóta	825	+0,11	+0,02	-1,57
- homozigóta	159	-0,24	-0,04	+2,25

SZS = születési súly (13); ELP = ellés lefolyási pontszám (14); KVS = 205 napra korrigált választási súly (15)

Table 4. The effect of different factors on the calving and weaning traits

factor (1); adjusted overall mean (2); birth year of calves (3); sex of calves (4); male (5); female (6); non carrier (7); heterozygous (8); homozygous (9); calving and weaning traits (10); point (11); deviation from the overall mean (12); SZS = birth weight (13); ELP = calving ease (14); KVS = 205-day weaning weight (15)

5. táblázat

Különböző tényezők hatása az izmoltsági tulajdonságokra

Tényező (1)	N	Izmoltsági tulajdonságok (10)					
		VIZ	HSZ	CKE	FSZ	IVA	ÖIF
		pont (11)					
Becsült főátlag (\pm SE) (2)	2046	5,90 \pm 0,11	5,39 \pm 0,11	5,65 \pm 0,12	5,54 \pm 0,12	5,52 \pm 0,11	55,86 \pm 0,96
		Eltérés a főátlagtól (12)					
Borjú születési éve (3)							
- 2015	195	+0,13	+0,15	+0,04	-0,19	+0,12	+0,61
- 2016	51	+0,06	+0,14	-0,25	+0,00	+0,20	+0,57
- 2017	139	+0,19	+0,06	+0,06	+0,41	+0,07	+1,44
- 2018	296	+0,09	+0,01	+0,22	+0,36	+0,08	+1,40
- 2019	540	-0,02	-0,03	-0,04	+0,03	+0,03	+0,00
- 2020	597	-0,21	-0,18	-0,05	-0,24	-0,28	-2,06
- 2021	228	-0,24	-0,16	+0,02	-0,36	-0,22	-1,97
Borjú ivara (4)							
- bika (5)	688	+0,47	+0,44	+0,35	+0,41	+0,47	+4,34
- üsző (6)	1358	-0,47	-0,44	-0,35	-0,41	-0,47	-4,34
F94L							
- nem hordozó (7)	1933	+0,03	+0,06	-0,01	+0,04	+0,07	+0,43
- heterozigóta (8)	113	-0,03	-0,06	+0,01	-0,04	-0,07	-0,43
Q204X							
- nem hordozó	1791	-0,06	-0,07	-0,07	-0,01	-0,07	-0,60
- heterozigóta	255	+0,06	+0,07	+0,07	+0,01	+0,07	+0,60
nt267							
- nem hordozó	1981	-0,04	-0,02	-0,11	-0,03	-0,04	-0,46
- heterozigóta	65	+0,04	+0,02	+0,11	+0,03	+0,04	+0,46
nt324							
- nem hordozó	1607	-0,11	-0,04	+0,00	+0,02	+0,00	-0,23
- heterozigóta	409	-0,07	-0,01	-0,06	+0,05	-0,04	-0,29
- homozigóta (9)	30	+0,17	+0,05	+0,06	-0,06	+0,04	+0,52
nt414							
- nem hordozó	1062	-0,06	-0,03	-0,03	-0,05	+0,00	-0,27
- heterozigóta	825	+0,03	+0,03	-0,03	-0,01	-0,02	-0,01
- homozigóta	159	+0,03	+0,00	+0,05	+0,06	+0,01	+0,28

VIZ = vállizmoltság (13); HSZ = hátszélesség (14); CKE = comb kerekedettségek (15); FSZ = farszélesség (16); IVA = izomvastagság az ágyékon (17); ÖIF = összesített izomfejlettség (18)

Table 5. The effect of different factors on the muscularity traits

factor (1); adjusted overall mean (2); birth year of calves (3); sex of calves (4); male (5); female (6); non carrier (7); heterozygous (8); homozygous (9); calving and weaning traits (10); point (11); deviation from the overall mean (12); VIZ = muscle score of shoulder (13); HSZ = muscle score of back (14); CKE = muscle score of thigh (15); FSZ = roundness score of thigh (16); IVA = loin thickness score (17); ÖIF = overall muscle development point (18)

a választási tulajdonságokra. *Allais és mtsai* (2013) eredményeivel ellentétben a Q204X allél születési súlyra gyakorolt hatását a vizsgált charolais állományban nem tudtuk kimutatni. *Esmailizadeh és mtsai* (2008) eredményeihez hasonlóan az F94L allél hatását a születési és a választási tulajdonságokra nem találtuk szignifikánsnak.

Valamennyi tulajdonság esetén az egyes évjáratok között számottevő különbségeket tapasztaltunk. Ezt alátámasztották a fenotípusos trendszámítás (6. táblázat) eredményei is, mely szerint a vizsgált 9 tulajdonság közül 6 esetben statisztikailag megbízható ($p < 0,05$, ill. $p < 0,01$), meglehetősen jól illeszkedő ($R^2 = 0,57-0,93$) regressziós függvényeket kaptunk. A SZS és a KVS esetén az egyenesek meredeksége (b) pozitív irányú, míg a többi tulajdonság esetén negatív irányú volt. Itt megjegyezzük, hogy az izmoltsági paraméterek esetén az évenkénti csökkenés mértéke nagyon kicsi, jellemzően -0,05, ill. -0,07 pont/év volt.

A fenotípusos korrelációs értékek (7. táblázat) alapján megállapítható volt, hogy a borjzás és választási tulajdonságok sem egymással, sem az izmoltsági paraméterekkel nem mutattak szoros kapcsolatot ($r = 0,00-0,24$). Ezzel szemben az izmoltsági pontszámok között szoros ($r = 0,61-0,92$) és statisztikailag megbízható ($p < 0,01$) összefüggést találtunk. Eredményeinkhez hasonlóan a SZS, ELP és KVS tulajdonságok között az asturiana de los valles fajta esetén *Gutiérrez és mtsai* (2007), a nellore fajta esetén *Chud és mtsai* (2014) nem találtak szoros összefüggést.

6. táblázat

A vizsgált tulajdonságok fenotípusos trendje

Tulajdonság (1)	Meredekség (bX) (2)			Tengelymetszet (a) (3)			Illeszkedés (4)	
	b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
SZS (kg)	+0,54	0,20	<0,05	-1042,52	4407,67	<0,05	0,59	<0,05
ELP (pont) (14)	-0,01	0,02	NS	29,82	31,44	NS	0,14	NS
KVS (kg)	+3,18	0,44	<0,01	-6146,81	885,23	<0,01	0,91	<0,01
VIZ (pont)	-0,06	0,02	<0,05	134,90	38,18	<0,05	0,70	<0,05
HSZ (pont)	-0,06	0,01	<0,01	122,69	14,19	<0,01	0,93	<0,01
CKE (pont)	+0,01	0,03	NS	-16,01	59,19	NS	0,03	NS
FSZ (pont)	-0,05	0,06	NS	103,80	115,26	NS	0,13	NS
IVA (pont)	-0,07	0,02	<0,05	150,65	36,77	<0,01	0,76	<0,05
ÖIF (pont)	-0,51	0,20	<0,05	1077,82	401,49	<0,05	0,57	<0,05

SZS = születési súly (5); ELP = ellés lefolyási pontszám (6); KVS = 205 napra korrigált választási súly (7); VIZ = vállizmoltság (8); HSZ = hátszélesség (9); CKE = comb kerekedettsé (10); FSZ = farszélesség (11), IVA = izomvastagság az ágyékon (12); ÖIF = összesített izomfejlettség (13)

Table 6. The phenotypic trend of the estimated traits

traits (1); slope (2); intercept (3); fitting (4); SZS = birth weight (5); ELP = calving ease (6); KVS = 205-day weaning weight (7); VIZ = muscle score of shoulder (8); HSZ = muscle score of back (9); CKE = muscle score of thigh (10); FSZ = roundness score of thigh (11); IVA = loin thickness score (12); ÖIF = overall muscle development point (13); point (14)

7. táblázat

A vizsgált tulajdonságok közötti fenotípusos korrelációs értékek

r	ELP	KVS	VIZ	HSZ	CKE	FSZ	IVA	ÖIF
SZS	*0,13	*0,24	*0,13	*0,15	*0,08	*0,13	*0,13	*0,14
ELP		0,00	*0,09	*0,09	0,04	*0,08	*0,09	*0,09
KVS			*0,21	*0,20	*0,17	*0,24	*0,21	*0,24
VIZ				*0,86	*0,61	*0,68	*0,80	*0,90
HSZ					*0,63	*0,66	*0,82	*0,91
CKE						*0,67	*0,62	*0,79
FSZ							*0,65	*0,82
IVA								*0,92

$p < 0,05$; * $p < 0,01$; SZS = születési súly (1); ELP = ellés lefolyási pontszám (2); KVS = 205 napra korrigált választási súly (3); VIZ = vállizmoltság (4); HSZ = hátszélesség (5); CKE = comb kerekedettségg (6); FSZ = farszélesség (7), IVA = izomvastagság az ágyékon (8); ÖIF = összesített izomfejlettség (9)

Table 7. Phenotypic correlation values between the estimated traits

SZS = birth weight (1); ELP = calving ease (2); KVS = 205-day weaning weight (3); VIZ = muscle score of shoulder (4); HSZ = muscle score of back (5); CKE = muscle score of thigh (6); FSZ = roundness score of thigh (7); IVA = loin thickness score (8); ÖIF = overall muscle development point (9)

4. Következtetések javaslatok

A munkánk során vizsgált öt miosztatin változat közül egyértelműen a Q204X bizonyult legnagyobb hatásúnak az ellési, választási és izmoltsággal összefüggő tulajdonságokra. Az említett mutáció csak heterozigóta formában volt jelen az értékelt charolais populációban, így a meglévő szakirodalmi információknak megfelelően az ELP-ot és a SZS-t nem befolyásolta, de a KVS-ra egyértelműen kedvezően hatott. Szintén pozitív, bár jóval kisebb mértékű volt e változat hatása az izmoltsággal összefüggő tulajdonságokra. Ezért úgy gondoljuk, a nemesítő munka során célszerű lenne e mutációra figyelmet fordítani, a hordozók arányát generációról generációra növelni. Célszerű lenne jelen vizsgálatot időszakonként megismételni, mert szakirodalmi adatok alapján úgy tűnik, az allél homozigóta formában nehézellést okozhat.

Eredményeink alapján az F94L változat korábbi kutatásokban bemutatott kedvező hatása vizsgálatunkban nem volt kimutatható. Ennek egyik oka lehet, hogy az ezt hordozó egyedek aránya (kb. 5,5%) nagyon kicsi volt a vizsgált populációban. Másrészt, a hordozó egyedek jobb fenotípusos teljesítménye korábbi vizsgálatok alapján inkább a hizlalási és vágási tulajdonságokban volt kimutatható.

Az nt324 és az nt414 változatot hordozó egyedek aránya meglehetősen nagy volt (21,5%, ill. 48,1%) a vizsgált charolais populációban. A szakirodalomban ezek fenotípusos teljesítményére gyakorolt hatásáról nagyon kevés információt találtunk. Eredményeink alapján úgy tűnik, a homozigóta formában hordozó egyedek növekedési eréllyel összefüggő tulajdonságai jobbak lehetnek a nem hordozó egyedekénél.

6. Felhasznált irodalom

- Aiello, D. – Patel, K. – Lasagna, E. (2018): The Myostatin gene: an overview of mechanisms of action and its relevance to livestock animals. *Anim. Genet.*, 49. 505–519. <https://doi.org/10.1111/age.12696>
- Allais, S. – Levéziel, H. – Payet-Duprat, N. – Hocquette, J. F. – Lepetit, J. – Rousset, S. – Denoyelle, C. – Bernard-Capel, C. – Journaux, L. – Bonnot, A. – Renand, G. (2013): The two mutations, Q204X and nt821, of the myostatin gene affect carcass and meat quality in young heterozygous bulls of French beef breeds. *J. Anim. Sci.*, 88. 446–454. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2385>
- Arango, J. A. – Cundiff, L. V. – van Vleck, L. D. (2002): Breed comparisons of Angus, Charolais, Hereford, Jersey, Limousin, Simmental and South Devon for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. *J. Anim. Sci.*, 80. 3123–3132. <https://doi.org/10.2527/2002.80123123x>
- Bellinge, R. H. S. – Liberles, D. A. – Iaschi, S. P. A. – O'Brien, P. A. – Tay, G. K. (2005): Myostatin and its implications on animal breeding: a review. *Anim. Genet.*, 36. 1–6. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01229.x>
- Bene, Sz. – Polgár, J. P. – Szűcs, M. – Márton, J. – Szabó, E. – Szabó, F. (2022): Population genetic features of calving interval of the Limousin beef cattle breed in Hungary. *Acta Vet. Hung.*, 70. 113–120. <https://doi.org/10.1556/004.2022.00008>
- Casas, E. – Keele, J. W. – Fahrenkrug, S. C. – Smith, T. P. L. – Cundiff, L. V. – Stone, R. T. (1999): Quantitative analysis of birth, weaning, and yearling weights and calving difficulty in Piedmontese crossbreds segregating an inactive myostatin allele. *J. Anim. Sci.*, 77. 1686–1692. <https://doi.org/10.2527/1999.7771686x>
- Ceccobelli, S. – Perini, F. – Trombetta, M. F. – Tavoletti, S. – Lasagna, E. – Pasquini, M. (2022): Effect of myostatin gene mutation on slaughtering performance and meat quality in Marchigiana bulls. *Animals*, 12. 518. <https://doi.org/10.3390/ani12040518>
- Charlier, C. – Coppieters, W. – Farnir, F. – Grobet, L. – Leroy, P. L. – Michaux, C. – Mni, M. – Schwers, A. – Vanmanshoven, P. – Hanset, R. – Georges, M. (1995): The mh gene causing double-muscling in cattle maps to bovine Chromosome 2. *Mamm. Genom.*, 6. 788–792. <https://doi.org/10.1007/BF00539005>
- Chud, T. C. S. – Caetano, S. L. – Buzanskas, M. E. – Grossi, D. A. – Guidolin, D. G. F. – Nascimento, G. B. – Munari, D. P. (2014): Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Liv. Sci.*, 170. 16–21. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.09.024>
- Cunningham, M. – Latour, M. A. – Acker, D. (2005): *Animal science and industry*. 7th Edition. Pearson Prentice Hall, NJ, USA.
- Csürhész, T. – Szabó, F. – Holló, G. – Mikó, E. – Török, M. – Bene, Sz. (2023): Relationship between some myostatin variants and meat production related calving, weaning and muscularity traits in Charolais cattle. *Animals*, 13. 1895. <https://doi.org/10.3390/ani13121895>
- Dodenhoff, J. – van Vleck, L. D. – Gregory, K. E. (1999): Estimation of direct, maternal and grand maternal genetic effects for weaning weight in several breeds of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 77. 840–845. <https://doi.org/10.2527/1999.774840x>
- Domokos, Z. – Tózsér, J. (2004): Küllemi bírálati szabályzat. Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete. Miskolc, Hungary. 25–33.
- Donoghue, K. A. – Bertrand, J. K. (2004): Investigation of genotype by country interactions for growth traits for Charolais populations in Australia, Canada, New Zealand and USA. *Liv. Prod. Sci.*, 85. 129–137. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(03\)00133-7](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(03)00133-7)
- Dunner, S. – Miranda, M. E. – Amigues, Y. – Canón, J. – Georges, M. – Hanset, R. – Williams, J. – Ménissier, F. (2003): Haplotype diversity of the myostatin gene among beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 35. 103–118. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-35-1-103>
- Elkina, Y. – von Haehling, S. – Anker, S. D. – Springer, J. (2011): The role of myostatin in muscle wasting: an overview. *J. Cachexia Sarcopenia Muscle*, 2. 143–151. <https://doi.org/10.1007/s13539-011-0035-5>

- Eriksson, S. – Näsholm, A. – Johansson, K. – Philipsson, J. (2004): Genetic parameters for calving difficulty, stillbirth, and birth weight for Hereford and Charolais at first and later parities. *J. Anim. Sci.*, 82. 375–383. <https://doi.org/10.1093/ansci/82.2.375>
- Esmailzadeh, A. K. – Bottema, C. D. K. – Sellick, G. S. – Verbyla, A. P. – Morris, C. A. – Cullen, N. G. – Pitchford, W. S. (2008): Effects of the myostatin F94L substitution on beef traits. *J. Anim. Sci.*, 86. 1038–1046. <https://doi.org/10.2527/jas.2007-0589>
- Fördős, A. – Fürst-Waltl, B. – Baumung, R. – Bene, Sz. – Szabó, F. (2010): Estimation of genetic parameters for weaning traits in Austrian Charolais cattle fitting sire x year interaction as an additional random effect. *Züchtungskunde*, 82. 181–194.
- Georges, M. – Grobet, L. – Poncelet, D. – Royo, L. J. – Pirottin, D. – Brouwers, B. (1998): Positional candidate cloning of the bovine mh locus identifies an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. In: 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, 11-16 January, 1998. 26. 195–204.
- González-Berrios, C. L. – Rivera-Serrano, A. – Casas-Guérnica, A. – Sonstegard, T. – Pagán-Morales, M. (2016): Molecular breeding values distribution in slick male and female Senepol cattle differing in musculature. *J. Anim. Sci.*, 94. suppl5 152. <https://doi.org/10.2527/jam2016-0317>
- Grobet, L. – Poncelet, D. – Royo, L. J. – Brouwers, B. – Pirottin, D. – Michaux, C. – Ménissier, F. – Zanotti, M. – Dunner, S. – Georges, M. (1998): Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. *Mamm. Genom.*, 9. 210–213. <https://doi.org/10.1007/s003359900727>
- Gutiérrez, J. P. – Goyache, F. – Fernández, I. – Alvarez, I. – Royo, L. J. (2007): Genetic relationships among calving ease, calving interval, birth weight, and weaning weight in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. *J. Anim. Sci.*, 85. 69–75. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-168>
- Hales, K. E. – Tait, R. G. – Lindholm-Perry, A. K. – Freetly, H. C. – Brown-Brandl, T. M. – Bennett, G. L. (2020): Effects of the F94L Limousin associated myostatin gene marker on metabolic index in growing beef heifers. *Appl. Anim. Sci.*, 36. 851–856. <https://doi.org/10.15232/aas.2020-02046>
- IBM Corporation (2020): SPSS Statistics for Windows. Version 27.0. Armonk, NY, USA.
- Kusza, Sz. – Hegedűs, B. – Domokos, Z. (2020): Útmutató a Weatherbys Scientific Bovine VersaSNP 50K chip-en található génvariánsok értelmezéséhez. Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete, Miskolc, Hungary 32–39.
- Lee, C. – Van Tassel, C. P. – Pollak, E. J. (1997): Estimation of genetic variance and covariance components for weaning weight in Simmental cattle. *J. Anim. Sci.*, 75. 325–330. <https://doi.org/10.2527/1997.752325x>
- Lines, D. S. – Pitchford, W. S. – Kruk, Z. A. – Bottema, C. D. K. (2009): Limousin myostatin F94L variant affects semitendinosus tenderness. *Meat Sci.*, 81. 126–131. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2008.07.007>
- Miranda, M. E. – Amigues, Y. – Boscher, M. Y. – Ménissier, F. – Cortés, O. – Dunner, S. (2002): Simultaneous genotyping to detect myostatin gene polymorphism in beef cattle breeds. *J. Anim. Breed. Genet.*, 119. 361–366. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2002.00352.x>
- Mirhoseini, S. Z. – Zare, J. (2012): The role of myostatin on growth and carcass traits and its application in animal breeding. *Life Sci. J.*, 9. 2353–2357. <https://doi.org/10.7537/marslsj090312.340>
- Mosher, D. S. – Quignon, P. – Bustamante, C. D. – Sutter, N. B. – Mellersh, C. S. – Parker, H. G. – Ostrande, E. A. (2007): A mutation in the myostatin gene increases muscle mass and enhances racing performance in heterozygote dogs. *PLoS Genet.*, 3. e79. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0030079>
- Phocas, F. – Bloch, C. – Chapelle, P. – Bécherel, F. – Renand, G. – Ménissier, F. (1998): Developing a breeding objective for a French purebred beef cattle selection programme. *Liv. Prod. Sci.*, 57. 49–65. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(98\)00157-2](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(98)00157-2)
- Sellick, G. S. – Pitchford, W. S. – Morris, C. A. – Cullen, N. G. – Crawford, A. M. – Raadsma, H. W. – Bottema, C. D. K. (2007): Effect of myostatin F94L on carcass yield in cattle. *Anim. Genet.*, 38. 440–446. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01623.x>

- Short R. E. – MacNeil M. D. – Grosz M. D. – Gerrard D. E. – Grings E. E. (2002): Pleiotropic effects in Hereford, Limousin and Piedmontese F2 crossbred calves of genes controlling muscularity including the Piedmontese myostatin allele. *J. Anim. Sci.*, 80. 1–11. <https://doi.org/10.2527/2002.8011>
- Stinckens, A. – Luyten, T. – Bijttebier, J. – van den Maagdenberg, K. – Dieltiens, D. – Janssens, S. – Buys, N. (2008): Characterization of the complete porcine MSTN gene and expression levels in pig breeds differing in muscularity. *Anim. Genet.*, 39. 586–596. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2008.01774.x>
- Teixeira, B. B. M. – MacNeil, M. D. – da Costa, R. F. – Dionello, N. J. L. – Yokoo, M. J. – Cardoso, F. F. (2018) Genetic parameters and trends for traits of the Hereford and Braford breeds in Brazil. *Liv. Sci.*, 208. 60–66. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2017.12.008>
- Tozaki, T. – Miyake, T. – Kakoi, H. – Gawahara, H. – Sugita, S. – Hasegawa, T. – Ishida, N. – Hirota, K. – Nakano, Y. (2010): A genome-wide association study for racing performances in Thoroughbreds clarifies a candidate region near the MSTN gene. *Anim. Genet.*, 41. suppl2 28–35. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02095.x>
- Vallée, A. – van Arendonk, J. A. M. – Bovenhuis H. (2013): Genetic parameters for calving and conformation traits in Charolais x Montbéliard and Charolais x Holstein crossbred calves. *J. Anim. Sci.*, 91. 5582–5588. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6490>
- Wiener, P. – Woolliams, J. A. – Frank-Lawale, A. – Ryan, M. – Richardson, R. I. – Nute, G. R. – Wood, J. D. – Homer, D. – Williams, J. L. (2009): The effects of a mutation in the myostatin gene on meat and carcass quality. *Meat Sci.*, 83. 127–134. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2009.04.010>

Érkezett: 2024. január

Szerzők címe: Bene, Sz.* - Polgár, J. P.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus
Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Georgikon Campus
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
*levelező szerző, e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

Csürhész, T. - Török, M.
Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete
National Association of Hungarian Charolais Cattle Breeders
H-3525 Miskolc, Vologda utca 3.

Holló, G.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campus
Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus
H-7400 Kaposvár, Guba Sándor u. 40.

Mikó, E.
Szegedi Tudományegyetem Mezőgazdasági Kar
University of Szeged, Faculty of Agriculture
H-6800 Hódmezővásárhely, Andrásy út 15.

Szabó, F.
Széchenyi István Egyetem Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar
Albert Kázmér Faculty of Agricultural and Food Sciences of Széchenyi István
University in Mosonmagyaróvár
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

A 2023-BAN SIKERESEN MEGVÉDETT PHD DISSZERTÁCIÓK ÖSSZEFOGLALÓI - ELSŐ RÉSZ

(SUMMARIES OF PHD DISSERTATIONS IN THE YEAR OF 2023 - PART ONE)

A máriatövis takarmányozás-élettani és antimikrobiális hatásának vizsgálata pecsenyekacsákban

Investigation of physiological and antimicrobial effects of milk thistle in fattening ducks

BENCZE-NAGY Jennifer
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
(Hungarian University of Agriculture and Life Sciences)
Festetics Doktori Iskola
(Festetics Doctoral School)
Keszthely, 2023.
Témavezető (supervisor): PÁL László PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

Doktori munkám során három, egy in vitro és két in vivo kísérletben különböző máriatövis alapú kiegészítések hatásait vizsgáltam.

Az első kísérlet során a máriatövismag pogácsa kivonat és a máriatövismag olaj antibakteriális hatását vizsgáltam kacsák csipőbél tartalmából származó négy mikrobacsoportra agartenyésztéses módszer segítségével. Az Enterobacteriaceae családba tartozó Gram-negatív *coliform* (összes és fekális) és a Gram-pozitív *Enterococcus* fakultatív patogén törzsekre, valamint a *Lactobacillus* törzsekre nézve meghatároztam a máriatövis készítmények 0,5, illetve 1,5 g/100 ml tápközeg-koncentrációjának hatására kialakuló gátlási százalékot. A vizsgálat eredményeként azt tapasztaltam, hogy az alkalmazott kezelések mindegyike gyenge, nem szignifikáns gátló hatást fejtett ki a fakultatív patogén baktériumok szaporodására, melynek mértéke 12% alatt maradt. A vizsgált fakultatív patogének esetében a nagyobb koncentrációban alkalmazott kezelések magasabb gátlási értékeket eredményeztek. A bélflóra szempontjából rendkívül fontos *Lactobacillusok* szaporodására a máriatövis hatóanyagai szignifikáns negatív gátlást fejtettek ki, azaz kedvező hatást gyakoroltak ezen mikrobák szaporodására, amely hatás a máriatövismag pogácsa kivonat esetében csak a nagyobb, a máriatövismag olaj esetében mindkét (0,5 és 1,5 g/100 ml) koncentrációnál megmutatkozott. A kontroll csoporthoz viszonyítva e kísérleti kezelések esetében 16,7 és 20,4 % közötti reverz gátlási százalékot tapasztaltunk.

A második kísérletben a fehér magyar kacsák kísérleti takarmánykeverékei deoxinivalenol (4,9 mg/kg) és zearalenon (0,66 mg/kg) mikotoxinokkal szennye-

zett kukoricát tartalmaztak. A kontroll takarmánykeverék mellett további három kezelésben a takarmány máriatövismag (0,5%), máriatövismag pogácsa (0,5%) és a máriatövismag olaj (0,1%) kiegészítését alkalmaztam. A kísérleti takarmánykezelések nem eredményeztek elhullást, nem tapasztaltuk a mikotoxikózis klinikai tüneteit. A máriatövismag olaj kiegészítésű csoportban a hizlalás végén szignifikánsan alacsonyabb volt a kacsák testsúlya a kontroll állatokhoz képest. A kísérlet végére a máj, a lép és a Fabriciusféle tömlő relatív súlyát vizsgálva egyik kezelésnél sem tapasztaltam igazolható különbségeket a kontroll csoporthoz viszonyítva. A vérszérum vizsgált klinikai-kémiai paraméterei (AST, ALT, glükóz, koleszterin, triglicerid, kreatinin és húgysav) tekintetében – a kreatininkoncentrációt kivéve – nem mutattam ki szignifikáns különbségeket a kísérleti csoportok között. A mikotoxinok hatására jelentkező kórszövettani elváltozások a májban, a lépben és a Fabricius-féle tömlőben közepes-enyhe fokúak voltak a kontroll csoportban, míg a máriatövis kiegészítésben részesülő csoportokban az elváltozások súlyossága és az érintettség mértéke kisebb volt. A máriatövismag 103 olaj pozitív hatása a vakuoláris hepatocyta degenerációra meghaladta a máriatövismag pogácsa hatását a 14. napon, valamint a máriatövismag és a máriatövismag pogácsa hatását a 42. napon. Mindegyik kezelés egyformán hatékony volt a magános májsejtelhalás súlyosságának, a lymphoés histiocyták beszűrődésének csökkentésében a májban a 28. napon, továbbá a lymphocyta kiürülés megelőzésében a lépben és Fabricius-féle tömlőben a 14. napon.

Harmadik kísérletemben Cherry Valley SM3 hibrid hizlalása során a takarmány 2% máriatövismag olaj kiegészítésének hatását önállóan, illetve egy frukto-oligoszacharidokat, valamint háromféle baktériumtörzset (*Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*) tartalmazó szimbiotikum kiegészítéssel együtt teszteltem, 2% napraforgóolaj kiegészítésű kontroll mellett. A máriatövismag olaj a szimbiotikum nélkül és vele együtt alkalmazva nem befolyásolta a hizlalási jellemzőket (testsúly, súlygyarapodás, takarmányfelvétel, takarmányértékesítés) és a vágási mutatókat (mell, combok és máj relatív súlya). A máriatövismag olaj kezelés szignifikáns hatását szintén nem tudtam kimutatni a pankreatikus enzimek (α -amiláz, lipáz, tripszin) aktivitása, a vakbéltartalom rövid szénláncú zsírsavainak koncentrációja, az aminosavak látszólagos ileális emészthetősége és a máj antioxidáns rendszerének működését jellemző fontosabb paraméterek (GSH, GSHPx, MDA) tekintetében.

SUMMARY

In the frame of my PhD research work, one *in vitro* and two *in vivo* experiments have been carried out and the effects of different milk thistle-based supplements have been investigated.

In the first experiment, the antibacterial effect of milk thistle seed cake extract and milk thistle seed oil was investigated on four groups of microbes from the ileal contents of ducks using the agar culture method. The inhibition percentage of milk thistle preparations at concentrations of 0.5 and 1.5 g/100 ml of medium for Gram-negative *coliform* (total and faecal) and Gram-positive *Enterococcus* facultative pathogenic strains, as well as *Lactobacillus* strains, was determined. It was found that all of the applied treatments exerted a weak, non-significant inhibitory effect

on the growth of facultative pathogenic bacteria, where the inhibition rate remained below 12%. In the case of the examined facultative pathogens, the treatments applied at higher concentrations resulted in higher inhibition values. The active ingredients of milk thistle showed a significant negative inhibition, i.e. a favorable effect, on the growth of *Lactobacillus* bacteria, which highly preferable in the eubiotic intestinal microflora. This reverse inhibition percentage ranged between 16.7 and 20.4% compared to the control group and was only seen at the higher concentration of milk thistle seed cake extract, and at both (0.5 and 1.5 g/100 ml) concentrations of milk thistle oil.

In the second experiment, the experimental diets of Hungarian white ducks contained corn contaminated with the mycotoxins deoxynivalenol (4.9 mg/kg) and zearalenone (0.66 mg/kg). In addition to the control diet, three additional dietary treatments, milk thistle seed (0.5%), milk thistle seed cake (0.5%), and milk thistle seed oil (0.1%) supplementation were applied in the diets. The experimental diets did not result in mortality cases, and no clinical symptoms of mycotoxicosis were observed. At the end of fattening, the body weight of the ducks in the group supplemented with milk thistle seed oil was significantly lower compared to the control animals. By the end of the experiment, the relative weight of the liver, spleen, and the bursa of Fabricius did not show significant differences compared to the control group. As for the biochemical parameters of the blood serum (AST, ALT, glucose, cholesterol, triglyceride, creatinine, and uric acid) - with the exception of the creatinine concentration - no significant differences were detected between the experimental groups. The mycotoxin-induced histopathological changes in the liver, spleen, and bursa of Fabricius were moderate-mild in the control group, while the severity of the changes and the ratio of affected animals were lower in the groups receiving milk thistle supplementations. The positive effect of milk thistle seed oil on vacuolar hepatocyte degeneration exceeded the effect of milk thistle seed cake on day 14 and the effect of milk thistle seed and milk thistle seed cake on day 42. Each 105 treatment was equally effective in reducing the severity of solitary cell death, infiltration of lymphocytes and histiocytes in the liver on day 28, and in preventing the decrease of lymphocyte counts in the spleen and bursa of Fabricius on day 14.

In our third experiment, the effects of dietary supplementation of 2% milk thistle seed oil alone, and together with a symbiotic supplement containing fructooligosaccharides and three types of bacteria (*Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*), compared to a control diet supplemented with 2% sunflower oil, during the fattening of the Cherry Valley SM3 hybrid. The milk thistle seed oil applied with and without the symbiotic did not affect the production traits (body weight, body weight gain, feed intake, feed conversion ratio) and the carcass parameters (relative weight of breast, thighs and liver). There were no significant effects of milk thistle seed oil treatment on the activity of pancreatic enzymes (α -amylase, lipase, trypsin), the concentration of short-chain fatty acids in the caecum, the apparent ileal digestibility of amino acids and the most important parameters characterizing the antioxidant system of liver (GSH, GSHPx, MDA).

Forrás (source): <https://doktori.hu/index.php?menuid=193&lang=HU&vid=27348>

Az alpakák (*Vicugna pacos*) hasznosíthatóságának lehetőségei Magyarországon

Possibilities of utilization of the alpacas (*Vicugna pacos*) in Hungary

PRÁGAI Andrea

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
(Hungarian University of Agriculture and Life Sciences)
Állatbiotechnológiai és Állattudományi Doktori Iskola
(Doctoral School of Animal Biotechnology and Animal Science)
Gödöllő, 2023.

Témavezetők (supervisors): BODNÁR Ákos PhD és PAJOR Ferenc PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

A tevefélék a párosujjú patások rendjébe, azon belül a párnástalpúak alrendjébe tartoznak. A tevefélék családjába hét faj tartozik: a kétpúpú teve (baktrián), a dromedár, a vadteve, a guanakó, a vikunya, a láma és az alpaka. Az alpakák Dél-Amerikából, az Andok térségéből származnak. Korábban úgy gondolták, hogy a guanakótól származnak, de az újabb genetikai vizsgálatok során kiderült, hogy a vikunyától származik az alpaka. A tevefélék emésztőrendszere eltér a többi kérődző állatfajétól, így az alpaka az álkérődzők közé tartozik, mivel a gyomrok száma és szövettani szerkezete nem egyezik meg a kérődzők elő- és valódi gyomraival (bendő, recés, szájrétű és oltógyomor). Dél-Amerikában fogyasztják a húsát is, de a gyapjúja nagyobb jelentőségű. Az alpaka gyapjú nagyon erős és rugalmas, nem tartalmaz lanolint, ezért nem vált ki allergiás reakciót, alacsony nedvszívó képessége miatt pedig alig szívja be a levegő páratartalmát. Ezen felül jó a hőszigetelő képessége, továbbá kevésbé filcesedik, mint a juhgyapjú, és kevésbé éghető.

Célkitűzéseim között szerepelt, hogy értékeljem az alpakák hasznosíthatóságának lehetőségét Magyarországon. Célul tűztem ki egy hazai alpaka tenyészetben a kancák és csődörök testméreteinek felvételezését, nemzetközi adatokkal történő összevetését, továbbá egy hazai alpaka tenyészetben a kifejlett csődörök és kancák kondícióbírálatának az elvégzését. Céлом volt magyarországi alpaka tenyészetekben a belső élősködők kimutatása, tenyészetek parazitaferőzöttségi fokának megállapítása. Céлом volt megállapítani, hogy nyálmintákból meghatározható-e az állatok kortizol koncentrációja, továbbá céлом volt, hogy az alpakák gyapjúnyírása jelent-e stresszt az állatokra nézve, és ha igen, mekkora stresszel jár a nyírás. További céлом volt egy hazai alpaka tenyészetben az alpakák gyapjútulajdonságainak megállapítása és a gyapjúminták ásványianyag tartalmának meghatározása. Célul tűztem ki az alpaka kancák főcsteje összetételének meghatározását, valamint az alpakák szerveztrágya NPKtartalmának meghatározását és más kérődző fajokkal történő összevetését.

Az alpakák testméretét a jobaházi tenyészetben mértem meg. A vizsgálatban 5 csődör, 7 kanca és 2 fiatal (2 év alatti) huacaya típusú állat vett részt. Minden állat esetében a következő méretek felvétele történt meg: marmagasság, testhossz,

ferde törzshossz, mellkas mélység, mellkas szélesség, mellkas körméret, fejhossz, fejszélesség, lábszárhossz, lábszárkörméret. A testméret felvételezése során megállapítottam, a kancák szélesebb mellkassal, keskenyebb fejvel és vékonyabb lábszárral rendelkeznek összehasonlítva a csődörökkel. Továbbá az európai (lengyel, orosz és olasz) alpaka állományok testméretei hasonlóak az általam mért alpakákéhoz. A testméretek felvétele az egyik lehetőség lehet az alpaka állomány felmérésére, küllemének megítélésére. Segítségével kiszűrhetőek azok az állatok, amelyek nemkívánatos tulajdonságokkal rendelkeznek, például azon alpakák, amelyek láma jellegű mutatnak (a felnőtt alpakák átlagos marmagassága nem lehet 90 cm-nél nagyobb).

Az állatokon elvégzett kondícióbírálat során 6 alpakát vizsgáltam a Jobaházán található farmon, amelyből 2 kanca (Elegance és Melania) és 4 csődör (Flavour, Torro, Lubert, Mega) volt. A vizsgálatot 3 bíráló végezte. A bírálati szabályok megismerése után, külön-külön egymástól függetlenül bíráltunk 6 állatot. Megfigyeléses módszerrel vizsgáltuk a szegycsonti részt, valamint a lágyék tájékot. Tapintásos módszerrel vizsgáltuk a bordák utáni első ágyékcsigolyánál a csontvégek tapintatóságát, valamint értékeltük a horpaszt is. A kifejlett alpakák kondícióbírálata során az általunk mért alpakák kondíciója a nemzetközi ajánlásokat figyelembe véve megfelelőnek volt mondható. A tenyésztésbevitel előtt a megfelelő kondíció alapfeltétele az alpakák későbbi időszakban kívánatos, kedvező termelési mutatóinak eléréséhez. Ezért érdemes az alpakák kondíció bírálatát a tenyésztésbevitel előtt elvégezni, hogy kiküszöbölhessük az ebből adódó problémákat.

Vizsgálataim egyik fontos célja az volt, hogy megállapítsam a hazai alpaka állomány belső élősködőkkel való fertőzöttség mértékét. A parazitológiai vizsgálat során, 2014 tavaszán, Tatán 6 állattól (vegyes korú) csoportos, Mezőtúron 4 felnőtt kancától, Bábólnán 4 felnőtt kancától és 2 felnőtt csődörtől, Balassagyarmaton 2 felnőtt kancától, Jobaházán 8 felnőtt kancától és 4 felnőtt csődörtől, valamint Békéscsabán 4 felnőtt kancától vettem egyedi bélsármintákat. 2014 őszén Bábólnán a kancáktól és a csődöröktől ivar szerint csoportos mintákat vettem, ugyanakkor Békéscsabán a kancáktól, Jobaházán a csődöröktől és a kancáktól is egyedi bélsármintát vettem. Általánosságban elmondható, hogy a hazánkban található alpaka farmok kismértékben fertőzöttek férgekkel. A bélsár mintákban *Strongylida*-típusú peték, *Trichostrongylida* peték, *Nematodirus* peték fordultak elő. Ivar szerinti eloszlásban megfigyelhető, hogy a hímek és a nőtények egyaránt veszélyeztetettek. Azonban ezt az aktuális meteorológiai hatások és körülmények (pl. csapadékeloszlás, páratartalom, hőmérséklet) jelentős mértékben befolyásolhatják. Fontos tényező a legelők karbantartása (rendszeres legelő váltás), szarvasmarháktól és kiskérődzőktől történő elkülönítés, és az állatok (főként a más országból importált) férgtelenítése.

2014 és 2015 májusában történő nyírásakor különböző időpontokban nyálmintákat vettem az alpakáktól. A kortizol mérése radioimmunoassay (RIA) metodikával történt. A nyírás okozta stressz vizsgálata során a vizsgált állományban a kancák és a csődörök között jelentős eltérést nem tudtam kimutatni. Nyírás után 30 perccel mértem a legnagyobb kortizol koncentrációt, hasonlóan a korábbi vizsgálatokhoz, de ez a megnövekedett szint (3,63 nmol/l) sem jelez jelentős stresszhatást. A vizsgálatokból megállapítható, hogy az alpakák számára csupán kis mértékű stresszt jelent az évente egyszeri nyírás, megfelelő bánásmóddal pedig megelőzhető a felesleges stressz kialakulása az alpakákban.

A gyapjú vizsgálatához Jobaházán 12 kancától és 11 csődörtől egyedenként gyűjtöttem gyapjúmintát, majd a laboratóriumi vizsgálatra küldött minták eredményét (szálfinomság, szálhosszúság, 30 μm feletti szála aránya, szálgörbület) feldolgoztam. Vizsgálataim során azt találtam, hogy az alpakagyapjú szálfinomságát és szálgörbületét a meteorológiai tényezők (átlagos éves középhőmérséklet, átlagos éves csapadékmennyiség, átlagos relatív páratartalom, átlagos szélesebeség) közül szignifikáns mértékben az átlagos éves középhőmérséklet és az átlagos éves csapadékmennyiség befolyásolta. Az átlagos éves középhőmérséklet és az átlagos éves csapadékmennyiség növekedésével vastagodott a gyapjuszálak átmérője, és ezzel párhuzamosan csökkentek a szálgörbület értékei. A szálhosszúságra nem voltak jelentős hatással a meteorológiai tényezők. A vizsgálat eredményei alapján elmondható, hogy a kevésbé csapadékos, hűvös területek a legkedvezőbbek a vékonyszálú alpakagyapjú előállításához.

A gyapjúminták ásványianyag (Ca, Cu, Fe, Zn) tartalmának meghatározása céljából 2014. év májusában két alpaka farmról, 5-5 állattól vettem gyapjú mintát. Az alpakák közül 3 hím- és 7 nőivarú egyed volt, korukat tekintve felnőttek (3 évesek elmúltak). A két telep között nem tapasztaltam nagy eltéréseket a mért paraméterekben, az alpakák inkább egyedenként mutattak különböző eredményeket. A hazai mérési adatok hiánypótlóak, további vizsgálatokkal kiegészítve segíthetnek az alpakák egészségének megőrzésében, a jó minőségű gyapjú előállításban, az optimális takarmányozás kialakításában, mivel az ásványi anyagok felhalmozódnak a gyapjúban, ezáltal jelzik az állat tápláltsági és egészségi állapotát.

A főcstejmintákat a jobaházi huacaya farmon gyűjtöttem, a kancák első és második napi tejéből fejve. Az eredmények alapján elmondható, hogy a főcstej összetétele hazai körülmények között hasonló volt a külföldi mérésekhez, ugyanakkor az irodalmi adatokkal összevetve a főcstej összetétele területenként eltérő.

Az alpakák szervestrágya NPK tartalmának meghatározásához a mintákat olyan telepekről gyűjtöttem, ahol az állatlétszám 15-20 egyed volt. Évszakonként egy-egy mintát gyűjtöttem a jobaházi és békéscsabai alpaka farmon. Télen egy mintát gyűjtöttem még egy brno-i alpaka telepen. Vizsgálataim során megállapítottam, hogy az alpakák szervestrágyája jelentős NPK tartalommal rendelkezik. A szarvasmarha szervestrágyájához képest minden vizsgált elemből többet tartalmaz. A juh szervestrágyájával összehasonlítva N és P tekintetében az alpaka szervestrágyájában van több, míg a K-ból a juhé tartalmaz többet. Lámával összehasonlítva N-ből kevesebb, míg P-ből az alpaka szervestrágyájában van több. Az alpaka szervestrágyájában a nyári legeltetési időszakban mindhárom elemből nagyobb mennyiséget mértem a télihez képest. Azonban a foszfor esetében szignifikáns különbséget nem találtam a legeltetési és istállózott időszak között.

SUMMARY

Camelids are even-toed ungulates classified in the sub-order Tylopoda. The family of camels includes seven species: the two-humped camel (bactrian), the dromedary, the wild camel, the guanaco, the vicuña, the llama, and the alpaca. The alpacas are native to the Andean region of South America. They were previously thought to be derived from guanaco, but recent genetic studies have revealed that alpaca is derived from vicuña. The digestive system of camels differs from that of

other ruminant species, so the alpaca is one of the pseudo ruminants because the number and histological structure of the stomachs do not match the pre- and true stomachs of ruminants (rumen, reticulum, omasum, and abomasum). Alpaca meat is consumed in South America, but alpaca wool has higher importance in global market. Alpaca wool is very strong and flexible, it does not contain lanolin, and hardly absorbs air humidity. In addition, alpaca wool has good thermal insulation, is less felty than sheep wool, and is less combustible.

One of my goals was to evaluate the possibility of adaption and utilizing alpacas in Hungary. My goal was to record the body sizes of mares and stallions in a Hungarian alpaca farm, to compare them with international data, and to perform a condition judgement of adult stallions and mares in a Hungarian alpaca farm. Also, aim of the investigations was to detect gastrointestinal parasites in Hungarian alpaca farms and to determine the parasite infestation of the herds. My aim was to determine whether cortisol concentrations in animals could be determined from saliva samples, and whether the shearing of alpaca wool was stressful for the animals and, what is the level of shearing stress. My further goal was to determine the wool properties of alpacas in a Hungarian alpaca farm and to determine the mineral content of the wool samples. Other important goal of the studies was to determine the composition of the alpaca colostrum, as well as to determine the NPK content of alpaca manure and to compare them with other ruminant species.

The body size of the alpacas was measured on the farm at Jobaháza. The study involved 5 stallions, 7 mares and 2 young (less than 2 years old) huacaya animals. The following dimensions were recorded for each animal: height at withers, straight length of the body, oblique length of the body, chest depth, chest width, chest girth, head length, head width, leg length, leg girth. During the recording of the body size, I found that the height at the withers of the European (Polish, Russian and Italian) alpaca herds is similar to that of the alpacas I measured. Recording the body sizes could be a possible way to assess the alpaca population and its appearance. It can be used to select animals that have undesirable properties, such as alpacas that show llama characteristics (e.g., the average height at the withers of adult alpacas should not exceed 90 cm).

During the condition judgement performed on the animals, I examined 6 alpacas on the farm in Jobaháza, of which 2 mares (Elegance and Melania) and 4 stallions (Flavour, Torro, Lubert, Mega). Two university students also participated in the experiment to ensure the reliability of the investigation. After getting know the judging rules, we judged 6 animals separately. The sternum and the groin were examined by observation. The part behind the ribs, the front of the pelvis and the psoas was examined by tactile method. The condition of the adult alpacas we measured was adequate, taking into consider the international recommendations. Proper condition at start breeding is a prerequisite for achieving desirable production goals for alpacas. Therefore, it is worthwhile to evaluate the condition of the alpacas before breeding in order to eliminate the problems according to the poor condition.

One of the main goals of my investigations was to determine the infestation of endoparasites in the domestic alpaca population. During the parasitological examination in the spring of 2014, mixed faecal samples have been taken from 6 animals (different ages) in Tata, and individual faecal samples have been taken from 4 mares in Mezőtúr, from 4 adult mares and 2 adult stallions in Bábolna,

from 2 adult mares in Balassagyarmat, from 8 adult mares and 4 adult stallions in Jobaháza, and from 4 adult mares in Békéscsaba. In the autumn of 2014, mixed samples (by sexes) have been taken from mares and stallions in Bábolna, while individual faecal samples have been taken from mares in Békéscsaba and from stallions and mares in Jobaháza. In general, it can be stated that the alpaca farms in Hungary are slightly infected with worms. *Strongylida*-type eggs, *Trichostrongylida* eggs, and *Nematodirus* eggs have been found in the fecal samples. One can tell that the sex has no significant effect on the infections and males and females are at risk equally. However, endoparasitic infestations can be significantly affected by current meteorological effects and circumstances (e.g. precipitation distribution, etc.). Important factors are the followings: 1. cleanliness of pastures; 2. separate keeping from cattle and small ruminants; 3. and the dehelminthization of animals (mainly animals coming from other countries).

During shearing in May 2014 and 2015, I took saliva samples from alpacas at different times. Cortisol was measured by radioimmunoassay (RIA) method. During the examination of the stress caused by shearing, I could not detect a significant difference between the mares and the stallions of the herd. I measured the highest cortisol concentration 30 minutes after shearing, similarly to the previous studies, but this increased level (3.63 nmol/l) does not indicate a significant stress effect either. Results show that once-a-year shearing is only slightly stressful for alpacas, and that appropriate treatment can be used to prevent excess stress in the alpacas.

Wool samples from 12 mares and 11 stallions have been collected in Jobaháza to examine the wool parameters, and then the results of the samples sent for laboratory examination (fiber fineness, fiber length, fiber ratio above 30 μm , fiber curvature) have been evaluated. It was found that the fiber fineness and curvature of alpaca wool were significantly influenced by the average annual mean temperature and the average annual precipitation among the meteorological factors (average annual mean temperature, average annual precipitation, average relative humidity, average wind speed). As the average annual mean temperature and average annual precipitation increased, the diameter of the wool fibers thickened, and the values of fiber curvature decreased in parallel. Meteorological factors had no significant effect on fiber length. Based on the results it can be stated that the lower humidity and cooler circumstances are the most favorable for the production of fine alpaca wool.

In order to determine the mineral content of the wool samples (Ca, Cu, Fe, Zn), I took wool samples from 5-5 animals in two alpaca farms in May 2014 (3 males and 7 females, over 3 years old). I did not find significant differences in the measured parameters between the two herds, but the alpacas showed different results individually. The results fill the gaps in Hungary; supplemented with further studies, they can help to prevent the health problems of the alpacas, also to produce good quality wool, and to create optimal feeding system, as minerals accumulate in the wool, thus indicating the nutritional and health status of the animal.

Colostrum samples from the mares were collected at a huacaya farm in Jobaháza on the first and second days after parturition. Based on the results, one can tell that the composition of colostrum was similar to the measurements abroad, however, compared to the literature data, the proportion of milk protein was higher in the Hungarian samples.

To determine the NPK content of organic manure in alpacas, samples were collected from herds with 15–20 heads. I collected one sample each season at the alpaca farm in Jobaháza and Békéscsaba. I also collected one sample at an alpaca farm in Brno, in winter. It was found that the organic manure of alpacas has a significant NPK content. It contains more of each of the elements tested than the organic manure of cattle. Compared to sheep manure, alpaca manure contains more of N, while sheep contains more of K. Compared to llama manure, alpaca manure contains less N, while contains more P. Higher amounts of all three elements have been measured in alpaca manure in the summer (grazing) period compared to winter. However, for phosphorus, I did not find a significant difference between the grazing and indoor period.

Forrás (source): <https://doktori.hu/index.php?menuid=193&lang=HU&vid=27196>

Az N-3 zsírsavak hatásainak vizsgálata nagy teljesítményű kocák szaporodásbiológiai paramétereire

Effect of N-3 PUFA on reproduction parameters of modern genotype sows

ROSZKOS Róbert

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

(*Hungarian University of Agriculture and Life Sciences*)

Állatbiotechnológiai és Állattudományi Doktori Iskola

(*Doctoral School of Animal Biotechnology and Animal Science*)

Gödöllő, 2023.

Témavezető (supervisor): MÉZES Miklós MTA rendes tagja

ÖSSZEFOGLALÁS

Az utóbbi évtizedek során számos kutató foglalkozott az n-3 zsírsavak tenyészsértésekre gyakorolt hatásaival. Kiderült, hogy ezek a fontos zsírsavak, mint alapvető táplálóanyagok, gyakorlati szempontból jelentős hatással lehetnek az állatok teljesítményére. Sejtalkotóként összefüggésbe hozhatóak az ideg- és az immunsejtek fejlődésével és működésével, oxidációra való hajlamuk miatt az antioxidáns folyamatokkal és az egészség fenntartásával, a nemi hormonok termelésére gyakorolt hatásaik révén pedig befolyásuk lehet a szaporodásbiológiára.

A korábbi vizsgálatok eredményei rendkívül változatosak és sok esetben egymásnak ellentmondóak. Ezért egy olyan kísérletsorozat elvégzését tűztük ki célul, amelyben több dózisban és különböző időtartamban etetve vizsgáltuk az n-3 zsírsavak tenyész kocákra és malacokra gyakorolt hatásait.

Korábbi kutatásokhoz hasonlóan sikerült igazolnunk, hogy az n-3 zsírsavak kiválasztódnak a kocatejbe, megváltoztatva annak zsírsavprofilját. Elsőként végeztünk elektronikus orr vizsgálatokat annak igazolására, hogy a szoptató kocatakarmá-

nyok alacsony dózisú n-3 PUFA kiegészítése jelentős változásokat idéz elő mind a késztakarmányok, mind a kocatej illatprofiljában.

Az általunk alkalmazott legmagasabb dózis esetén (12,6 g/kg halolaj) a szoptató kocák takarmányfelvétel csökkenését tapasztaltunk, amelynek hátterében a halolaj illatmódosító hatása állhat. Ezzel szemben a 6,3 g/kg etetése élettani szempontból biztonságosnak tekinthető, mert az antioxidáns védekező rendszer működésére nem gyakorolt negatív hatást.

Több esetben igazoltuk az n-3 zsírsavak szaporodásbiológiai folyamatokra gyakorolt pozitív hatását, amit hormonvizsgálatokkal és petefészek-vizsgálattal is sikerült alátámasztani.

Egy kísérlet során különböző n-3 zsírsavak hatásait hasonlítottuk össze, aminek eredményeként megállapítottuk, hogy a 20-25 g/kg mennyiségben etetett extrudált lenmag mellett etetett 3,15 g/kg dózisú halolaj jelentősen hozzájárul a tenyészkocák szaporodásbiológiai teljesítménynek növeléséhez egy hosszú távú nagyüzemi vizsgálat során. Ennek oka valószínűleg az, hogy az élettani folyamatokban főként az n-3 zsírsavak hosszabb szénláncú (20-22 szénatomos) típusai hasznosulnak, amelyek a halolajban találhatóak (EPA, DPA, DHA). A lenmagban, lenolajban lévő ALA a szervezetben ugyancsak hosszú szénláncú n-3 zsírsavakká alakul, de rossz hatásfokkal, így előnyösebb az említett 20-22 szénatomos zsírsavak közvetlen etetése.

Mivel az n-3 zsírsavak alapvető táplálóanyagok és képesek a szervezet különböző szöveteiben raktározódni, ezért az alacsonyabb dózisú, de folyamatos etetésük előnyösebb lehet, ahogy azt kísérletünk tapasztalatai is mutatták.

SUMMARY

During the last decades, many researchers investigated the effects of n-3 fatty acids on swine. These essential fatty acids, as basic nutrients, can have a significant effect on animal performance. They are elements of cell membranes and play a role in the development and function of nerve and immune cells. In addition, due to their susceptibility to oxidation, they are involved in antioxidant processes and the maintenance of health. Finally, through their effects on sex hormone production, they can profoundly influence reproductive biology.

The results of previous studies are extremely diverse and, in many cases, contradictory. Therefore, we carried out a series of experiments investigating the effects of n-3 fatty acids on breeding sows and their piglets by feeding them several doses and for different periods.

Similar to previous research, we proved that n-3 fatty acids are secreted into sow's milk, changing its fatty acid profile. However, we were the first to perform electronic nose tests to confirm that the supplementation of lactating sow feeds with n-3 PUFA, even in low doses, causes significant changes in the smell profile of the feed and milk of sows. When using the highest dose (12.6 g/kg fish oil), we experienced a reduced feed intake in lactating sows, which is the highest dose (12.6 g/kg fish oil), we experienced reduced feed intake in lactating sows, probably due to fish oil's odor-modifying effect. On the other hand, feeding 6.3 g/kg can be considered safe from a physiological point of view since the antioxidant defence system was not negatively affected by this supplementation dose.

We proved the positive effect of n-3 fatty acids on reproductive biological processes, which was also supported by hormone tests and macroscopical ovarian investigation.

We could also compare the effects of different n-3 fatty acids during one of the experiments. In this long-term experiment, we concluded that feeding 3.15 g/kg fish oil significantly contributed to increasing the reproductive biological performance of breeding sows when app. 20-25 g/kg extruded linseed were also in the different sow feeds. This is probably because, in various physiological processes, mainly longer chain n-3 fatty acids (20-22 carbon atoms) are used, found in fish oil (EPA, DPA, DHA). The ALA found in linseed, and linseed oil is usually also converted into longer-chain n-3 fatty acids in the body. Still, with very poor efficacy, the direct feeding of longer-chain n-3 fatty acids could be more advantageous.

Since n-3 fatty acids are essential nutrients, not growth promoters, and can be stored in body tissues, feeding them with sows is recommended in lower doses but continuously, as our last experiment also showed.

Forrás (source): <https://doktori.hu/index.php?menuid=193&lang=HU&vid=27356>



- › VIDÉKFEJLESZTÉS
- › AGRÁRSZAKKÉPZÉS
- › TERMÉSZETMEGŐRZÉS

ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS

Főszerkesztő (Editor-in-chief): BENE Szabolcs (Keszthely)

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

Szerkesztőbizottság (Editorial board):

ROSATI, Andrea (Róma, Olaszország),	HOLLÓ Gabriella (Kaposvár),	NAGY Szabolcs (Keszthely),
MANABE, Noboru (Osaka, Japán),	HULLÁR István (Budapest),	POLGÁR J. Péter (Keszthely),
ANTON István (Budapest),	HUSVÉTH Ferenc (Keszthely),	POSTA János (Debrecen),
DUBLECZ Károly (Keszthely),	KOMLÓSI István (Debrecen),	RÁTKY József (Budapest),
FÉBEL Hedvig (Budapest),	KOVÁCSNÉ Gaál Katalin (Mosonmagyaróvár),	SZABÓ Ferenc (Mosonmagyaróvár),
GÁSPÁRDY András (Budapest),	KUSZA Szilvia (Debrecen),	URBÁNYI Béla (Gödöllő)

Technikai szerkesztő (Technical editor): BENE Szabolcs (Keszthely)

Szerkesztőség: Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Állattenyésztés Tudományok Intézet
(Editorial office): (Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Institute of
Animal Sciences)

MATE Georgikon Campus
8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
Telefon: (+36) 83 545 398
Mobil: (+36) 30 633 3278
E-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

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

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

Felelős kiadó (Publisher): BOZZAY Péter ügyvezető, Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft.

ISSN 0230-1814 (Nyomtatott) ISSN 3003-9932 (Online)

A lap az Agrárminisztérium tudományos folyóirata

This is a scientific quarterly journal of the Ministry of Agriculture founded in 1952
(„Állattenyésztés”) by Prof. József CZAKÓ

A kiadást támogatja (sponsored by): Agrárminisztérium

MTA Könyv- és Folyóiratkiadó Bizottsága

Megjelenik évente négyszer

A folyóiratokra a kiadónál fizethet elő az alábbiak szerint.

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

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

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

Az előfizetési díjat a Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft. 10032000-00286662-00000017 számlaszámára való utalással egyenlítheti ki. Az átutalás közlemény rovatában szíveskedjen a folyóirat és az előfizető nevét feltüntetni. Előfizetési díj: 8800Ft/év

Bármely más információért forduljon bizalommal kollégáinkhoz a lenti elérhetőségek bármelyikén:

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

Nyomdai kivitelezés: Séd Nyomda