

MTA ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI BIZOTTSÁGA
ÁTE ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

AKADÉMIAI BESZÁMOLÓK
(2024. JANUÁR 29-31.)

**ÁLLATHIGIÉNYIA
ÁLLATTENYÉSZTÉS
GENETIKA
TAKARMÁNYOZÁSTAN**

2023. évi 50. füzet

ELŐSZÓ

Kedves Kollegánók és Kollegák!

Az MTA Állatorvos-tudományi Bizottsága és az Állatorvostudományi Egyetem Állatorvostudományi Doktori Iskolája 2024. január 29. és 31-én között tartja a legújabb kutatási eredményeink bemutatására szolgáló **Akadémiai Beszámoló**k ülésorozatot, amelyre idén 50. alkalommal kerül sor az Állatorvostudományi Egyetemen.

Az előző évek gyakorlatának megfelelően a beszámolókon PhD-hallgatók és a kiemelkedő munkát végző TDK-hallgatók szereplését külön is szorgalmazzuk, és reméljük, hogy a rendezvény jó alkalmat nyújt a különböző tudományos-szakmai műhelyeket és korosztályokat képviselő, egymás munkája iránt érdeklődő szakemberek találkozására.

Az előadások összefoglalóit – szekciófüzetekbe csoportosítva – elektronikus úton adjuk közre.

Az Akadémiai Beszámolókat több év után ismét személyes részvétel formájában tartjuk az Állatorvostudományi Egyetem Tolnay Sándor termében. Az egyes szekciósülések közvetlenül követik egymást. Az előadások időtartama legfeljebb 10 perc, további 5 percet számoltunk a kérdésekre és hozzászólásokra. Kérjük, hogy a megadott időtartamot senki ne lépje túl. Az előző évek gyakorlatának megfelelően, nem az előadások számára, hanem azok szakmai-tudományos értékére helyezzük a súlyt.

Kérjük az egyes szekcióbizottságok elnökeit, titkárait és tagjait, hogy az akadémiai beszámolón aktívan vegyenek részt, kérdéseikkel, hozzászólásaikkal biztosítva a rendezvény magas színvonalát.

A szekciók titkárait arra is kérjük, hogy a szekciósülésről február végéig készítsenek és juttassanak el az Állatorvos-tudományi Bizottság titkárához (fodor.laszlo@univet.hu) egy-egy rövid, közérthető formában megírt, a szekcióelnökökkel egyeztetett tájékoztatót a Magyar Állatorvosok Lapjában való közlés céljából, amely tartalmazza az előadások legfontosabb megállapításait.

Kérjük az intézetek vezetőit, hogy az elektronikus úton megküldött anyagot szíveskedjenek munkatársaik és érdeklődő nyugdíjasaik számára is továbbítani.

Előre is köszönjük a szekció elnökök, a titkárok, a bizottsági tagok és valamennyi előadó munkáját.

Szeretettel várunk minden érdeklődőt, az előadóknak pedig sikeres előadást kívánunk.

Solti László
MTA ÁTB elnöke

Sótonyi Péter
Rektor, TDK elnök

Bartha Tibor
ÁODI elnöke

Fodor László
MTA ÁTB titkára

MTA Állatorvos-tudományi Bizottság és az ÁTE DI akadémiai beszámolóinak PROGRAMJA és szekcióbizottságai
2024. január 29-31.

A szekció megnevezése	A szekcióülés ideje	A szekcióülés helye	Társelnökök	Titkár	Bizottsági tagok
Élettan és biokémia Kórtan Gyógyszertan és toxikológia Morfológia	2024. január 29. hétfő 8.15-15.00	Tolnay Sándor terem	Bartha Tibor Jerzsele Ákos Sótonyi Péter	Farkas Orsolya Mátis Gábor	Csikó György, Halasy Katalin, Rác Bence, Zsarnovszky Attila
Élelmiszerhigiénia Állategészségügyi Igazgatás	2024. január 31. szerda 8.15-12.30	Tolnay Sándor terem	Ózsvári László Nagy Attila Süth Miklós	Darnay Livia	Józwiak Ákos, Kovács Sándor, Lehel József, Szita Géza
Viroológia Immunológia Bakteriológia	2024. január 30. kedd 8.15-15.00	Tolnay Sándor terem	Dénes Béla Harrach Balázs Fodor László Magyar Tibor	Kaján Győző Sváb Domonkos	Benkő Mária, Dán Ádám, Péntes Zoltán, Soós Tibor, Zádori Zoltán Bernáth Sándor, Jánosi Szilárd, Gyuranecz Miklós, Makrai László, Szmolka Ama, Tenk Miklós
Parazitológia Állattan Halkórtan	2024. január 31. szerda 13.00-15.45	Tolnay Sándor terem	Baska Ferenc Farkas Róbert	Eszterbauer Edit Hornung Erzsébet Sréter Tamás	Békési László, Csaba György Hornok Sándor, Kassai Tibor Molnár Kálmán, Majoros Gábor, Varga István
Klinikumok	2024. január 30. kedd 15.30-16.30	Tolnay Sándor terem	Bakos Zoltán Bodó Gábor Cseh Sándor Németh Tibor Manczur Ferenc	Becker Zsolt Szelényi Zoltán	Biksi Imre, Gál János, Sterczler Ágnes, Szenci Ottó, Vajdovich Péter
Állathigiénia Állattenyésztés Genetika Takarmányozástan	2024.január 29. hétfő 15.30-17.30	Tolnay Sándor terem	Könyves László Szabó József	Bersényi András	Brydl Endre, Cseh Sándor, Fekete Sándor, Gáspárdy András, Jakab László, Rafai Pál, Zöldág László

Tartalomjegyzék

Állathigiénia

1. A MALACOK DAJKÁSÍTÁSA HAZAI GYAKORLATÁNAK HATÁSAI A TELEPEK TERMELÉSI MUTATÓIRA ÉS AZ ANTIBIOTIKUMOK HASZNÁLATÁRA KÜLÖNBÖZŐ SERTÉS HIBRIDEK ESETÉN
Búza László, Zákány Benjámín
2. A TELEPI JÁRVÁNYVÉDELEM ÉS ÁLLATJÓLLÉTI MUTATÓK KAPCSOLATÁNAK VIZSGÁLATA A NAGYÜZEMI PULYKATARTÁSBAN
Kovács László, Farkas Máté, Jurkovich Viktor, Christopher Klaucke, Könyves László
3. MÉHGYULLADÁS ELLENI PROBIOTIKUS HATÁSÚ KÉSZÍTMÉNY ÁRTALMATLANSÁGI VIZSGÁLATA TEJELŐ TEHENEKBEN
Várhidi Zsóka, Csikó György, Palócz Orsolya, Sátorhelyi Péter, Erdélyi Balázs, Jurkovich Viktor

Állattenyésztés

4. A GYIMESI RACKA PEDIGRÉANALÍZISÉNEK ÖSSZEVETÉSE A CIKTÁÉVAL
Kárpáti Edina, Gáspárdy András, Gulyás László, Posta János, Sáfár László

Genetika

5. DÁMSZARVASOK MITOKONDRIÁLIS GENOMSZEKVANÁLÁSA ÚJGENERÁCIÓS MÓDSZERREL
Lőrincz Eszter Éva, Lehotzky Pál, Wagenhoffer Zsombor, Zenke Petra
6. MAGYARORSZÁGI ŐZPOPULÁCIÓK GENETIKAI DIVERZITÁSÁNAK FELMÉRÉSE
Zorkóczy Orsolya Krisztina, Surányi Melinda, Petes Valentina, Lehotzky Pál, Zenke Petra
7. PARLAGI SASOK EGYEDI AZONOSÍTÁSÁRA HASZNÁLT MIKROSZATELLITA MARKERKÉSZLET TOVÁBBFEJLESZTÉSE
Zsinka Bernadett, Csonka Veronika, Tisza Ádám, Szabó Krisztián, Vili Nóra, Pásztory-Kovács Szilvia

Takarmányozás

8. A MAGYARORSZÁGI NYERS JUTALOMFALATOK MIKROBIOLÓGIAI SZENNYEZETTSÉGÉNEK VIZSGÁLATA
Moravszki Leticia, Tózsér Dóra, Kutasi Orsolya

A MALACOK DAJKÁSÍTÁSA HAZAI GYAKORLATÁNAK HATÁSAI A TELEPEK TERMELÉSI MUTATÓIRA ÉS AZ ANTIBIOTIKUMOK HASZNÁLATÁRA KÜLÖNBÖZŐ SERTÉS HIBRIDEK ESETÉN - Búza László*, Zákány Benjámín

Bevezetés: A modern sertéstartásban, ma szinte kizárólag hiperszapora fajták tenyésztésével lehet versenyképes egy sertéstelep. A nagy létszámú alмок felnevelését sok esetben önmagában a koca, anatómiai lehetőségeit tekintve (csecsszám, tejtermelés), nem tudja biztosítani, így elengedhetetlen minden fiaztatón valamilyen dajkásítási eljárást alkalmazni a malacok elfogadható immunológiai menedzsmentje és táplálása érdekében. Ez a dajkásítás a vágóhídra kerülő sertések legalább egy negyedét érinti.

A munka célja: Kutatásunk célja volt, felmérni a ma Magyarországon alkalmazott dajkásítási módszereket, illetve megvizsgálni ezek termelésre, élelmiszerlánc-biztonságra gyakorolt hatásait és összevetni az igencsak szűkös szakirodalomban fellelhető irányelvekkel, adatokkal, azokhoz újabb – hazai - szakmai ismeretanyagot biztosítani.

Módszerek: A felmérés során 4 különböző genetikai vonalat (hibrid), az ország több régiójában, összesen 7 telepen vizsgálhattunk, melyek között nukleusz (tenyészállat-előállító, tisztavérű) és végtermék előállító telepek is találhatóak. A dajkásítási folyamatokról interjúkat készítettünk az azt valóban végző dolgozókkal. A mérések 2022. márciusa és 2022. októbere között történtek, telepenként három alkalommal: az egy adott héten fiatal kocacsoport 14 almának – egyedi és alom azonosítása mellett – azok élettörténetét, testtömeg változását követtük végig a születési, 5. életnapos, illetve választáskori mérések alapján. Feljegyeztük a dajkásított malacok új koca alá kerülését (koca azonosítással) és a dajkák kiválasztásában szerepet játszó tényezőket, adatokat, valamint a malacok eredményei alapján, összevetve a szakirodalommal, megállapítottuk a folyamat hazai eredményességét. A telepek egy részében a kolosztrum immunglobulin szintjének refraktométeres és a kocák kondíciójának hátszalonna vastagság mérését is elvégeztük.

Eredmények: A méréseinkbe bevont 1.414 egyed vizsgálata összesítve 8.380 koca malacain rendszeresen alkalmazott dajkásítási eljárásokat reprezentálja, amely a hazai nagyüzemi kocaállomány 6%-t jelenti. A telepek egyike sem alkalmazott immunológiai és állományegészségügyi jelentőségű ún. kolosztrum dajkásítást, míg a klasszikus tej-, és javító dajkásítást legalább a malacok 26%-án elvégezték. Elmondható, hogy az egyik alap feltételezésünk, – miszerint a születendő malacok legalább ¼-ét érinti közvetlenül a dajkásítás – igazolódott, hiszen a vizsgált malacok 25,6 %-a volt érintett. A dajkaságba adott 360 malac közül 151 db esetén azok növekedése jobb eredményt adott, mint eredeti alomtársaik növekedési mutatói, míg 124 esetben ezek kifejezetten romlottak, jellemzően antibiotikumos gyógykezeléssel kísérve.

Következtetések: Eredményeink alapján elmondható, hogy a fiaztató termék várható malac mennyiségének legalább egy negyedét érinti a dajkásítás a hazai sertéstelepeken, mely a módszerek helyes és minél precízebb alkalmazásától függően azok termelési mutatóit, állategészségügyi állapotát és az antibiotikum használatot közvetlenül befolyásolhatja akár 30-60%-ban is. Elengedhetetlen, hogy a telepek minél gazdaságosabban termeljenek, az egy kocára eső választott malacok számát és azok minőségét növeljék, javítsák, az európai „green deal” irányelveknek megfelelően. Ennek elengedhetetlen eleme a megfelelő dajkásítási protokollok oktatása, megértése, kialakítása és ezek döntéshozatali lépéseikhez a megfelelő mennyiségű és releváns adatok folyamatos gyűjtése, vezetése, elemzése. A kutatásunkból kiderül, hogy ezek jellemzően nem állnak rendelkezésre a hazai sertéságazatban.

ÁTE, Állathigiéniai, Állomány-egészségtani Tanszék és Mobilklinika¹

ÁTE, Digitális Élelmiszertudományi Tanszék²

ÁTE, Állatvédelmi Központ³

*Kovacs.Laszlo@univet.hu

A TELEPI JÁRVÁNYVÉDELEM ÉS ÁLLATJÓLLÉTI MUTATÓK KAPCSOLATÁNAK VIZSGÁLATA A NAGYÜZEMI PULYKATARTÁSBAN

Kovács László^{1*}, Farkas Máté², Jurkovich Viktor³, Christopher Klaucke¹, Könyves László¹

Mivel a baromfitermékek iránti világszintű kereslet folyamatosan növekszik, a haszonállatok jóllétének biztosítása a modern állattenyésztés egyik fontos szempontjává vált. Ezen tanulmány célja, hogy megvizsgálja a pulykák jóllétét különböző kereskedelmi termelési rendszerekben, és feltárja annak összefüggéseit a gazdaságon belüli biológiai biztonsági intézkedésekkel. A munka során komplex módszertani megközelítést alkalmaztunk, amely a gazdaságban végzett megfigyeléseket, felméréseket, valamint a gazdaságok vezetőivel és állatorvosokkal készített interjúkat kombinálta. A különböző termelési rendszerekből származó pulykákat különböző mutatók, többek között a viselkedés, az egészségi állapot, az élettér és a pulykák jóllétének értékelésére használt egyéb releváns tényezők szempontjából vizsgáltuk. Ezzel párhuzamosan értékeltük a gazdaságokban alkalmazott biológiai biztonsági protokollokat, különös tekintettel a betegségek kitörésének megelőzésében való hatékonyságukra.

Vizsgálatunk célkitűzése volt összefüggéseket keresni a telepi járványvédelem és a pulykák jólléte között. A jól strukturált és végrehajtott biológiai biztonsági protokollokkal rendelkező gazdaságokban több természetes viselkedést, kevesebb stresszel kapcsolatos viselkedést, kevesebb fizikai sérülést, valamint jobb általános pulyka-egészségügyet és kondíciót figyeltünk meg. Fontos, hogy a telepen megvalósított fokozott telephigiénia, illetve járványvédelem pozitív hatásai túlmutattak a betegségmegelőzésen, befolyásolták a pulykák komfortérzetét és fizikai jóllétét egyaránt.

Eredményeink szerint a biológiai biztonság és az állatok jólléte között kapcsolat áll fenn a pulykatenyésztésben. A hatékony biológiai biztonsági gyakorlatok hozzájárulnak a pulykák jóllétéhez azáltal, hogy minimalizálják a stresszorokat és a betegségekkel kapcsolatos kihívásokat. Az egészséges pulykák ellenállóbbak a kórokozókval szemben, ami növeli a biológiai biztonsági intézkedések hatékonyságát. Ez a kölcsönhatás rávilágít a pulykatartás egységes megközelítésének fontosságára, amely magában foglalja mind a betegségmegelőzést, mind az etikus állattartást. Ezen túlmenően az összefüggés gazdasági következményei is hangsúlyosak, mivel a biológiai biztonságot és az állatjóllétet összehangoló gazdaságok nagyobb termelékenységet és kevesebb termelési veszteséget tapasztalnak. Ezek az eredmények hangsúlyozzák a pulykatenyésztés fenntarthatóbb és etikusabb megközelítési lehetőségét, ahol a madarak egészségét és jóllétét a betegség elleni védekezés szempontjából kiemelten fontosnak tekintjük.

MÉHGYULLADÁS ELLENI PROBIOTIKUS HATÁSÚ KÉSZÍTMÉNY ÁRTALMATLANSÁGI VIZSGÁLATA TEJELŐ TEHENEKBN

Várhidi Zsóka^{1*}, Csikó György², Palócz Orsolya², Sátorhelyi Péter³, Erdélyi Balázs³, Jurkovich Viktor^{1,4}

A méhgyulladás a nagyüzemi tejelő szarvasmarha populáció körülbelül felét érinti, és komoly hatást gyakorol a szaporodásbiológiai teljesítményre, ezáltal a telepek gazdaságos működésére. Gyógykezelésének általánosan elterjedt protokolljai antibiotikumokat, nem-szteroid gyulladáscsökkentőket és hormonokat tartalmaznak. Az antibiotikum-rezisztencia terjedésével párhuzamosan kerültek a tudományos érdeklődés középpontjába a probiotikumok.

Kutatásunk keretében tehének hüvelyi mikroflórájában olyan baktériumokat izoláltunk és azonosítottunk, melyek képesek gátolni méhgyulladást okozó patogén baktériumok szaporodását. A *Brevibacillus* sp. és tejsavbaktérium törzseket tartalmazó probiotikus készítmény klinikai alkalmazása előtt a célállatfajon biztonságossági vizsgálatot kell végezni. Hazai nagylétszámú tejtermelő tehenészetben tehénpáros módszerrel kijelöltünk, és a vizsgálati útmutató (VICH GL 43, Target animal safety) szerinti négy csoportba soroltunk selejtezésre váró teheneket. A biztonságossági vizsgálat során a tervezett adagoláshoz képest háromszor annyi ideig kell a készítményt adni, a tervezett-, illetve ehhez képest háromszoros és ötszörös dózisban. A készítményt három egymás utáni napon juttattuk a vizsgált állatok hüvelyébe a cervix környékére steril fecskendőből, steril katéterrel. A készítmény beadása előtt kondíció pontozás, testhőmérséklet mérés, hüvely nyálkahártya vizsgálat hüvelytükrön keresztül megtekintéssel, majd vérvétel és vizelet mintavétel, a további készítmény beadások előtt testhőmérséklet mérés és hüvely nyálkahártya vizsgálat történt. Az utolsó beadás után ismét vettünk vért és vizeletmintát, majd egy, illetve két hét elteltével újra elvégeztük a teljes vizsgálatot. A vérmintákból hematológiai vizsgálatot végeztünk, glükóz koncentrációt mértünk, valamint biokémiai vizsgálatok történtek. A vizeletmintákat állatorvosi használatra szánt tesztesíkkal vizsgáltuk. A készítmény egyik alkalmazott dózisban sem okozott helyi nyálkahártya irritációt és testhőmérséklet emelkedést. A hematológiai paraméterekben nem volt eltérés a csoportok között. A gyulladásos markerek nem mutattak gyulladásos reakciót egyik csoport esetében sem, illetve sem a vér biokémiai paraméterekben, sem a vizeletben vizsgált mutatókban nem volt az élettani értéktől eltérés, és nem volt különbség a csoportok között. A vizsgálat eredményeiből arra következtettünk, hogy a készítmény a tervezetthez képest háromszor annyi ideig adagolva, és még ötszörös dózisban sem okoz klinikai vagy szubklinikai elváltozást az állatokban, így biztonságos. A projekt következő lépése, a készítmény klinikai kipróbálása lehetővé vált.

A kutatás a 2020-1.1.2-PIACI-KFI-2020-00002 sz. (Antibiotikumok felhasználását csökkentő probiotikus állatgyógyászati termék fejlesztése tehének ellést követő méhgyulladásának (metritis) megelőzésére) projekt keretében valósult meg.

A kutatás az Állatorvostudományi Egyetem normatív kutatásfinanszírozás (NKB) pályázat támogatásával valósult meg (1300000682).

A GYIMESI RACKA PEDIGRÉANALÍZISÉNEK ÖSSZEVEVÉSE A CIKTÁÉVAL

Kárpáti Edina^{1,2*}, Gáspárdy András², Gulyás László¹, Posta János³, Sáfár László⁴

Az állattenyésztési munkákon belül a génmegőrzési programok legfontosabb feladata a genetikai sokszínűség megőrzése. A modern kultúrfajták egyre inkább kiszorítják az őshonos háziállatfajtáinkat, ezáltal csökkentve azok egyedszámát, amely mellett még a ritka fajták képviselőinek a genetikai beszűkülése is tapasztalható. A gyimesi racka Erdélyből származik és az 1990-es évektől újra betelepítették Magyarországra. A cikta őseit svábok hozták magukkal, amelyek hazánk viszonyaihoz alkalmazkodva önálló fajtává alakultak. A szerzők célja a jelenlegi hazai viszonyok között tenyésztett gyimesi racka tenyészállományokkal kapcsolatos információk összehasonlítása a cikttal, ami támpontul szolgál a tenyésztők számára. Ehhez az alábbi populációgenetikai paramétereket határoztuk meg: az alapító ősök száma, a genetikai beszűkülés, a genetikai sokszínűséghez való hozzájárulás aránya, a pedigrelteljesség, a genetikai változatosságot befolyásoló egyedek száma, a teljes törzskönyvi állomány átlagos beltenyésztettsége anyai nemzedékek szerint és a nemzedékköz hossza a szülő-tenyészivadék kapcsolatokban. A statisztikai feldolgozásban felhasznált programok: Pedigree Viewer, Endog és POPREP. A gyimesi racka pedigrelje (2005-2020) 16947 egyedet regisztrál. Az alapító ősök száma (N_f) 3838, a családok (anyai vonalak, *maternal lineages*) száma 2255, míg az alapító kosok száma 1583. Az alapító egyedek effektív száma (f_e) 67 (referenciapopuláció: 20), míg a jelentős ősök effektív száma (f_a) 56 (referenciapopuláció: 14). Utóbbiak aránya (f_a/f_e) 0,84 (referenciapopuláció: 0,70). A cikta esetében hasonló időintervallumban (2000-2014) 3176 egyedet számlál a törzskönyv, amiből 472 az alapítóegyed (445 alapító anya és 27 alapító kos). Az alapító ősök effektív száma 44 (referenciapopuláció: 39), míg a jelentős ősök effektív száma 42 (referenciapopuláció: 36). A f_a/f_e arány a cikttában 0,95 (referenciapopuláció: 0,92). A pedigrelteljesség esetében az ismert ősi sorok születési évek és generációk szerinti lefutása egyenes vonalú és ez korrekt törzskönyvezésre utal. A teljes genetikai varianciához leginkább hozzájáruló 7-7 egyed egyenkénti részesedése egyik fajtában sem magasabb 10%-nál, ami egyfajta kiegyenlítettséget jelent, azonban a gyimesi rackában a teljes populációhoz képest csak 2208 egyed, míg a cikttában 476 egyed járul hozzá a teljes genetikai varianciához. Az anyai nemzedékek szerinti beltenyésztettség alakulása a gyimesi rackában folyamatosan nő (0,06-10,72%), viszont a cikttában a beltenyésztettség 1-2% között stagnál. A bemutatott nemzedékköz mindkét fajta esetében az anyai kapcsolatokban nagyobb, azonban a kosok 4 év előtt kiesnek a tenyésztésből. Eredményeink szerint a gyimesi rackát nagyobb mértékben érinti a genetikai beszűkülés és felhívják a figyelmet a jövőbeli tenyésztésének a gondosabb megszervezésére. Ugyanakkor a viszonyításul felhasznált kis egyedszámú tenyésztett cikttól kisebb génvesztés sújtja. Hangsúlyozandó még, hogy a génmegőrzés ne csak az egyedek számának a fenntartását, hanem azoknak az allélokban való gazdagságának a megőrzését is jelentse.

DÁMSZARVASOK MITOKONDRIÁLIS GENOMSZEKVANÁLÁSA ÚJGENERÁCIÓS MÓDSZERREL

Lőrincz Eszter Éva^{1*}, Lehotzky Pál², Wagenhoffer Zsombor¹, Zenke Petra¹

A mitokondriális DNS szekvencia analízise napjainkban kulcsfontosságú a filogenetikai, migrációs, biodiverzitás és törvényszéki genetikai kutatásokban. A hagyományos Sanger-szekvenálás évtizedek óta használatos, ám az újgenerációs szekvenálás számos előnyéből kifolyólag egyre inkább felváltja azt. Magyarországról származó dámszarvas mintákon már megtörtént a mitokondriális kontroll régió Sanger-szekvenálással történő haplotípus diverzitás felmérése, melynek eredményei alátámasztják az igényt további mitokondriális polimorfizmusok felkutatására a dámszarvas populációkban.

Célunk egy költséghatékony módszer kidolgozása a teljes mitokondriális genom sokszorosítására, majd újgenerációs szekvenálási eljárást alkalmazva dámszarvas egyedek mitokondriális genomszekvenciájának meghatározása az újabb potenciális diverz helyek feltérképezésére.

Ehhez első körben kb. 5000 bázispár sokszorosítására alkalmas, átfedő mérettartományú primereket terveztünk a mitokondriális genom sokszorosításához, majd újgenerációs szekvenálással és bioinformatikai módszerekkel meghatároztuk négy dámszarvas eredetű DNS minta teljes mitokondriális bázissorrendjét.

Az általunk tervezett négy primerpár alkalmasnak bizonyult a teljes mitokondriális DNS sokszorosítására. Az újgenerációs szekvenálás kihozatalának átlaga 100.000 volt mintánként, a lefedettség több, mint 2000-szeres. Az eddig vizsgált négy minta alapján a dámszarvasok teljes mitokondriális genomjában a kontroll régió mellett legalább két régió bizonyult polimorfnek. A referencia szekvenciához képest mintánként 1-5 pozícióban találtunk eltérést, amelyek alapján három haplotípust különítettünk el.

Az eddigi teszteredmények alapján a kidolgozott módszerünk sikeresen alkalmazható a teljes mitokondriális genomban előforduló polimorfizmusok azonosítására, amely alapján tovább szeretnénk folytatni a felmérést kibővített mintaszámon.

Köszönetnyilvánítás:

A tanulmány az Állatorvostudományi Egyetem Budapest stratégiai kutatási alapja (SRF-001 sz. támogatás) támogatásával készült.

MAGYARORSZÁGI ŐZPOPULÁCIÓK GENETIKAI DIVERZITÁSÁNAK FELMÉRÉSE

Zorkóczy Orsolya Krisztina*, Surányi Melinda, Petes Valentina, Lehotzky Pál, Zenke Petra

Az európai őz (*Capreolus capreolus*) széles körben elterjedt, Magyarországon is nagy számban élő faj, amely számos esetben esik vadgázolás, orvvadászok által elkövetett illegális elejtés és trófeával való visszaélés áldozatává, illetve közlekedési balesetek okozójává, aminek bizonyítása sokszor csak genetikai módszerekkel lehetséges. Mivel a hazánkban élő őzekről jelenleg csak korlátozott genetikai információ áll rendelkezésre, célunk egy szélesebb körű hazai feltérképezés volt sejtmagi mikroszatelliták és a mitokondriális kontroll régió segítségével.

Az európai őzre korábban már kifejlesztettek egy 12 tetramer szerkezetű mikroszatellita markerből álló készletet, a hazai tesztelés azonban szükséges a populációk közötti lehetséges genetikai eltérések miatt. A kontroll régió, mely többnyire erősen degradálódott mintáknál is működik, ezt kiegészítve alkalmas lehet populációk elkülönítésére és az egyedek régiókhöz való rendelésére, valamint az anyai vonalak kizárásos vizsgálatokra.

Kutatásunk elvégzéséhez hivatásos vadászok által szakszerűen elejtett állatokból vett szőrös bőr vagy izom mintákat (n=58) gyűjtöttünk az ország több régiójából. A DNS kivonás után a markereket polimeráz láncreakcióban sokszorosítottuk fel. Az amplifikációt követően a mikroszatelliták hosszát kapilláris elektroforézissel állapítottuk meg. A kontroll régiónál szekvenálással meghatároztuk a bázissorrendet, a kapott szekvenciákat a referenciagenomra illesztettük és meghatároztuk az egyes minták haplotípusát.

A tesztelt mikroszatellita markerszett megfelelőnek bizonyult a hazai őzek egyedi szintű azonosítására (probability of identity: $PI=5,9 \times 10^{-11}$). A vizsgált markerek allélszámaik (NA=5-8) alapján polimorfnek bizonyultak, a vizsgált populációk genetikai diverzitása között nem találtunk jelentős eltérést. A saját kontroll régió szekvenciáinkat kiegészítettük a GenBank-ból letöltött, más hazai területekről származó egyedek szekvenciáival (n=75), így összesen 38 haplotípust találtunk a hazai őzeknél. Ezek közül 13 új volt hazánkra nézve, illetve tíz még eddig le nem írt haplotípus.

Eredményeink alapján az alkalmazott mikroszatellita markerkészlet alkalmas a magyarországi őzek egyedi szintű azonosításához. A kontroll régió vizsgálata során úgy találtuk, hogy az egyes haplotípusok több, egymástól távol eső populációban is előfordulnak, így ez alapján nem lehet a populációkat elkülöníteni. Ugyanakkor, mivel az anyai vonalak nagy diverzitást mutatnak, a kontroll régió vizsgálata alkalmas lehet kizárásra, ezáltal pedig bizonyos, igazságügyi szempontból is releváns kérdések megválaszolására.

Köszönetnyilvánítás:

A tanulmány részben az Állatorvostudományi Egyetem Budapest stratégiai kutatási alapja (SRF-001 sz. támogatás) támogatásával, részben pedig az Innovációs és Technológiai Minisztérium ÚNKP-21-3-I-ÁTE-9 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült.

PARLAGI SASOK EGYEDI AZONOSÍTÁSÁRA HASZNÁLT MIKROSZATELLITA MARKERKÉSZLET TOVÁBBFEJLESZTÉSE

Zsinka Bernadett^{1*}, Csonka Veronika¹, Tisza Ádám², Szabó Krisztián¹, Vili Nóra¹, Pásztor-Kovács Szilvia¹

Kutatócsoportunk már több mint egy évtizede végzi a hazánkban fokozottan védett parlasi sasok (*Aquila heliaca*) DNS-alapú egyedi azonosítását, melynek segítségével vizsgálható az egyedek túlélési rátája, diszperziós viselkedése és a populáció genetikai állapota. A DNS-profilozást jelenleg kilenc mikroszatellita markerre alapozva végezzük, azonban az állomány elmúlt években mutatott jelentős növekedése miatt szükségesnek ítéltük markerkészletünk bővítését.

Kutatásunk célja a parlasi sasok egyedi azonosítására jelenleg alkalmazott mikroszatellita markerkészlet felbontóképességének növelése volt új, rokon fajokban leírt markerek bevonásával.

A vizsgálathoz használt DNS-minták Kelet-Magyarországon költő parlasi sasok vedlett tollaiból származnak. Összesen 24 darab markert teszteltünk, melyből hatot ibériai sasban (*A. adalberti*), 13-at japán szirti sasban (*A. chrysaetos japonica*), és ötöt rétisasban (*Haliaeetus albicilla*) írtak le. Elsőként 4-10, egymástól független egyed mintáin kíséreltük meg felszaporítani a markereket a publikált PCR-programok alkalmazásával, amelynek eredményét agaróz-gélelektroforézissel értékeltük ki. A terméket adó markerek polimorfizmusát kapilláris-elektroforézis segítségével vizsgáltuk. A kellően polimorfoknak ítélt, jó amplifikációs képességű markerekkel további egyedek genotipizálását is elvégeztük a markerek statisztikai elemzéséhez (allélgyakoriságok, Hardy-Weinberg-egyensúly, nullalélek jelenléte, identitási és kizárási valószínűségek számítása).

A 17 polimorf markerből hat (négy ibériai sas és két japán szirti sas marker) rendelkezett kellő számú alléllal (átlagosan négy) és megbízható amplifikációval az új markerszettbe való bevitelhez. Minden marker esetében fennállt a Hardy-Weinberg-egyensúly, nullalélek jelenlétét nem detektáltuk. Az új markerek bevétele négy nagyságrenddel növelte a felbontóképességet (az identitási valószínűség 10^{-8} -ról 10^{-12} -re csökkent).

A vártak megfelelően a parlasi sassal legközelebbi rokon ibériai sas markerei mutatták a legnagyobb mértékű polimorfizmust és amplifikálódtak a legmegbízhatóbban. A hat új marker bevonása a továbbiakban is biztosítja majd a vizsgálatokhoz szükséges megbízható egyedi azonosítást.

Kiemelt köszönettel tartozunk Horváth Mártonnak (MME) a minták részünkre bocsátásáért. A kutatás a PannonEagle LIFE-projekt (LIFE15 NAT/HU000902) keretében és a Normatív Kutatásfinanszírozási Bizottság támogatásával valósulhatott meg.

A MAGYARORSZÁGI NYERS JUTALOMFALATOK MIKROBIOLÓGIAI SZENNYEZETTSÉGÉNEK VIZSGÁLATA

Moravszki Leticia^{1*}, Tózsér Dóra², Kutasi Orsolya¹

Hazánkban a háztartások 34%-ában tartanak legalább egy kutyát, melyekkel egyre inkább családtagként bánnak a tulajdonosaik, így fokozott az érdeklődés a helyes táplálásuk iránt, ezzel párhuzamosan a hagyományostól eltérő, alternatív etetési irányzatok is elterjedtebbé válnak. Ilyen irányzat a nyersétel is (Biologically Appropriate Raw Food (BARF)), melynek jellemzője, hogy az eleség nincs hőkezelve, így az mikrobiális fertőzés forrása lehet. Az Európában és Észak-Amerikában végzett felmérések következetesen *Salmonella* fajokat mutattak ki az eledel-minták egy részében, jellemzően a frissen fagyasztott kereskedelemben kapható termékekben. A „BARF”-étrendű kutyák esetében közel 30-szor gyakrabban mutatták ki ezt a kórokozót, mint a konvencionális, hőkezelt tápot fogyasztó kutyák körében. Az amerikai Élelmiszer- és Gyógyszerügyi Hatóság 2019-ben összefüggést állapított meg jutalomfalatként adott szárított sertés fül és humán szalmonella-járvány kitörése között.

Jelen vizsgálat célja felmérni a magyarországi kereskedelmi forgalomban elérhető nyers, szárítással tartósított jutalomfalatok egyes kórokozókkal való mikrobiológiai szennyezettségét (*Salmonella ssp.* és *Escherichia coli*) és megállapítani, hogy jelenthetnek-e ezek az állatra és tulajdonosaira vonatkozóan egészségügyi kockázatot.

Vizsgálatunk során három gyártó 30 termékét vizsgáltuk. Az összes jutalomfalatot egy budapesti patikából szereztük be, ahol az előírásoknak megfelelően tárolták azokat. Tizenegy állatfaj (bárány, bivaly, kacska, kecske, liba, marha, nyúl, pulyka, sertés, tevé, vaddisznó) tizenkét különböző testrészéről vettünk mikrobiológiai mintát egy 100 cm²-es felületről. Az *E.coli* kimutatás az ISO 16649-1:2018 szabvány szerint történt, a hígítási sor minden eleméből 1 ml-t kimérve Tripton-Epe-X-glükoronid agarra szélesztve és 44°C-on 24 órán át inkubálva. A *Salmonella* tenyésztést az ISO 6579-1:2017 szabványnak megfelelően xilóz-lizin-deoxikolát és brillantzöld-fenolvörös-laktóz-szacharóz agarra szélesztve, 1 napos 37 °C-on történő inkubációval végeztük. A megengedett határértékeket a 2073/2005/EK rendelet az élelmiszerek mikrobiológiai kritériumairól alapján határoztuk meg.

Az összes minta esetében mind a *Salmonella*, mind az *E. coli* kimutatásra irányuló mikrobiológiai vizsgálatok negatív eredményre vezettek.

A mikrobiológiai tenyésztés eredményei biztatóak, de nem egyértelműen megnyugtatóak. Mindhárom gyártó minden vizsgált terméke állatfajtól, testrésztől függetlenül nem kontaminált a fenti kórokozókkal. A kis mintaszám miatt ez csak előzetes vizsgálatnak minősül, és ahhoz, hogy a nyers, szárított jutalomfalatokat biztonságosnak tekinthessük nagy elemszámon, rendszeres időközönként elvégzett mikrobiológiai ellenőrzésre lenne szükség.

Köszönetnyilvánítás: A kutatás a NKB (Normatív Kutatásfinanszírozási Bizottság); (kötelezettségvállalás száma: 1300000675) és az ÁTE Fiatal Kutatók számára kiírt belső kutatási pályázat (Grant.No. SRF-001, kötelezettségvállalás száma: 1300000652) által biztosított kutatási keret jóvoltából jöhetett létre.